

**XV**

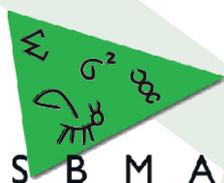
# **SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL**

O reinado dos fenótipos: novos desafios

**24 e 25 de julho de 2023 - Jataí/GO**

## **ANAIS DO XV SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL**

### **Realização/Organização**



UNIVERSIDADE FEDERAL DE JATAÍ



UNIVERSITY OF  
**ILLINOIS**  
URBANA - CHAMPAIGN



*Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal*  
*Universidade Federal de Jataí*  
*Instituto Federal Goiano*  
*University of Illinois Urbana-Champaign*

**Anais do XV Simpósio Brasileiro de  
Melhoramento Animal**

Jataí, GO  
2023

**Revisão textual e gramatical:** Resposanbilidade dos respectivos autores.

Todos os direitos reservados 2023  
A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,  
constitui violação de direitos autorais (Lei 9.610/98).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**  
**(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)**

Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
(15. : 2023 : Jataí, GO)  
Anais do XV simpósio brasileiro de melhoramento  
animal [livro eletrônico] : o reinado dos fenótipos :  
novos desafios / organização Sociedade Brasileira  
de Melhoramento Animal ... [et al.]. -- 1. ed. --  
São Carlos, SP : Aptor Software, 2023.

PDF

Vários autores.

Outros organizadores: Universidade Federal de  
Jataí, Instituto Federal Goiano, University of  
Illinois Urbana-Champaign.

Bibliografia.

ISBN 978-85-63273-52-9

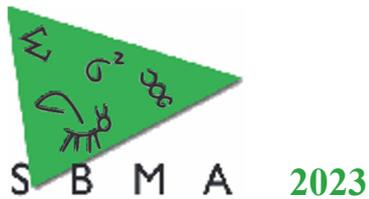
1. Animais (Zoologia) 2. Mapeamento genômico  
animal 3. Melhoramento animal 4. Medicina  
veterinária (Zootecnia - melhoramento animal)  
5. Zootecnia (Melhoramento animal)  
I. Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal.  
II. Universidade Federal de Jataí. III. Instituto  
Federal Goiano. IV. University of Illinois  
Urbana-Champaign.

23-174392

CDD-591

**Índices para catálogo sistemático:**

1. Animais : Zoologia 591



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

## COMISSÃO ORGANIZADORA

**Adriana Luize Bocchi**

*Presidente*

*Universidade Federal de Jataí*

**Tiago do Prado Paim**

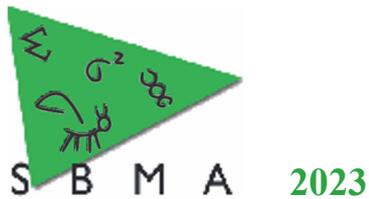
*Vice-President*

*Instituto Federal Goiano*

**ERIN DE ALMEIDA CAPERUTO**

*Secretária Executiva*

*Universidade Federal de Jataí*



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

## COMISSÃO CIENTÍFICA

**Tiago Bresolin**

*Presidente*

*University of Illinois Urbana-Champaign*

**Tiago do Prado Paim**

*Instituto Federal Goiano*

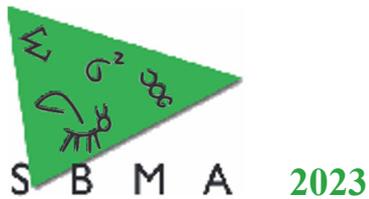
**Gerson Barreto Mourão**

*Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz*

*Universidade de São Paulo*

**Rodrigo Junqueira Pereira**

*Universidade Federal de Rondonópolis*



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

## COMISSÃO DE AVALIAÇÃO DAS PREMIAÇÕES

**Adriana Luize Bocchi**

*Universidade Federal de Jataí*

**Tiago Bresolin**

*University of Illinois Urbana-Champaign*

**Tiago do Prado Paim**

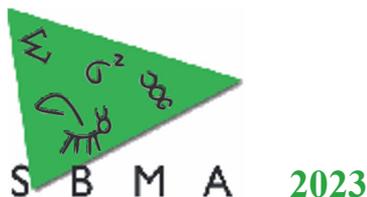
*Instituto Federal Goiano*

**Gerson Barreto Mourão**

*Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz  
Universidade de São Paulo*

**Rodrigo Junqueira Pereira**

*Universidade Federal de Rondonópolis*



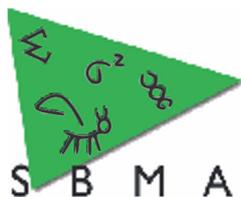
XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

## APRESENTAÇÃO

O XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal abordou a importância dos fenótipos para a identificação de animais superiores, bem como da qualidade da informação coletada. Em uma era em que a Genômica já faz parte da rotina de avaliações, temos a supremacia da quantidade/qualidade e diversidade dos fenótipos. Desta forma o tema da XV SBMA foi ***O Reinado dos Fenótipos: Novos Desafios***, onde foram discutidas, em várias espécies, as atualidades e as perspectivas.

Paralelo a esse desafio está a aplicabilidade das ferramentas nos rebanhos/granjas comerciais. O objetivo da XV SBMA foi proporcionar discussão, difusão de conhecimento e troca de experiência. As palestras abordaram temas de relevância e aplicação prática nas cadeias produtivas. Além de palestras, durante a XV SBMA tivemos painéis com discussões das visões e experiências de pesquisadores, técnicos e produtores de genética, possibilitando uma conexão entre toda a rede do melhoramento.

**Adriana Luize Bocchi**  
*President da SBMA*



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

2023

## PROGRAMAÇÃO

### Dia 23/07/2023

19:00 às 22:30hrs

Jantar de Abertura da XV SBMA

### Dia 24/07/2023

07:00 às 08:00hrs

Recepção, Credenciamento e Café da Manhã

08:00 às 08:50hrs

30 Anos em 30 Minutos: A Evolução do Melhoramento no Brasil

*Dr. José Bento Ferraz - FZEA/USP*

08:50 às 09:10hrs

Visão do MAPA nestes 30 anos do CEIP

*Dr. João Cruz Reis Filho - Auditor Fiscal Federal Agropecuário/MAPA*

**Painel: Utilização da Eficiência Alimentar no Melhoramento de Bovinos**

09:10 às 09:40hrs

Seleção para eficiência alimentar: utilização como critério de seleção e impactos no rebanho comercial

*M.V. Argeu Silveira - ANCP*

09:40 às 10:10hrs

A visão do Técnico de Genética na utilização da Eficiência Alimentar

*Me. Roberta Lisboa Pontes Gestal - Melhora+*

10:10 às 11:00hrs

A visão da Pesquisa Brasileira na utilização da Eficiência Alimentar

*Dra. Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo - IZ Sertãozinho*

11:00 às 11:50hrs

Experiência internacional na seleção para eficiência alimentar em bovinos leiteiros

*Dr. Flavio Schenkel - Universidade de Guelph*

11:50 às 12:30hrs

Mesa Redonda

12:30 às 14:00hrs

Intervalo de almoço

14:00 às 14:30hrs

Premiações e Homenagens

**Painel: Avanços em Genética e Melhoramento Aplicado**

14:30 às 15:20hrs

Avanços em genética e melhoramento na Piscicultura

*Dr. Luciana Shiotsuki - Embrapa Pesca e Aquicultura*

15:20 às 16:10hrs

Genética suína: o uso de tecnologia e inovação para uma maior produtividade e sustentabilidade

*Dr. Marcos Soares Lopes - Topigs Norsvin*

16:10 às 16:50hrs

Sessão de Posters & Café

16:50 às 17:10hrs

Soluções rápidas e acessíveis em genotipagem para Programas de Melhoramento Genético

**Thiago Medeiros - Thermo Fisher Scientific**

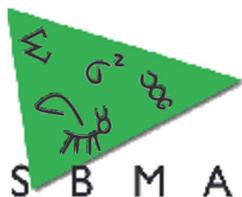
17:10 às 18:00hrs

Avanços em genética e melhoramento em Abelhas

**Dr. Fabiana Martins Costa Maia - Universidade Tecnológica Federal do Paraná**

18:00 às 22:00hrs

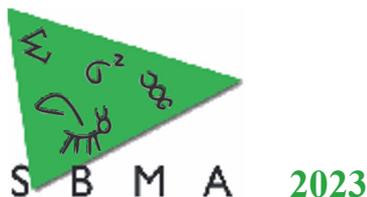
Churrasco de Confraternização



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

**Dia 25/07/2023**

08:00 às 09:00hrs	Assembléia SBMA (Somente para sócios) <b><i>Painel: Novas Tecnologias de Fenotipagem no Melhoramento</i></b>
09:00 às 09:50hrs	Emissão de metano e eficiência alimentar <i>Dr. Gabriel Ciappesoni - INIA - Uruguay</i>
09:50 às 10:30hrs	<i>Sessão de Posters &amp; Café</i>
10:30 às 11:20hrs	Bem-estar e resiliência animal <i>Dr. Luiz Fernando Brito - Universidade de Purdue</i>
11:20 às 12:10hrs	Integração de dados de sensores em avaliação genômica <i>Dr. Juan Steibel - Universidade de Iowa</i>
12:10 às 12:40hrs	Mesa Redonda
12:40 às 14:00hrs	Intervalo de almoço <b><i>Painel: Para onde vai a genômica?</i></b>
14:00 às 15:00hrs	Apresentação de Trabalhos premiados
15:00 às 15:50hrs	Identificação de regiões regulatórias da expressão gênica e sua importância para o melhoramento genético <i>Dr. Luiz Lehmann Coutinho - ESALQ/USP</i>
15:50 às 16:30hrs	<i>Sessão de Posters &amp; Café</i>
16:30 às 17:20hrs	Genômica Nutricional em Bovinos de Corte <i>Dr. Miguel Henrique de Almeida Santana - FZEA/USP</i>
17:20 às 18:10hrs	Interação genótipo x ambiente: avanço das ômicas e os mesmos velhos problemas <i>Dr. Mário Luiz Santana Júnior - Universidade Federal de Rondonópolis</i>
18:10hrs	Encerramento do evento



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

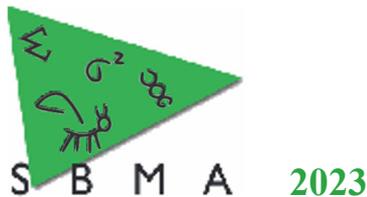
### PREMIAÇÃO

A SBMA homenageia, a cada realização da reunião bienal, um Professor/ Pesquisador (Prêmio Prof. José Rodolpho Torres) e um Produtor/Empresa (Prêmio Dr. Arnaldo Zancaner) com medalha, acompanhada de diploma de mérito, para premiar profissionais que tenham realizado atividades de destaque durante sua vida em prol do Melhoramento Genético Animal no Brasil. No ano de 2023 durante a XV SBMA, foram homenageados:

- Prêmio Prof. José Rodolpho Torres: Prof. Dr. Paulo Savio Lopes
- Prêmio Dr. Arnaldo Zancaner: Instituto de Zootecnia

O Prof. Dr Paulo Savio Lopes teve sua vida dedicada ao Melhoramento Animal. Concluiu a graduação em 1981, o mestrado em 1983 e o doutorado em 1993, em Zootecnia na UFV. Realizou o pós-doutorado em 1996, na Universidade de Cornell, Estados Unidos. Atualmente, é professor titular da Universidade Federal de Viçosa e bolsista de produtividade em pesquisa 1A do CNPq. Na UFV, foi coordenador do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento; chefe do departamento de Zootecnia; e, coordenador do curso de graduação em Zootecnia. De 2008 a 2011, foi coordenador da área de Zootecnia e Recursos Pesqueiros da CAPES; foi membro do comitê de assessoramento de Zootecnia do CNPq; e de 2012 a 2014 foi presidente da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Foi orientador de 73 dissertações de mestrado e 69 teses de doutorado.

O Instituto de Zootecnia tem uma enorme contribuição para o melhoramento genético do rebanho Nelore nacional. O Instituto de Zootecnia foi pioneiro no Brasil na realização de provas de ganho de peso, desde 1951. De 1978 a 1980 foi delineado o Programa de Seleção das Raças Zebuínas e Caracu, com a inovação de utilizar o peso final na PGP como único critério de seleção de machos jovens, e colocá-los em monta natural aos 2 anos de idade. Outras inovações já no estabelecimento do Programa IZ foram: adoção de estação de monta de 90 dias, seleção dentro de grupo de contemporâneo, uso de touros de 2 e 3 anos de idade, e controle da endogamia por análise de pedigree. Para mostrar aos criadores o poder da seleção baseada em característica de produção, estabeleceu-se também uma população controle. Desde 1978, todos os animais são mensurados para peso ao nascer, peso ao desmame, peso ao ano, e as matrizes para peso na entrada e saída da estação de monta, peso da vaca ao parto e ao desmame. Em 1986 iniciou a mensuração da altura na garupa, em 1989 do perímetro torácico, em 1990 do perímetro escrotal de machos, em 1996 da área de olho-de-lombo, e espessura de gordura subcutânea, em 2005 da eficiência alimentar, e em 2012 da emissão de metano entérico.



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

## RESUMOS PREMIADOS

**1º Lugar:** Prêmio Fabyano Fonseca e Silva: Parâmetros genéticos para características de conformação do úbere derivadas de coordenadas cartesianas geradas por sistemas de ordenha automáticos em bovinos da raça Holandês da América do Norte.

Primeiro autor: Gabriel Costa Medeiros (gabrielcostamedeiros@usp.br)

Co-autores: José Bento Sterman Ferraz, Victor Breno Pedrosa, Luiz F. Brito

Página: 182

**2º Lugar:** Estudo de associação genômica ampla via modelos de norma de reação para características de eficiência reprodutiva em novilhas Nelore.

Primeiro autor: Lucio Flavio Macedo Mota (flaviommota.zoo@gmail.com)

Co-autores: Leonardo Machestropa Arikawa, Patrícia Iana Schmidt, Gabriela Bonfá Frezarin, Bruna Maria Salatta, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Henrique Nunes de Oliveira, Lucia Galvão de Albuquerque

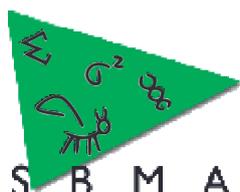
Página: 90

**3º Lugar:** #GAMARESPONDE: uma iniciativa para levar conceitos de melhoramento animal à comunidade

Primeiro autor: Denyus Augusto de Oliveira Padilha (denyusaugustp@gmail.com)

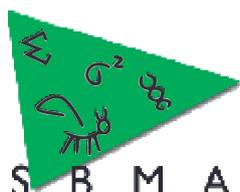
Co-autores: Suelen Fernandes Padilha, Laila Talarico Dias

Página: 247

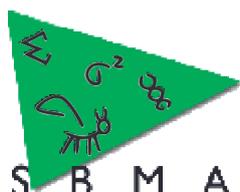


## Sumário

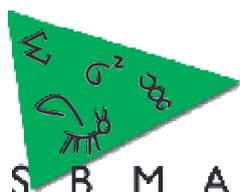
AVES E SUÍNOS	
<b>Análise do pedigree de linhagens controle e selecionada de aves poedeiras comerciais</b> Camilla Evelyne da Silva Arantes, Larissa Graciano Braga, Ana Carolina de Jesus Oliveira, Mônica Corrêa Ledur, Elsie Antonio Pereira de Figueiredo, Salvador Boccaletti Ramos e Danisio Prado Munari	2
<b>Estimação da herdabilidade para peso ao nascimento em perdizes (<i>Rhynchotus rufescens</i>) criadas em cativeiro</b> Jeisson Alexander León Rubio, Kelvin Rodrigues Kelles, Camila Shyu Fiorindo, Fernanda Larissa Cesar Santos, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia, Júlia de Paula Soares Valente e Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	5
<b>Estudo de associação genômica ampla para torção do mesentério em suínos</b> Suelen Fernandes Padilha, Rafaela Martins, Ludmila Mudri Hul, Luis Orlando Duitama Carreño, Adriana Mercia Guaratini Ibelli, Jane de Oliveira Peixoto, Marcos Antônio Zanella Mores, Mauricio Egídio Cantão, Mônica Corrêa Ledur e Laila Talarico Dias	8
<b>Estudos de eQTL e ontologia gênica identificam genes associados ao metabolismo lipídico de suínos</b> Mariah Castro Durval	11
<b>Impacto de diferentes tamanhos efetivos da população na acurácia e viés de predição: um estudo de simulação</b> Izally Carvalho Gervásio, Simone Fernanda Nedel Pertile, Mayara Salvian, Leila de Genova Gaya, Fabrício, Giovanni Coelho Ladeira, Aline Silva Mello Cesar, Juliana Petrini e Gerson Barreto Mourão	14
<b>Parâmetros Genéticos para Torção do Mesentério em Suínos</b> Suelen Fernandes Padilha, Amauri Felipe Evangelista, Luis Orlando Duitama Carreño, Marcelo Silva de Freitas, Jader Silva Lopes, Adriana Mercia Guaratini Ibelli, Marcos Antônio Zanella Mores, Mauricio Egídio Cantão, Mônica Corrêa Ledur e Laila Talarico Dias	17
BOVINOS DE CORTE	
<b>Índice de seleção com componentes principais considerando reprodução e pesos ou ganhos de peso diário em bovinos Blanco Orejinegro</b> Luis Gabriel Gonzales Herrera e Susana Misas Vargas	21



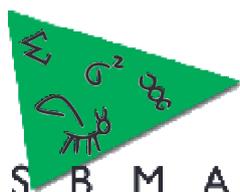
<b>Análise funcional de genes para características indicadoras de eficiência alimentar em bovinos Nelore</b> Claudio Ulhoa Magnabosco, Fernando Sebastian Baldi Rey, Fernando Brito Lopes, Nedenia Bonvino Stafuzza, Raysildo Barbosa Lôbo, Byanka Bueno Soares, Larissa Bordin Temp e Ludmilla Costa Brunes	<b>24</b>
<b>Análise genética e genômica do consumo alimentar residual em bovinos das raças Angus e Brangus</b> Diercles Francisco Cardoso	<b>27</b>
<b>A prenhez precoce da novilha vale a pena?</b> Fernanda Schneberger dos Santos, José Bento Sterman Ferraz, Elisangela Chicaroni de Mattos e Joanir Pereira Eler	<b>30</b>
<b>Assinatura de seleção no cromossomo 20 no composto Montana Tropical®</b> Camila Alves do Santos, Rafael Espigolan, Elisangela Chicaroni de Mattos, Gabriela Giacomini, Joanir Pereira Eler, José Bento Sterman Ferraz e Tiago do Prado Paim	<b>33</b>
<b>Associação genética entre a relação à desmama e características de crescimento da vaca ao desmame do bezerro</b> Annaiza Braga Bignardi	<b>36</b>
<b>Associação genética entre características reprodutivas, de crescimento e de carcaça em bovinos Nelore</b> Caroline Assis Almeida, Joanir Pereira Eler, Gabriel Costa Medeiros, Rachel Santos Bueno Carvalho, Elisangela Chicaroni de Mattos, Tamires Miranda Neto e José Bento Sterman Ferraz	<b>39</b>
<b>Associações genéticas de relação de desmama com características reprodutivas e de carcaça em bovinos Nelore</b> Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, André Luis Romeiro de Lima, Christian Borges de Souza, Andrea Gondo, Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior e André Luiz Julien Ferraz	<b>42</b>
<b>Avaliação do peso ao nascer em bovinos da raça Senepol portadores do gene da musculatura dupla</b> Christian Borges de Souza, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes e Simone Eliza Facioni Guimarães	<b>45</b>
<b>Avaliação genômica incluindo o efeito da interação genótipo ambiente usando genótipos do sequenciamento completo do genoma para peso ao sobreano em bovinos Nelore</b> Ivan Carvalho Filho, Gabriel Soares Campos, Thales de Lima Silva, Caio de Souza Teixeira, Delvan Alves da Silva, Flavio Schramm Schenkel, Daniela Andressa Lino Lourenco, Lucia Galvão de Albuquerque e Roberto Carvalheiro	<b>48</b>



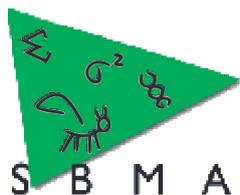
<b>Classificação de Touros Nelore em Função de Diferentes Índices Bioeconômicos de Seleção</b> Rafaela Longo, Juliana Varchaki Portes, Urbano Gomes Abreu e Laila Talarico Dias	<b>51</b>
<b>Comportamento alimentar como indicador genético de emissão de metano em bovinos Nelore</b> Joel Alves Da Silva, Júlia de Paula Soares Valente, Sarah Bernardes Gianvecchio, Sarah Figueiredo Martins Bonilha, Juliana de Oliveira Santos Marcatto, Lucia Galvão de Albuquerque, Jessica Moraes Malheiros, Marcelo Sant Ana Borges e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante	<b>54</b>
<b>Consumo alimentar residual e características reprodutivas em fêmeas da raça Nelore</b> Renata Brandão de Gois e Camila Alves do Santos	<b>57</b>
<b>Consumo alimentar residual no Programa de Melhoramento Genético Natural</b> Mario Luiz Piccoli, Diercles Francisco Cardoso, Haroldo Henrique Rezende Neves, Daniela Guarchez Adamich, Lucas Cardoso Azeredo e Jaime Urdapilleta Tarouco	<b>60</b>
<b>Contribuição dos efeitos de genearcas e linhagens modernas da raça Nelore na diferença esperada na progênie para a maciez da carne</b> Byanka Bueno Soares, Ludmilla Costa Brunes, Fernando Sebastian Baldi Rey, Larissa Bordin Temp, Roberto Daniel Sainz, Ovídio Carlos de Brito, Eduardo da Costa Eifert, Marcos Fernando Oliveira Costa e Claudio Ulhoa Magnabosco	<b>63</b>
<b>Correlação fenotípica das características ultrassonográficas com as medidas de frigoríficas e da carne de machos castrados confinados da raça Nelore.</b> Leonardo de Oliveira Seno, Mariana Cardoso Wanderley, Larissa Dias dos Santos, Maria Fernanda de Castro Burbarelli, Gabriel de Lima Borges, Alexandre Rodrigo Mendes Fernandes, André Luiz Julien Ferraz, Diego Gomes Freire Guidolin e Humberto Tonhati	<b>66</b>
<b>Dias ao parto é geneticamente correlacionado com peso ao nascer?</b> Isabela Meirelles Cardoso Garcia, Viviane Andrade Ligori, Tainara Luana da Silva Soares, Eula Regina Carrara, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Jessica Moraes Malheiros, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante	<b>69</b>
<b>Efeito da seleção para peso ao sobreano e eficiência alimentar sobre as mudanças genéticas do valor de dominância em bovinos Nelore</b> Júlia de Paula Soares Valente, Tainara Luana da Silva Soares, Joel Alves Da Silva, Viviane Andrade Ligori, Roberta Carrilho Canesin, Lucia Galvão de Albuquerque, Sarah Figueiredo Martins Bonilha e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante	<b>72</b>



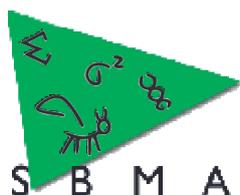
<b>Efeito da variável resposta na predição genômica de características relacionadas à emissão de metano em bovinos Nelore</b> Tainara Luana da Silva Soares, Lúcio Flávio Macedo Mota, Sarah Bernardes Gianvecchio, Júlia de Paula Soares Valente, Joel Alves Da Silva, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Marcelo Sant Ana Borges, Lucia Galvão de Albuquerque, Melissa Baccan e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante	<b>75</b>
<b>Efeito de 43 anos de seleção para peso ao sobreano sobre características de carcaça em bovinos da raça Caracu</b> Viviane Andrade Ligori, Eula Regina Carrara, Jessica Moraes Malheiros, Tainara Luana da Silva Soares, Júlia de Paula Soares Valente, Isabela Meirelles Cardoso Garcia, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante e Lenira El Faro Zadra	<b>78</b>
<b>Estimativa de coeficiente de endogamia para bovinos da raça Nelore na Amazônia Legal</b> Lais Costa Brito, Brena Nunes da Silva, Kelton Henrique Alves Guimarães, Eleanatan Syanne da Cruz Ribeiro, Alexandre Costa Glins, Marcela Cristina Flexa do Amaral, Kaio Diego das Neves Barros, Henrique Torres Ventura e Thiago Carvalho da Silva	<b>81</b>
<b>Estudo de associação genômica ampla para características de qualidade da carne em bovinos Nelore</b> Leonardo Machestropa Arikawa, Lúcio Flávio Macedo Mota, Patrícia Iana Schmidt, Gabriela Bonfá Frezarim, Bruna Maria Salatta, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Luis Artur Loyola Chardulo e Lucia Galvão de Albuquerque	<b>84</b>
<b>Estudo de associação genômica ampla ponderada para características relacionadas a eficiência alimentar em bovinos Nelore</b> Claudio Ulhoa Magnabosco, Fernando Sebastian Baldi Rey, Fernando Brito Lopes, Marcos Fernando Oliveira Costa, Eduardo da Costa Eifert, Raysildo Barbosa Lôbo e Ludmilla Costa Brunes	<b>87</b>
<b>Estudo de associação genômica ampla via modelos de norma de reação para características de eficiência reprodutiva em novilhas Nelore</b> Lúcio Flávio Macedo Mota, Leonardo Machestropa Arikawa, Patrícia Iana Schmidt, Gabriela Bonfá Frezarim, Bruna Maria Salatta, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Henrique Nunes de Oliveira e Lucia Galvão de Albuquerque	<b>90</b>
<b>Habilidade de predição genômica para características de emissão de metano de bovinos Nelore</b> Tainara Luana da Silva Soares, Lúcio Flávio Macedo Mota, Sarah Bernardes Gianvecchio, Isabela Meirelles Cardoso Garcia, Viviane Andrade Ligori, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Jessica Moraes Malheiros, Viviane Cristina Bettanin, Lucia Galvão de Albuquerque e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante	<b>93</b>



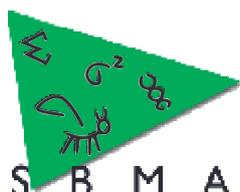
<b>Herdabilidade da emissão de metano entérica em bovinos de corte obtida por equação de predição</b> Ludmilla Costa Brunes, Fernando Sebastian Baldi Rey, Marcos Fernando Oliveira Costa, Eduardo da Costa Eifert, Byanka Bueno Soares, Raysildo Barbosa Lôbo, Larissa Bordin Temp e Claudio Ulhoa Magnabosco	<b>96</b>
<b>Identificação de candidatos a haplótipos letais e associação genômica com mortalidade pós-natal e características reprodutivas em bovinos Nelore</b> Patrícia Iana Schmidt, Lúcio Flávio Macedo Mota, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Gabriela Bonfá Frezarim, Leonardo Machestrapa Arikawa, Daniel Jordan de Abreu Santos, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Henrique Nunes de Oliveira, Paul Michael Vanraden e Lucia Galvão de Albuquerque	<b>99</b>
<b>Identificação de eventos de recombinação para machos da raça Nelore</b> Patrícia Iana Schmidt, Lúcio Flávio Macedo Mota, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Gabriela Bonfá Frezarim, Leonardo Machestrapa Arikawa, Li Ma e Lucia Galvão de Albuquerque	<b>102</b>
<b>Identificação de genearcas e linhagens modernas associadas à maciez da carne na raça Nelore</b> Byanka Bueno Soares, Ludmilla Costa Brunes, Fernando Sebastian Baldi Rey, Larissa Bordin Temp, Roberto Daniel Sainz, Eduardo da Costa Eifert, Marcos Fernando Oliveira Costa e Claudio Ulhoa Magnabosco	<b>105</b>
<b>Identificação de um índice de seleção para características de crescimento e reprodução em bovinos BON e Brahman.</b> Susana Misas Vargas e Luis Gabriel Gonzales Herrera	<b>108</b>
<b>Impacto da resiliência ao período seco sobre o escore corporal e taxa de prenhez em novilhas</b> Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Gustavo Roberto Dias Rodrigues, Vanessa Theodoro Rezende, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Camila Raineri e Sarah Figueiredo Martins Bonilha	<b>111</b>
<b>Impacto da utilização de pseudo-fenótipos na predição dos valores genéticos de características de ultrassonografia de carcaça e reprodutivas em bovinos compostos</b> Gabriel Costa Medeiros, Luiz Fernando Brito, Fernando de Oliveira Bussiman, Elisangela Chicaroni de Mattos, Joanir Pereira Eler, Caroline Assis Almeida, Fernanda Hvala de Figueiredo Fafarão, Hugo Borges dos Reis e José Bento Sterman Ferraz	<b>114</b>
<b>Impacto de diferentes métodos de obtenção do coeficiente de endogamia na depressão endogâmica em bovinos Nelore</b> Ricardo Dutra do Bem, Lorena Ferreira Benfica, Marcelo Sant Ana Borges, Delvan Alves da Silva, Eula Regina Carrara, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo e Maria Eugênia Zerlotti Mercadante	<b>117</b>



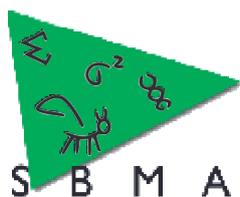
<b>Imputação utilizando painéis personalizados em bovinos da raça Canchim</b> Gabriela Leoni, Marcos Eli Buzanskas, Cintia Righetti Marcondes, Luciana Correia de Almeida Regitano, Danisio Prado Munari e Priscila Arrigucci Bernardes	<b>120</b>
<b>Influência da seleção para peso ao sobreano e da raça sobre a resiliência de novilhas</b> Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Vanessa Theodoro Rezende, Gustavo Roberto Dias Rodrigues, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Sarah Figueiredo Martins Bonilha e Roberta Carrilho Canesin	<b>123</b>
<b>Integração biológica multi ômicas para predição de marcadores moleculares em bovinos da raça Nelore, considerando a maciez da carne</b> Gabriela Bonfá Frezarim, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Bruna Maria Salatta, Patrícia Iana Schmidt, Leonardo Machestropa Arikawa, Lúcio Flávio Macedo Mota e Lucia Galvão de Albuquerque	<b>126</b>
<b>Interação genótipo × ambiente para características de desempenho ao sobreano para a raça Guzerá</b> Diogo Osmar Silva, Denise Rocha Ayres, Annaiza Braga Bignardi, Mário Luiz Santana, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto, Frank Angelo Tomita Bruneli, Henrique Torres Ventura e Rodrigo Junqueira Pereira	<b>129</b>
<b>Qualidade seminal e eficiência alimentar de touros jovens da raça Brahman</b> Matheus Henrique Vargas de Oliveira, André Maciel Crespilho, Maria Carolina Carrera Zerbini, Jessica Moraes Malheiros, Rafael Rocha de Paula, Luis Felipe Canela de Souza, Larysse Aparecida Alves, Lorena Carla Gomes Vernaschi, Alex Arikawa Miyasaki e Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	<b>132</b>
<b>Regulação gênica por miRNAs associados à maciez da carne em bovinos Nelore</b> Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Danielly Beraldo dos Santos Silva, Gabriela Bonfá Frezarim, Bruna Maria Salatta, Patrícia Iana Schmidt, Leonardo Machestropa Arikawa, Lúcio Flávio Macedo Mota e Lucia Galvão de Albuquerque	<b>135</b>
<b>Resposta correlacionada para características de importância econômica em bovinos Nelore selecionados para características de eficiência alimentar</b> Ludmilla Costa Brunes, Fernando Sebastian Baldi Rey, Fernando Brito Lopes, Larissa Bordin Temp, Byanka Bueno Soares, Raysildo Barbosa Lôbo e Claudio Ulhoa Magnabosco	<b>138</b>
<b>Uso de raças fundadoras beneficiam a acurácia de genótipos imputados em bovinos da raça Canchim</b> Roney Teixeira da Silva, Renalia Silva Militão, Giovanna Maria dos Santos Câmara, Maria Victória Henrique Genuíno, Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa, Ana Carolina de Jesus Oliveira, Donagh Pearse Berry, Luciana Correia de Almeida Regitano, Danisio Prado Munari e Marcos Eli Buzanskas	<b>141</b>



<b>Efeito de pai sobre a taxa de prenhez, taxa de perdas gestacionais e taxa de parto de novilhas expostas a reprodução aos 14 meses</b> Otacilio Jarcem Escobar Junior, Rogério Fonseca Guimarães Peres, Tiago do Prado Paim e Fernanda Bernardi Scheeren	<b>144</b>
<b>Assinaturas de seleção em bovinos da raça Sindi provenientes do Brasil e Continente Asiático</b> Roney Teixeira da Silva, Maria Victória Henrique Genuíno, Iasmin Marques Rocha, Giovanna Maria dos Santos Câmara, Ana Beatriz Azevedo de Medeiros, Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa, Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva, Danisio Prado Munari e Marcos Eli Buzanskas	<b>149</b>
<b>Associações genéticas entre a razão gordura:proteína e características reprodutivas de vacas Holandesas no início da lactação</b> Denyus Augusto de Oliveira Padilha, Suelen Fernandes Padilha, Rafaela Martins, Amauri Felipe Evangelista, Altair Antônio Valloto, Lenira El Faro Zadra e Laila Talarico Dias	<b>152</b>
<b>Avaliação genômica do escore de células somáticas em animais da raça Holandesa em fazendas leiteiras de precisão</b> Camila Sabino de Oliveira	<b>155</b>
<b>Estimativa de herdabilidade combinada para produção de embriões em bovinos: Meta-análise</b> Alan Miranda Prestes, Giovani Luis Feltes, Jaime Araujo Cobuci, Alexandra fabielle Pereira Viana, Karine Aparecida Rodrigues Souza, Maíza Scheleski da Rosa e Matheus Henrique Dal Bó Marin	<b>158</b>
<b>Estudos de associação genômica ampla para a tolerância ao estresse calórico na produção de leite em búfalas</b> Gabriela Stefani, Mário Luiz Santana, Lenira El Faro Zadra e Humberto Tonhati	<b>161</b>
<b>Frequências alélicas e genotípicas do gene CSN-2 em população de gado leiteiro em cinco municípios do Estado do Tocantins</b> Jorge Ferreira, Evelyn Gabrielle Braga, Matheus Henrique Dias Rodrigues, Fernanda Carolina Rotta Cristino Fioravante, Aryostenes Ferreira, Rodolfo Olinto rotoli garcia de oliveira, Beatriz de Melo Natividade, Ana Lúcia Elias, Leandro Lopes Nepomuceno e Raryanne Dias Folhas	<b>164</b>
<b>Frequências alélicas e genotípicas do gene da beta-caseína do leite em bovinos da raça Curraleiro Pé Duro criados no Estado do Tocantins</b> Jorge Ferreira, Evelyn Gabrielle Braga, Ana Carolina Barreto e Melo, Matheus Henrique Dias Rodrigues, Fernanda Carolina Rotta Cristino Fioravante, Raryanne Dias Folhas, Lucas Pereira Paes, Lucas Alves Sousa, Ana Beatriz Souza Bezerra e Karyne Cristina Cabral Pellizzari	<b>167</b>

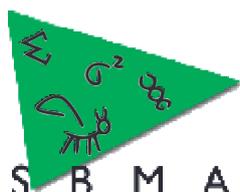


<b>Influência das características lineares do composto de pernas e pés no risco de descarte de vacas Holandesas do estado do Paraná</b> Lorena Carla Gomes Vernaschi, Altair Antônio Valloto, Lenira El Faro Zadra, Rodrigo de Almeida Teixeira e Laila Talarico Dias	<b>170</b>
<b>Metaboloma das fezes de bovinos da raça Gir: resultados iniciais</b> Lenira El Faro Zadra, Maria Fernanda Lourenço Sercundes, Jessica Moraes Malheiros, Matheus Henrique Vargas de Oliveira, Viviane Andrade Ligor, Joel Alves Da Silva, Pollyana Ferreira da Silva, Luiz Alberto Colnago e Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	<b>173</b>
<b>O que acontece com a estimativa de herdabilidade de características produtivas quando bovinos da raça Holandesa estão submetidos a ambientes desafiadores?</b> Rafaela Martins, Bárbara Mazetti Nascimento, Denyus Augusto de Oliveira Padilha, Suelen Fernandes Padilha, Altair Antonio Valotto, Roberto Carvalheiro, Lucia Galvão de Albuquerque e Laila Talarico Dias	<b>176</b>
<b>O que acontece com a estimativa de herdabilidade de características reprodutivas quando bovinos da raça Holandesa estão submetidos a ambientes desafiadores?</b> Rafaela Martins, Bárbara Mazetti Nascimento, Denyus Augusto de Oliveira Padilha, Suelen Fernandes Padilha, Altair Antonio Valotto, Roberto Carvalheiro, Lucia Galvão de Albuquerque e Laila Talarico Dias	<b>179</b>
<b>Parâmetros genéticos para características de conformação do úbere derivadas de coordenadas cartesianas geradas por sistemas de ordenha automáticos em bovinos da raça Holandês da América do Norte</b> Gabriel Costa Medeiros, José Bento Sterman Ferraz, Victor Breno Pedrosa e Luiz Fernando Brito	<b>182</b>
<b>ORGANISMOS AQUÁTICOS</b>	
<b>Associação genética entre características de crescimento de tilápias do Nilo na presença de interação genótipo ambiente</b> Mário Luiz Santana, Mônica Dótoli Mourão, Annaiza Braga Bignardi, Rodrigo Junqueira Pereira, Carlos Antonio Lopes de Oliveira e Ricardo Pereira Ribeiro	<b>186</b>
<b>BEM ESTAR E COMPORTAMENTO</b>	
<b>Análises in silico revelam deleção na região promotora do gene PRLR em população da raça Gir: um possível papel na tolerância ao estresse térmico</b> Julianna Marie Torres, Pablo Henrique Ferreira, Emily Alves Rodrigues Almeida, Josimara Rocha Pereira, Marta Fonseca Martins, Joao Claudio do Carmo Panetto, Marco Antônio Machado, Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva, Ana Fabricia Braga Magalhães e Lucas Lima Verardo	<b>190</b>
<b>ESTATÍSTICA APLICADA AO MELHORAMENTO ANIMAL</b>	

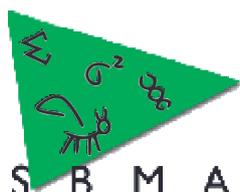


XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

<b>Acurácia, correlação, dispersão, e vies de predições genômicas para a característica consumo alimentar residual em animais Nelore</b> Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva, Êmerson Guimarães Moraes, Leonardo Frederico Nishimoto Souza e Henrique Nunes de Oliveira	<b>194</b>
<b>Ajuste de curva de produção de ovos utilizando modelos não lineares em codornas poedeiras</b> Ana Carolina de Jesus Oliveira, Tádía Emanuele Stivanin, Rafael Nakamura Watanabe, Julia Lisboa Rodrigues, Roney Teixeira da Silva, Marcos Eli Buzanskas, Elias Nunes Martins e Danisio Prado Munari	<b>197</b>
<b>Aplicação da abordagem de metafundadores na avaliação genômica da característica stayability em fêmeas da raça Nelore</b> Larissa Bordin Temp, Ludmilla Costa Brunes, Gabriel Gubiani, Claudio Ulhoa Magnabosco, Raysildo Barbosa Lôbo, Ignacio Aguilar, Rodrigo López Correa e Fernando Sebastian Baldi Rey	<b>200</b>
<b>Assinaturas de seleção em ovinos da raça Texel</b> Julia Lisboa Rodrigues, Larissa Graciano Braga, Rafael Nakamura Watanabe, Ana Carolina de Jesus Oliveira, Marcos Eli Buzanskas, Donagh Pearse Berry e Danisio Prado Munari	<b>203</b>
<b>Avaliação da redução no tempo de processamento de cálculos e inversão de matrizes de parentesco por meio de bibliotecas que utilizam CPU (Central processing unit) e GPU (Graphic processing unit)</b> Fernando Jean Dijkstra	<b>206</b>
<b>Avaliação genética para persistência de lactação em búfalos Murrah por meio de modelos de regressão aleatória usando funções B-splines e polinômios de Legendre</b> Karina Rosa Silveira, Matheus Henrique Vargas de Oliveira, Alessandra Alves Silva, Luiz Fernando Brito, Delvan Alves da Silva, Sirlene Fernandes Lázaro, Gabriela Stefani e Humberto Tonhati	<b>209</b>
<b>Desequilíbrio de ligação em raças ovinas</b> Julia Lisboa Rodrigues, Larissa Graciano Braga, Rafael Nakamura Watanabe, Ana Carolina de Jesus Oliveira, Marcos Eli Buzanskas, Donagh Pearse Berry e Danisio Prado Munari	<b>212</b>
<b>Explorando a variação residual para uniformidade de peso corporal em codornas de corte em crescimento</b> Arícia Chaves Zanetti Reis, Cassiane Gomes Dos Santos, Alessandra Alves Silva, Delvan Alves da Silva, Daniele Botelho Diniz Marques, Ivan Carvalho Filho, Mateus Guimarães Santos, Natanieli Silva Máximo, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias e Renata Veroneze	<b>215</b>



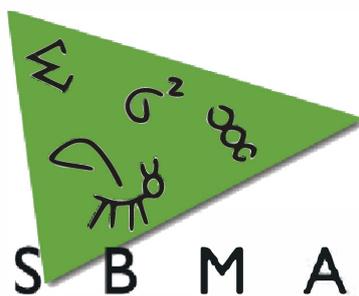
<b>Impacto da coleta de fenótipos na predição genômica de características de eficiência alimentar e reprodutiva em bovinos da raça Nelore</b> Gabriel Gubiani, Larissa Bordin Temp, Claudio Ulhoa Magnabosco, Angélica Simone Cravo Pereira, Raysildo Barbosa Lôbo, Ignacio Aguilar e Fernando Sebastian Baldi Rey	<b>218</b>
<b>Impacto do uso de metafundadores na acurácia de predição para probabilidade de parto precoce em fêmeas da raça Nelore</b> Larissa Bordin Temp, Ludmilla Costa Brunes, Gabriel Gubiani, Claudio Ulhoa Magnabosco, Raysildo Barbosa Lôbo, Ignacio Aguilar, Rodrigo López Correa e Fernando Sebastian Baldi Rey	<b>221</b>
<b>Influência da quantidade de fenótipos na predição genômica para características de carcaça em bovinos da raça Nelore</b> Gabriel Gubiani, Larissa Bordin Temp, Claudio Ulhoa Magnabosco, Angélica Simone Cravo Pereira, Raysildo Barbosa Lôbo, Ignacio Aguilar e Fernando Sebastian Baldi Rey	<b>224</b>
<b>Influência dos grupos genéticos nos valores de pH da carcaça suína</b> Natanieli Silva Máximo, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias, Simone Eliza Facioni Guimarães, Renata Veroneze, Paulo Sávio Lopes, Daniele Botelho Diniz Marques, Arícia Chaves Zanetti Reis e Cassiane Gomes Dos Santos	<b>227</b>
<b>Redução na utilização de memória computacional no cálculo e inversão de matrizes de parentesco utilizando algoritmos para compressão de matrizes</b> Fernando Jean Dijkstra	<b>230</b>
<b>Uniformidade de peso corporal em codornas de corte da linhagem UFV1 na fase de crescimento</b> Cassiane Gomes Dos Santos, Arícia Chaves Zanetti Reis, Alessandra Alves Silva, Delvan Alves da Silva, Daniele Botelho Diniz Marques, Ivan Carvalho Filho, Letícia Fernanda de Oliveira, Natanieli Silva Máximo, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias e Renata Veroneze	<b>233</b>
<b>Uso de Transfer Learning para segmentação automática da área de olho de lombo por meio de banco reduzido de imagens anotadas</b> Diógenes Lodi Pinto, Dan Tulpan, Anderson Antonio Carvalho Alves, Gordon Vander Voort, Mike McMorris, Júlio Cesar Carvalho Balieiro e Ricardo Vieira Ventura	<b>236</b>
<b>ENSINO EM MELHORAMENTO</b>	
<b>Uso de dashboard para a simulação de dados no ensino do melhoramento animal</b> Alan Miranda Prestes, Giovani Luis Feltes e Matheus Henrique Dal Bó Marin	<b>240</b>
<b>OUTROS</b>	

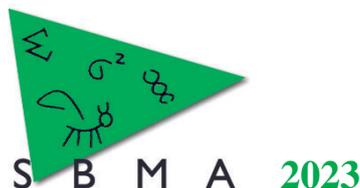


XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

<b>Associação dos fatores ambientais com o consumo de ração enriquecida na dieta de perdizes (<i>Rhynchotus rufencens</i>) em cativeiro</b> Camila Shyu Fiorindo, Kelvin Rodrigues Kelles, Fernanda Larissa Cesar Santos, Jeisson Alexander León Rubio, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia e Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	<b>244</b>
<b>#GAMARESPONDE: uma iniciativa para levar conceitos de melhoramento animal à comunidade</b> Denyus Augusto de Oliveira Padilha, Suelen Fernandes Padilha e Laila Talarico Dias	<b>247</b>
<b>Práticas extensionistas como veículo de melhoramento genético animal em propriedades do Nordeste Paraense: a otimização da escrituração zootécnica</b> Lais Costa Brito, Hawena Carolina da Silva Oliveira, Lorena de Paula da Silva Maciel, Renato Fagner Rodrigues Dantas, Joice de Sousa Santos, Brenda Freitas Ribeiro, Kaio Diego das Neves Barros e Thiago Carvalho da Silva	<b>250</b>

# Aves e Suínos





### **Análise do pedigree de linhagens controle e selecionada de aves poedeiras comerciais**

Camilla Evelyne Da Silva Arantes<sup>1</sup>, Larissa Graciano Braga<sup>1</sup>, Ana Carolina de Jesus Oliveira<sup>1</sup>, Mônica Corrêa Ledur<sup>2</sup>, Elsie Antonio Pereira de Figueiredo<sup>2</sup>, Salvador Boccaletti Ramos<sup>1</sup>, Danísio Prado Munari<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

\*Autor correspondente: [danisio.munari@unesp.br](mailto:danisio.munari@unesp.br)

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi analisar o pedigree de uma linhagem controle (CCc) e uma selecionada para melhorar a produção de ovos brancos (CC) de galinhas White Leghorn, a fim de verificar o acréscimo de endogamia em seis gerações. Dados de pedigree de aves das duas linhagens foram cedidos pelo Programa de Melhoramento Genético de Aves da EMBRAPA Suínos e Aves. As aves nasceram entre 2015 e 2018. O pedigree da linhagem CCc foi composto por registros de 2.538 indivíduos, com tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) de 183,95. O pedigree da linhagem CC foi constituído por 3.192 indivíduos, com  $N_e$  igual a 179,37. O número de fundadores considerados na geração inicial foi de 134 para ambas as linhagens. O coeficiente médio de endogamia foi de 0,41% para CCc e 0,39% para CC, e o aumento de endogamia por geração foi de 0,27% para CCc e 0,28% para CC. O nível de endogamia médio da população em questão é baixo, apesar do aumento deste coeficiente com o passar das gerações. O monitoramento da endogamia é um aspecto crucial para os programas de melhoramento genético de aves, uma vez que garante a manutenção da diversidade genética e evita os efeitos negativos da depressão endogâmica sobre a produção de ovos.

**Palavras-chave:** endogamia, incremento de endogamia, pedigree, poedeiras.

### **Pedigree analysis of control and selected lines of commercial laying hens**

**Abstract:** This study aimed to analyze the pedigree of a control strain (CCc) and one selected to improve white egg production (CC) of White Leghorn hens, in order to verify the increase of inbreeding in six generations. The pedigree data was granted by the Poultry Genetic Improvement Program of EMBRAPA Suínos e Aves. The birds were born between 2015 and 2018. The CCc pedigree was composed of 2,538 individuals, with an effective population size ( $N_e$ ) of 183.95. The CC pedigree was formed by 3,192 individuals, with  $N_e$  equal to 179.37. The number of founders considered in the initial generation was 134 for both lineages. The average inbreeding coefficient was 0.41% for CCc and 0.39% for CC, and the inbreeding increase per generation was 0.27% for CCc and 0.28% for CC. The average inbreeding level of the population in question is low, despite the increase in this coefficient at each generation. Monitoring inbreeding is a crucial aspect of poultry genetic improvement programs, as it ensures the maintenance of genetic diversity and prevents the detrimental effects of inbreeding depression on egg production.

**Keywords:** inbreeding, increment of inbreeding, laying hens, pedigree.

### **Introdução**

Na década de 50, o melhoramento genético de populações de aves poedeiras era geralmente baseado em registros individuais e de famílias nas linhagens existentes. As linhagens de ovos brancos tiveram origem na raça White Leghorn. Cruzamentos de linhas endogâmicas foram conduzidos inicialmente até que as linhagens se tornaram competitivas e, assim, as linhas endogâmicas deixaram de ser utilizadas (Tixier-Boichard et al, 2012). No entanto, o aumento da endogamia nas linhagens comerciais de aves passou a ser monitorado com o passar das gerações de seleção.

Ao estudar o pedigree da população é possível verificar o nível de endogamia ao longo das gerações. Em elevados graus, a endogamia pode ocasionar redução na fertilidade e viabilidade das aves. Assim, é de suma importância analisar a estrutura da população para garantir a viabilidade de um programa de melhoramento genético, com a finalidade de monitorar e controlar os níveis de endogamia. Em vista disso, o objetivo deste estudo foi analisar o pedigree de linhagem controle e selecionada de aves White Leghorn, a fim de verificar o acréscimo de endogamia em seis gerações.

### Material e Métodos

Os dados de pedigree utilizados no presente estudo são oriundos de uma linhagem controle (CCc) e outra selecionada (CC) de aves poedeiras comerciais de ovos brancos White Leghorn. Os registros de pedigree são oriundos de 5.730 aves, nascidas entre 2015 e 2018 e pertencentes a seis gerações de seleção (20ª à 26ª geração) do Programa de Melhoramento Genético de Aves da EMBRAPA Suínos e Aves, localizado em Concórdia, SC.

As linhagens CCc e CC foram originadas de uma mesma população base White Legorn, geradas em 1987 (geração 0). A linhagem CC foi constituída a partir de acasalamentos de 79 pais e 535 mães e, para a CCc, utilizou-se a progênie de 77 pais e 240 mães. A fim de se manter CCc representativa de CC, foi estabelecido o procedimento proposto por Gowe et al. (1959), em que se separou ao acaso um pai e uma mãe por família em cada geração.

O pedigree das seis últimas gerações de cada linhagem continha 3.192 aves para CC e 2.538 para CCc. A estrutura de cada população com base no pedigree foi analisada a partir do programa computacional ENDOG v. 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2010). Nas análises, foi utilizado o algoritmo proposto por Meuwissen & Luo (1992) para o cálculo do coeficiente de endogamia (F), estimado pela probabilidade de um indivíduo ter dois alelos idênticos por descendência. O incremento de endogamia foi calculado por  $\Delta F_t = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$  (Falconer & Mackay, 1996), em que t é o número da geração.

### Resultados e Discussão

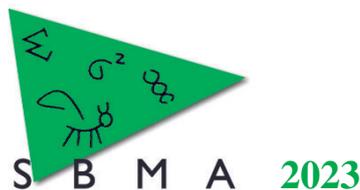
O tamanho efetivo da população para a linhagem CCc foi de 183,95 e para a linhagem CC foi de 179,37 indivíduos. Indivíduos da 20ª geração não possuíam registro de pai (galo) e de mãe (galinha) e por isso foram considerados como fundadores, totalizaram 134 animais em cada linhagem. Pela metodologia de Boichard et al (1997), o número efetivo de fundadores foi de 74 (CCc) e 65 (CC) indivíduos.

O coeficiente médio de parentesco foi de 2,02% e 1,58% para CCc e CC, respectivamente. O coeficiente médio de endogamia foi de 0,41% para CCc e 0,39% para CC. Na última geração analisada (26ª), o coeficiente de endogamia foi de 1,35% e 1,84% para CCc e CC, respectivamente. O incremento da endogamia por geração foi de 0,27% para CCc e 0,28% para CC; tais valores, bem como o de coeficiente de endogamia são similares aos encontrados na literatura para espécies domésticas.

Na linhagem CCc, os valores do incremento de endogamia não sofreram aumento contínuo nas gerações avaliadas (Tabela 1), tendo ocorrido retração da endogamia na 25ª geração. Isso indicou que os níveis de endogamia não estão aumentando de forma expressiva a cada geração, dado que a taxa de incremento de endogamia foi considerada baixa. Nessa mesma linhagem, a proporção de indivíduos endogâmicos teve o maior acréscimo da 23ª para a 24ª geração e, na 26ª geração, todos os indivíduos tornaram-se endogâmicos. O incremento de endogamia para indivíduos endogâmicos foi negativo na 24ª e 25ª geração, -0,90% e -1,32%, respectivamente, apesar da 26ª geração apresentar incremento positivo de 0,38%.

Tabela 1. Geração (G), número de indivíduos (N), incremento de endogamia ( $\Delta F$ ), proporção de indivíduos endogâmicos (PE), incremento de endogamia para indivíduos endogâmicos ( $\Delta Fe$ ) e coeficiente de parentesco médio (AR) para as gerações da linhagem controle (CCc) e selecionada (CC), respectivamente.

G	CCc					CC				
	N	$\Delta F$ (%)	PE (%)	$\Delta Fe$ (%)	AR (%)	N	$\Delta F$ (%)	PE (%)	$\Delta Fe$ (%)	AR (%)
20	134	-	-	-	7,50	638	-	-	-	0,16
21	496	-	-	-	1,19	629	-	-	-	0,98
22	653	-	-	-	1,83	677	-	-	-	1,73
23	134	0,05	1,49	3,10	2,29	638	0,59	14,84	4,00	2,19
24	496	1,04	48,39	-0,90	2,55	629	0,02	50,91	-3,00	2,46
25	653	-0,20	90,07	-1,30	2,72	677	0,49	95,90	-0,10	2,70
26	336	0,48	100,00	0,40	2,79	337	0,74	100,00	0,70	2,80



## XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

O coeficiente de parentesco para ambas as linhagens aumentou ao longo das gerações sendo que a última geração foi de 2,79% para CCc e 2,80% CC. Na linhagem CC, os valores de incremento de endogamia também não seguiram aumento progressivo. Diferentemente da linhagem controle, o maior acréscimo de indivíduos endogâmicos ocorreu da 24ª para a 25ª geração, e, da mesma forma, o menor acréscimo aconteceu na 26ª geração (4%), quando, todos os indivíduos também se tornaram endogâmicos. Nas gerações 24ª e 25ª, houve diminuição dos níveis de endogamia para indivíduos endogâmicos, uma vez que o incremento de endogamia para esses animais foi negativo e o mesmo voltou a tornar-se positivo na geração seguinte (26ª).

Tais resultados indicam que apesar da última geração de ambas as linhagens se apresentarem 100% endogâmicas, o incremento de endogamia foi baixo; ou seja, ainda que os acasalamentos tenham ocorrido entre parentes, os mesmos são distantes com algum ascendente em comum na genealogia. Ademais, o coeficiente de endogamia médio é baixo - 0,39%, levando em consideração que somente os valores superiores a 10% resultam em perda do desempenho dos animais.

### Conclusão

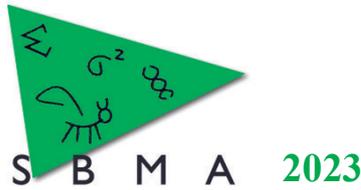
O incremento de endogamia das populações avaliadas foi pequeno ao longo das gerações e isso reflete o tênue aumento do coeficiente médio de endogamia por geração. O monitoramento dos acasalamentos das linhagens em questão tem garantido a variabilidade genética de ambas.

### Agradecimentos

À Embrapa Suínos e Aves por terem cedido os dados. C.A.S.E. recebe bolsa PET-MEC (nº 0330261355). L.G.B. e A.C.J.O. recebem bolsa CAPES – 001. M.C.L. e D.P.M. recebem bolsa de Produtividade em Pesquisa do CNPq.

### Literatura citada

- Boichard D., Maignel L., Verrier E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetic Selection Evolution**, 29, 5-23.
- Falconer D.S. & Mackay T.F.C. 1996. **Introduction of quantitative genetics** (4<sup>th</sup> edition). Essex: Longman Group Ltda. 464p.
- Gowe R.S., Robertson A., Latter B.D. H. 1959. Environment and poultry breeding problems: 5. The design of poultry control strains. **Poultry Science**, 38:2, 462-471.
- Gutiérrez J.P., Goyache F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 122, 172-176.
- Meuwissen T.H.E., Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, 24, 305-313.
- Tixier-Boichard M., Leenstra F., Flock D.K., Hocking P.M., Weigend S. 2012. A century of poultry genetics. **World's Poultry Science Journal**, 28, 307-321.



**Estimação da herdabilidade para peso ao nascimento em perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro**

Jeisson Alexander León Rubio<sup>1\*</sup>, Kelvin Rodrigues Kelles<sup>1</sup>, Camila Shyu Fiorindo<sup>1</sup>, Fernanda Larissa Cesar Santos<sup>1</sup>, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia<sup>2</sup>, Júlia de Paula Soares Valente<sup>1</sup>, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Pós-Graduando em Ciência Animal, FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil

<sup>2</sup> Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, FMVZ, UNESP, Botucatu, SP, Brasil

\*Autor correspondente: [jeisson.leon@unesp.br](mailto:jeisson.leon@unesp.br)

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi estimar a herdabilidade para peso ao nascimento em perdizes (*Rhynchotus rufescens*). Para a análise foram utilizados 2.278 registros de peso ao nascimento (PN) de perdizes nascidas no período de 2015 a 2022, na Fazenda Experimental do Lageado da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Unesp, Botucatu. As estimativas de herdabilidade foram obtidas a partir do modelo animal pelos programas BLUPF90+ (AIREML) e o GIBBSF90+, utilizando o amostrador de Gibbs. A média fenotípica observada do PN foi de  $44,6 \pm 5,05$  g. As estimativas de herdabilidade foram  $0,77 \pm 0,04$  (AIREML) e  $0,77 \pm 0,04$  (Gibbs). A estimativa de herdabilidade para a característica PN indica possibilidade de ganho genético se implementada como critério de seleção.

**Palavras-chave:** amostrador de Gibbs, parâmetros genéticos, peso ao nascimento

**Estimation of heritability for birth weight in partridges (*Rhynchotus rufescens*) raised in captivity**

**Abstract:** The aim of this study was to estimate the heritability for birth weight in partridges (*Rhynchotus rufescens*). For the analysis, 2,278 records of birth weight (BW) of partridges born between 2015 and 2022, at the Experimental Farm of Lageado, School of Veterinary Medicine and Animal Science, Unesp, Botucatu, were used. The heritability estimates were obtained from the animal model by the BLUPF90+ and the GIBBSF90+ programs, using the Gibbs sampler. The observed phenotypic mean of BW was  $44.6 \pm 5.05$  g. The heritability estimates were  $0.77 \pm 0.04$  (AIREML) and  $0.77 \pm 0.04$  (Gibbs). The heritability estimate for the BW trait indicates the possibility of genetic gain if implemented as a selection criterion.

**Keywords:** birth weight, genetic parameters, gibbs sampler

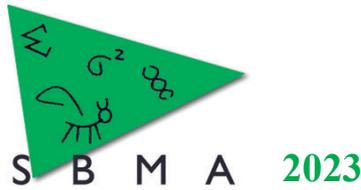
**Introdução**

Características associadas a produção da perdiz, ave nativa do Brasil, necessitam serem estudadas para se obter aumento da produção de forma a atender a demanda por sua carne em mercados específicos, por sua grande qualidade. A estimação de parâmetros genéticos em sistema de produção determina estratégias na seleção de indivíduos para o melhoramento da população. Linhagens de frangos de corte foram gerados e melhorados desde a condição selvagem, tornando-se atividade produtiva e economicamente viável (Andrade, 2009).

O peso ao nascimento influencia na sobrevivência e a eficiência do desenvolvimento em aves. Estudo realizado em pintinhos de avestruz demonstrou maior risco de morte em indivíduos com menor peso ao nascer antes de atingir 28 dias de vida (Cloete et al. 2001). Pelo exposto, o objetivo deste estudo foi estimar a herdabilidade para o peso ao nascimento em perdizes (*Rhynchotus rufescens*).

**Material e Métodos**

A pesquisa foi conduzida no criatório de perdizes do Setor de Animais Silvestres, localizado na Fazenda Experimental do Lageado da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Unesp, Botucatu, SP. Foram utilizados 2.278 registros de peso ao nascimento de perdizes da espécie *Rhynchotus rufescens*, formando 14 grupos contemporâneos (GC), considerando-se local (Jaboticabal e Botucatu), safra de



nascimento (2015 a 2022), época de nascimento (1, setembro, outubro e novembro e 2, dezembro, janeiro, fevereiro e março).

Análise estatística foi realizada por meio do procedimento GLM (SAS System for Windows, 2011), com modelo que incluiu como variável dependente o peso ao nascimento (PN) e como variáveis independentes, o GC e sexo, este último foi utilizado para verificar se apresentava significância. O resultado foi efeito não significativo e não foi incluído no modelo para obtenção da estimativa da herdabilidade ( $h^2$ ), provavelmente devido somente ocorrer diferenciação do peso corporal entre machos e fêmeas a partir dos 84 dias de idade em perdizes (Correia, 2017). As estimativas de herdabilidade foram obtidas utilizando os programas BLUPF90+ (AIREML) e o GIBBSF90+, utilizando o amostrador de Gibbs, considerando o GC como efeito fixo e o animal e resíduo como aleatório.

### Resultados e Discussão

A média das observações estudadas para peso ao nascimento foi de  $44,6 \pm 5,05$  g. Valor superior ao relatado em perdizes por Tholon et al. (2008) e Carnio et al. (1999), que descreveram média de 39,16 g e 38,60 g, respectivamente. As estatísticas descritivas e as estimativas de herdabilidade estão apresentadas na Tabela 1.

**Tabela 1.** Estatística descritiva e estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) da característica peso ao nascimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*)

	Descrição	$h^2$ AIREML	$h^2$ GIBBS
Número de animais	2.278		
Média (g)	44,6	0,77	0,77
Desvio padrão (g)	5,05	0,04	0,04
Coefficiente variação (g)	11,3		5,46
Peso mínimo (g)	28		
Peso máximo (g)	61		
Moda (g)	43		0,80
Mediana (g)	45		0,77
Intervalo de confiança a 95% (g)	35 a 55		0,68 a 0,84

A estimativa da herdabilidade para peso ao nascimento apresentou valor elevado (Tabela 1), indicando que diferenças genéticas herdáveis contribuem na variação dos pesos ao nascimento, sendo fato favorável para a seleção fenotípica que resultaria em ganhos genéticos. Resultados semelhantes para estimativa da herdabilidade de peso ao nascimento em perdizes *Rhynchotus rufescens* foram obtidos por Teixeira et al. (2013) e Tholon et al. (2008) com valores de 0,68 e 0,58, respectivamente.

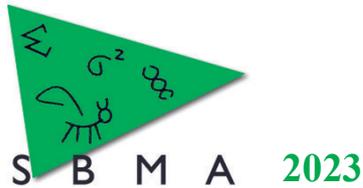
O peso ao nascimento como descrito por Cloete et al. (2001) por ter relação com a mortalidade, pode ser utilizado como característica indicadora para a diminuição da mortalidade até os 84 dias de vida dos nascidos. E por apresentar valor alto da estimativa da herdabilidade pode ser obtido rápido ganho genético.

### Conclusão

O valor da estimativa de herdabilidade para peso ao nascimento indica possibilidade de ganho genético, se implementado programa de melhoramento utilizando como critério de seleção.

### Literatura citada

Andrade, A.N. Avicultura do futuro: uma perspectiva para o século 21. In: PRODUÇÃO ANIMAL NO SÉCULO 21. Piracicaba: FEALQ, 1990. Anais..., p.1-6.



## XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

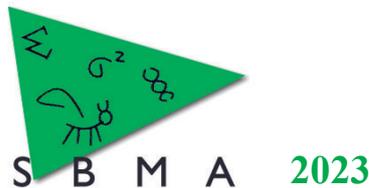
Carnio, A. 1993 Análise de algumas características produtivas e reprodutivas da perdiz (*Rhynchotus rufescens*). Jaboticabal, 40f. Monografia (Trabalho de Graduação em Zootecnia): Curso de Zootecnia, Unesp.

Cloete, S. W. P.; Lambrechts, H.; Punt, K.; Brand, Z. 2001. Factors related to high levels of chick mortality from hatching to 90 days of age in an intensive rearing system. **J. South African Vet Assoc**, 72, 197-202.

Correia, L.E.C.S. 2017. Avaliação do pedigree, características reprodutivas e de crescimento em perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. 64 f. (Mestr. Genética e Melhoramento Animal), Unesp.

Tholon, P., Casellato, E., Queiroz, S. 2008. Estimativas de parâmetros genéticos para pesos corporais em perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. **Revista Caatinga**, 21, 48-61.

Teixeira, B., Euclides, R., Teixeira, R., Silva, L., Almeida, R., Silva, F., Lehner, H., Caetano, G. 2013. Herdabilidade de características de produção e postura em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural**. 43, 361-365.



### Estudo de associação genômica ampla para torção do mesentério em suínos

Suelen Fernandes Padilha<sup>1\*</sup>, Rafaela Martins<sup>2</sup>, Ludmila Mudri Hul<sup>3</sup>, Luis Orlando Duitama Carreño<sup>4</sup>,  
Adriana Mércia Guaratini Ibelli<sup>5</sup>, Jane de Oliveira Peixoto<sup>5</sup>, Marcos Antônio Zanella Morés<sup>5</sup>, Maurício  
Egídio Cantão<sup>5</sup>, Mônica Corrêa Ledur<sup>5</sup>, Laila Talarico Dias<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil

<sup>2</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil

<sup>3</sup>Professora na Faculdade de Ensino Superior do Centro do Paraná – UCP, Pitanga, PR, Brasil.

<sup>4</sup>BRF SA, Curitiba, PR, Brasil

<sup>5</sup>Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

<sup>6</sup>Professora Associada, Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

\*Autor correspondente: [suelenfpadilha7@gmail.com](mailto:suelenfpadilha7@gmail.com)

**Resumo:** A torção de mesentério (TM) é um diagnóstico comum associado às ocorrências de morte súbita em suínos nas fases de crescimento e terminação, contudo, as causas desse distúrbio são pouco conhecidas. Por isso, o objetivo deste estudo foi identificar marcadores moleculares e genes associados a TM, por meio do estudo de associação genômica ampla (GWAS). Foram utilizadas informações fenotípicas, de pedigree e de genótipos de suínos pertencentes a uma granja núcleo localizada no estado de Santa Catarina, Brasil. Para as análises de GWAS, o tamanho definido da janela foi de 1Mb e as janelas que explicaram mais que 0,5% da variância genética foram consideradas biologicamente significativas. Foram encontradas 17 janelas genômicas significativas distribuídas em 9 cromossomos que juntas explicaram 12,67% da variância genética total e contendo um total de 229 genes. Dentre os genes identificados, destacam-se três genes candidatos: *GABRP*, *HTR4* e *NEGR1* que estão relacionados com comportamento/ingestão alimentar, motilidade e integridade intestinal, bem como, outros distúrbios relacionados, os quais podem predispor os suínos à TM.

**Palavras-chave:** GWAS, morte súbita, síndrome hemorrágica do intestino, SNPs, vólvulo intestinal.

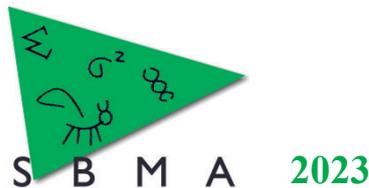
### Genomic-wide association study for mesentery torsion in pigs

**Abstract:** Mesentery torsion (MT) is a common diagnosis associated with the occurrence of sudden death growing and finishing pigs. However, the etiology of this disorder are not well known. Therefore, the objective of this study was to identify molecular markers and genes associated with MT, through the genome-wide association study (GWAS). Phenotypic, pedigree and genotype information of pigs belonging to a nucleus farm located in Santa Catarina State, Brazil, was used. For the GWAS analyses, the defined window size was 1Mb and the windows that explained more than 0.5% of the genetic variance were considered biologically significant. Seventeen significant genomic windows distributed in 9 chromosomes were found, which together explained 12.67% of the total genetic variance and harbored a total of 229 genes. Among the identified genes, three candidate genes stand out: *GABRP*, *HTR4* e *NEGR1*, which are related to behavior/food intake, intestinal motility and integrity, as well as, other disorders related, which may predispose pigs to MT.

**Keywords:** GWAS, hemorrhagic bowel syndrome, intestinal volvulus, SNPs, sudden death.

### Introdução

A torção de mesentério (TM) é uma das causas de morte súbita mais comuns em suínos nas fases de crescimento e terminação e, embora seja uma condição patológica conhecida, sua ocorrência tem aumentado nos rebanhos desde a década de 90 (Morés, 2009). A torção ao longo do eixo mesentérico geralmente afeta animais saudáveis e de bom desenvolvimento, os quais, sem sinais clínicos prévios, são encontrados mortos, com abdômen distendido e com presença de sangue nos intestinos (Morés, 2009). Trata-se de uma anomalia multifatorial que causa grandes prejuízos para a suinocultura, porém, sua etiologia ainda não é bem elucidada. Portanto, o objetivo deste estudo foi identificar marcadores moleculares e genes associados com a ocorrência de TM em suínos.



### Material e Métodos

Foram utilizados dados de uma linhagem materna de suínos pertencentes a uma granja núcleo localizada no estado de Santa Catarina, Brasil. O arquivo de fenótipos composto por 40.511 animais, nascidos entre 2011 e 2022, continha informações de grupos de contemporâneos (GC: sexo, ano e semana de desmame), peso à desmama (PD) e ocorrência de torção mesentérica (TM). O arquivo de pedigree continha informações da genealogia (animal, pai e mãe) de 160.685 animais e o de genótipos foi composto por 405 animais (138 afetados por TM e 267 normais) genotipados com o painel GGP Porcine 50K SNP BeadChip (Neogen Genomics® –Lincon, NE, USA). No controle de qualidade foram removidas amostras e SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) com *call rate* < 0,90, SNPs com frequência alélica (MAF) < 0,05, monomórficos, não autossômicos, com posição duplicada ou desconhecida no genoma, além de animais com divergência na matriz de parentesco; restando 397 amostras e 36.308 SNPs.

As análises foram realizadas nos programas da família BLUPF90 (<http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php>) utilizando a abordagem bayesiana e a metodologia GBLUP de etapa única (ssGWAS). Foram estimados os componentes de variância genética e residual que, em seguida, foram usados para realizar o GWAS. Utilizou-se janela de 1Mb e a TM foi analisada com o modelo matricial apresentado a seguir:

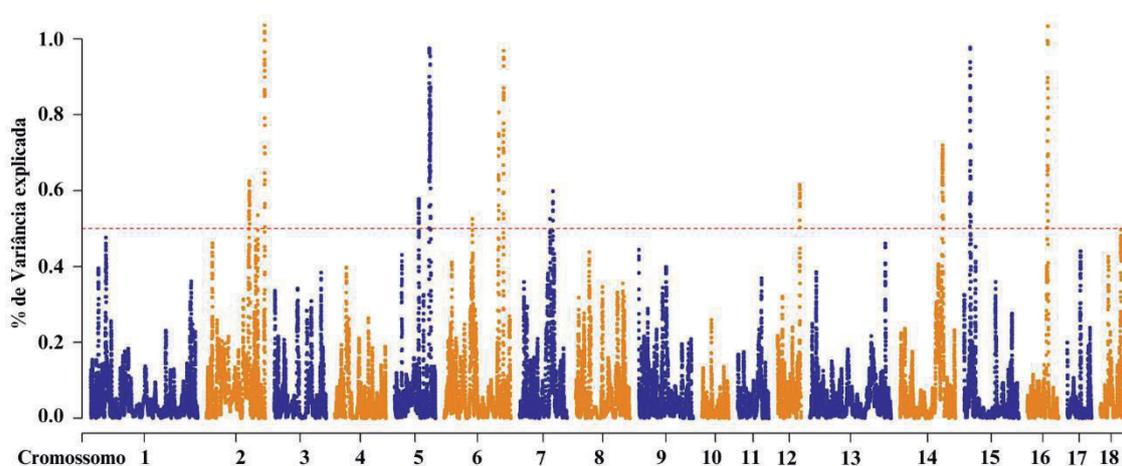
$$y = X\beta + Zu + e$$

Em que:  $y$  = vetor de observações fenotípicas (TM) e genômicas;  $\beta$  = vetor de efeitos fixos (GC e linear da covariável PD);  $u$  = vetor de efeito genético aditivo;  $X$  e  $Z$  = matrizes de incidência associadas a  $\beta$  e  $u$ , respectivamente;  $e$  = vetor de efeitos residuais.

Após a realização do GWAS, o genoma ficou particionado em 1.177 janelas não sobrepostas. As janelas que explicaram mais que 0,5% foram consideradas significativas e, portanto, utilizadas para identificação de genes candidatos. A partir das posições iniciais e finais de cada janela genômica associada a TM, foi obtida uma lista de genes na ferramenta Ensembl BioMart versão 109 ([www.ensembl.org/biomart/martview/](http://www.ensembl.org/biomart/martview/)). Posteriormente, investigou-se a ação dos genes candidatos na literatura e em bancos de dados internacionais (NCBI, GeneCards e OMIM).

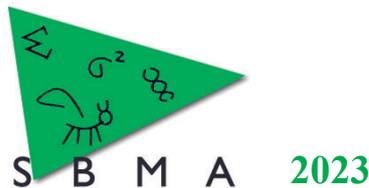
### Resultados e Discussão

Foram identificadas 17 janelas genômicas significativas, localizadas em 9 cromossomos (SSC) (2, 5, 6, 7, 12, 14, 15, 16 e 18) que, juntas, explicaram 12,67% da variância genética total e abrigaram um total de 229 genes (Figura 1). A variância explicada por janelas significativas variou de 0,50% a 1,16%.



**Figura 1.** Gráfico de Manhattan da porcentagem de variação genética explicada por janelas de 1 Mb para torção do mesentério em suínos. O eixo X representa os cromossomos e o eixo Y mostra a proporção da variância genética explicada por cada janela. A linha vermelha indica o limiar de significância (0,5%).

Dentre os genes encontrados, destacam-se três genes candidatos: *GABRP*, *HTR4* e *NEGRI*. O gene *GABRP* encontrado no SSC16 está relacionado ao estímulo da secreção de somatostatina (Rorsman et al.,



2018). A somatostatina é um hormônio proteico que age em vários tecidos, inclusive no trato gastrointestinal, no qual possui efeito inibitório na secreção de hormônios e enzimas que estão relacionados à digestão de alimentos. Além disso, o aumento da liberação de somatostatina pode reduzir a motilidade gastrointestinal (Huang et al., 2021). Diante disso, variantes localizadas nesse gene podem influenciar a digestão e motilidade intestinal, podendo acarretar obstrução e predispor o suíno a TM.

O gene *HTR4*, localizado no SSC2, é expresso em células epiteliais do intestino delgado e do cólon e, a ativação desse receptor leva à secreção de muco, fluido e serotonina (5-HT), que promove o peristaltismo/motilidade intestinal (Hoffman et al., 2012). Segundo Engel et al. (2006), vacas leiteiras com dilatação e distensão do ceco (CCD) tiveram menor expressão do mRNA que codifica para proteína HTR4, evidenciando o envolvimento desse receptor na patogênese da anomalia. A CCD é um distúrbio intestinal de bovinos que pode resultar em obstrução mecânica e torção do ceco, sendo assim, as mutações no gene *HTR4* podem resultar em TM em suínos, uma vez que ambas anomalias são bastante semelhantes.

O gene *NEGR1*, localizado no SSC6, modula a ingestão alimentar e a diminuição de sua expressão leva ao aumento no peso corporal devido ao aumento na ingestão de alimentos (Boender et al., 2014). Assim, pressupõe-se que mutações nesse gene podem aumentar a ingestão de alimentos a ponto do animal comer demasiadamente e estar propenso à fermentação excessiva do alimento nos intestinos e, conseqüentemente, ter maior probabilidade de desenvolver torção mesentérica.

#### Conclusão

Os SNPs associados à característica estavam distribuídos em genes relacionados ao comportamento/ingestão alimentar, motilidade e integridade intestinal, bem como, outros distúrbios relacionados, os quais podem predispor os suínos a torção de mesentério.

#### Agradecimentos

Ao CNPq pelo financiamento do projeto (processo 407489/2018-5), bolsa AT a LMH e bolsas de produtividade concedidas a MCL e AMGI. À CAPES pelo acesso aos periódicos utilizados na revisão de literatura (código de financiamento 001) e pela concessão da bolsa de estudos.

#### Literatura citada

Boender, A. J.; van Gestel, M. A.; Garner, K. M.; Luijendijk, M. C. & Adan, R. A. 2014. The obesity-associated gene *Negr1* regulates aspects of energy balance in rat hypothalamic areas. **Physiological reports**, 2, e12083.

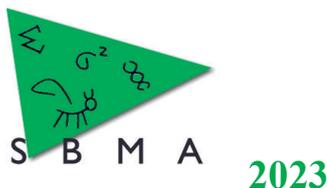
Engel, L.; Kobel, B.; Ontsouka, E. C.; Graber, H. U.; Blum, J. W.; Steiner, A. & Meylan, M. 2006. Distribution of mRNA coding for 5-hydroxytryptamine receptor subtypes in the intestines of healthy dairy cows and dairy cows with cecal dilatation-dislocation. **American journal of veterinary research**, 67, 95-101.

Hoffman, J. M.; Tyler, K.; MacEachern, S. J.; Balemba, O. B.; Johnson, A. C.; Brooks, E. M.; Zhao, H.; Swain, G.M.; Moses, P.L.; Galligan, J.J.; Sharkey, K.A.; Meerveld, B.G. & Mawe, G. M. 2012. Activation of colonic mucosal 5-HT<sub>4</sub> receptors accelerates propulsive motility and inhibits visceral hypersensitivity. **Gastroenterology**, 142, 844-854.

Huang, X; Xue, J; Gao, M; Qin, Q; Ma, T; Li, X & Wang, H. 2021. Medical Management of Inoperable Malignant Bowel Obstruction. **Ann Pharmacother**, 55, 1134-1145.

Morés, N. 2009. Torção do mesentério ou síndrome hemorrágica intestinal: qual a importância, como reconhecer, quais as causas e como controlar as perdas causadas. **Acta Scientiae Veterinariae**, 37, s11-s15.

Rorsman, P. & Huising, M. O. 2018. The somatostatin-secreting pancreatic  $\delta$ -cell in health and disease. **Nature Reviews Endocrinology**, 14, 404-414.



### Estudos de eQTL e ontologia gênica identificam genes associados ao metabolismo lipídico de suínos

Mariah Castro Durval<sup>1\*</sup>, Ingrid Soares Garcia<sup>3</sup>, Simara Larissa Fanalli<sup>4</sup>, Bruna Pereira Martins da Silva<sup>3</sup>, Felipe André Oliveira Freitas<sup>2</sup>, Lucas Echevarria Nascimento<sup>2</sup>, Luiz Lehmann Coutinho<sup>5</sup>, Luiz Fernando Brito<sup>6</sup>, Vivian Vezzoni de Almeida<sup>7</sup>, Aline Silva Mello Cesar<sup>8</sup>

<sup>1</sup>Mestranda em Biociência Animal, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos - FZEA, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Mestrando em Ciência Animal e Pastagens, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz - ESALQ, Piracicaba, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Doutoranda em Ciência Animal e Pastagens, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz - ESALQ, Piracicaba, SP, Brasil.

<sup>4</sup>Doutoranda em Biociência Animal, Faculdade De Zootecnia e Engenharia de Alimentos - FZEA, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>5</sup>Professor Titular, Biotecnologia Animal e Genômica Funcional, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz - ESALQ, Piracicaba, SP, Brasil.

<sup>6</sup>Professor Associado, Genética e Genômica Quantitativa, Purdue University - PU, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos da América.

<sup>7</sup>Professora Adjunta no Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Goiás (UFG), Goiânia, GO, Brasil.

<sup>8</sup>Professora Associada, Biologia Molecular e Genômica Funcional, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz - ESALQ, Piracicaba, SP, Brasil.

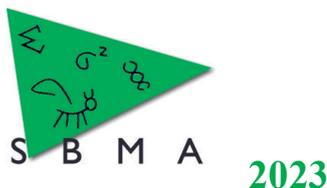
\*Autor correspondente: [mariahdurval@usp.br](mailto:mariahdurval@usp.br)

**Resumo:** O estudo da ontologia gênica (GO) a partir de informações da associação genômica entre polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) e nível de expressão gênica possui grande importância em pesquisas que buscam compreender processos metabólicos associados às características de interesse zootécnico. Diante disto, neste estudo buscou-se identificar SNP associados ao nível de expressão de genes envolvidos com processos biológicos de lipídios por meio da abordagem de identificação de eQTL (*expression Quantitative Trait Loci*) e estudo da ontologia gênica. Foram utilizadas amostras do músculo (*longissimus lumborum*) de 72 suínos, para sequenciamento do RNA total (RNA-Seq) e amostras do tecido hepático para os dados de genotipagem por meio do chip de SNP - GGP Porcine 50K. A partir dos dados de RNA-Seq foi realizada a análise de chamada de SNPs aos quais foram adicionados os dados de genotipagem, obtendo 104.699 SNP, que foram associados aos dados de expressão (RNA-Seq) de um total de 15.090 genes expressos no tecido muscular para a identificação de eQTL. Em seguida, a análise de anotação funcional no Ensembl e o enriquecimento funcional foram realizados para termos *Gene Ontology* (GO) *metabolic lipid process* por meio do *software* DAVID. Um total de 6.114 cis-eQTL (FDR 5%) foram identificados, os quais 4.921 SNP apresentaram associação ao nível de expressão de 865 genes expressos no tecido muscular. O enriquecimento funcional e a busca pelos GO identificaram 20 genes.

**Palavras-chave:** genes candidatos, genética molecular e suinocultura.

#### **EQTL and gene ontology studies identify genes associated with lipid metabolism in pigs**

**Abstract:** The study of gene ontology (GO) from information on the genomic association between single nucleotide polymorphisms (SNP) and gene expression level is of great importance in research that seeks to understand metabolic processes associated with traits of zootechnical interest. In view of this, this study sought to identify SNPs associated with the level of expression of genes involved in biological processes of lipids through the eQTL (*Expression Quantitative Trait Loci*) identification approach and the study of gene ontology. Muscle samples (*longissimus lumborum*) from 72 pigs were used for total mRNA sequencing (RNA-Seq) and liver tissue samples for genotyping data using the SNP - GGP Porcine 50K chip. From the RNA-Seq data, the SNP call analysis was performed, to which the genotyping data were added, obtaining 104,699 SNP, which were associated with the total expression data (RNA-Seq) of 15,090 genes expressed in the tissue muscle for the identification of eQTL. Then, functional annotation analysis in Ensembl and functional enrichment were performed for Gene Ontology (GO) *metabolic lipid process* terms using DAVID software. A total of 6114 cis-eQTL



(FDR 5%) were identified, of which 4921 SNPs were associated with the expression level of 865 genes expressed in muscle tissue. Functional enrichment and GO search identified 20 genes.

**Keywords:** candidate genes, molecular genetics and pig farming.

### Introdução

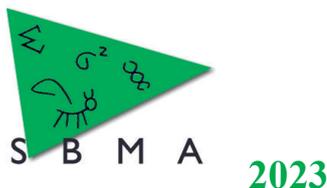
A carne suína é uma importante fonte de proteína animal e sua produção no Brasil em 2023 deverá atingir 4,455 milhões de toneladas (USDA, 2023). O músculo, o qual se transforma em carne após o processo de rigor mortis, é o tecido de maior valor na produção de suínos. Entretanto, a deposição e a composição da gordura intramuscular é uma das características econômicas e sensoriais mais relevantes, pois afeta a qualidade da carne e da gordura (perfil de ácidos graxos). Com o rápido avanço das tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS), novas informações da estrutura genética e da genômica funcional têm possibilitado a identificação de biomarcadores moleculares associados às características de interesse zootécnico e de qualidade da carne suína, como deposição e composição da gordura intramuscular. Existem vários estudos de eQTL em suínos utilizando dados de SNP e juntamente com dados de RNA-Seq, associados a estudos de ontologia gênica. Como exemplos, na população geral de suínos dinamarqueses, foram identificados eQTLs de odor de machos não castrados, associados a diversas vias, tais como a sinalização do receptor de andrógeno (DRAG *et al.*, 2007), bem como eQTLs relacionados à obesidade, associados a vias metabólicas lipídicas (KOGELMAN *et al.*, 2015). O objetivo neste estudo foi identificar SNP associados ao nível de expressão de genes envolvidos com processos biológicos de lipídios por meio da abordagem de identificação de eQTL e estudo da ontologia gênica em suínos.

### Material e Métodos

Foram utilizados 72 suínos da raça Large White, machos imunocastrados e halotano free (NN). Os animais foram abatidos com  $133,9 \pm 9,4$  kg de peso vivo e 169 dias de idade. Amostras do fígado e do músculo (*longissimus lumborum*, LL) dos animais foram coletadas no momento do abate, aproximadamente 30 minutos após a sangria, sendo congeladas imediatamente em nitrogênio líquido e armazenadas a  $-80^{\circ}\text{C}$  para as análises de genotipagem (chip de SNP - GGP Porcine 50k) e expressão gênica. A partir dos dados do RNA-Seq, foi realizada a análise de chamada de SNP. As informações obtidas foram combinadas com os dados de genotipagem. Após o controle de qualidade, um conjunto de 104.699 SNPs foi criado a partir de dados de RNA-Seq e da genotipagem com o chip de SNP. Em seguida, os SNPs foram associados aos dados de expressão gênica total (15.090 genes) e identificados os eQTL (FDR 5%) com o auxílio do pacote Matrix eQTL do programa R. O pacote Matrix eQTL permite realizar análises somente de cis-eQTLs (variantes locais), até 1 MB de distância entre a posição do SNP e do gene associado. Após a identificação dos cis-eQTLs, foram anotados por meio da ferramenta BioMart do Ensembl. Posteriormente, a análise de enriquecimento funcional de genes associados ou afetados por SNP próximos foi realizada, com o auxílio do software DAVID, utilizando as categorias de anotação GO metabolic lipid process para a espécie *Sus scrofa*.

### Resultados e Discussão

Utilizando Utilizando o pacote Matrix eQTL do software R, com 104.699 SNPs e 15.090 genes expressos, foi encontrado desse conjunto, um total de 6.114 cis-eQTL que foram associados a 866 genes diferentes com  $\text{FDR} < 0,05$ . Os quais após anotação feita pelo Ensembl, a análise de enriquecimento funcional foi realizada. Na análise de GO utilizando a categoria *metabolic lipid process* foram identificados 20 genes associados ou afetados por SNP próximos (cis-eQTL), sendo eles: PLA2G6 (5:10015233), MBTPS1 (6:4145633), LIPE (6:49405355), INPP5B (6:93743160), OMA1 (6:153949277), LACTB (1:109004117), GBA1 (4:93994200), CERS2 (4:97272518), ACSL6 (2:135088600), ALOX15 (12:51940849), SERINC2 (6:87497907), PLCD1 (13:22979643), CDIPT (3:18880510), LDLR (2:69651769), PLCXD3 (16:25816380), LRP10 (7:76474352) e CERK (5:3301495). Dos quais, o gene PLA2G6 está presente em região de ATAC-Seq, ou seja, em regiões acessíveis à cromatina e a maior parte estão localizados no cromossomo 6, sendo eles os genes MBTPS1, LIPE, INPP5B, OMA1 e SERINC2 (tabela 1). O gene LIPE é um gene de codificação de proteínas, nos animais está envolvido no controle da lipólise e no acúmulo de gordura e possui papel



ativo no metabolismo lipídico de suínos. No tecido adiposo e no coração, o gene LIPE hidrolisa sobretudo os triglicerídeos armazenados em ácidos graxos livres, enquanto nos tecidos esteroidogênicos, o gene *LIPE* transforma os ésteres de colesterol em colesterol livre, produzindo hormônios esteróides. Por outro lado, o gene *OMA1* participa do sistema de controle de qualidade na membrana interna da mitocôndria, sendo essencial para a regulação do metabolismo lipídico, bem como para manter a temperatura corporal. O gene *MBTPS1* está associado à qualidade de presuntos, além de ser responsável pela regulação do gene *SREBP-1*, que ativa a expressão de genes que codificam enzimas necessárias para o colesterol e o metabolismo de ácidos graxos (Renaville *et al.*, 2010). O gene *INPP5B* está relacionado com o metabolismo do fosfato de inositol, que são responsáveis pela produção de ésteres de inositol do ácido fosfórico. Por fim, o gene *SERINC2* participa da regulação positiva da atividade da CDP-diacilglicerol-serina O- fosfatidiltransferase, que é uma enzima envolvida no metabolismo da glicina, da serina e da treonina, bem como do metabolismo dos glicerofosfolipídios.

Tabela 1: Análise de ontologia gênica e suas funções identificadas para os genes localizados no cromossomo 6

Gene <sup>1</sup>	P-value <sup>2</sup>	Função <sup>3</sup>	SNP <sup>4</sup>
MBTPS1	9.42E-06	Fator de transcrição ligado à membrana peptidase	6:4145633
LIPE	9.05E-05	Lipase E, tipo sensível a hormônio	6:49405214
OMA1	3.17E-05	Zinco metalopeptidase	6:153949277
SERINC2	2.25E-05	Incorporador de serina 2	6:87497907

<sup>1</sup>Gene - nome dos genes; <sup>2</sup>P-value – p5%; <sup>3</sup>Função; <sup>4</sup>SNP – Polimorfismo de nucleotídeo único

### Conclusão

Neste estudo, associamos os dados de cis-eQTL e termos GO *metabolic lipid process*, e realizamos análise de enriquecimento funcional, o que permitiu a identificação de SNP associados ao nível de expressão de genes associados aos lipídios. A análise de ontologia gênica revelou vários genes eQTLs associados a características e vias ontológicas altamente relevantes para o entendimento dos processos biológicos envolvidos com o metabolismo de lipídios em suínos, sendo potenciais marcadores causais candidatos.

### Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código 001, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) 2017/25180-2, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) 202110267000074 e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

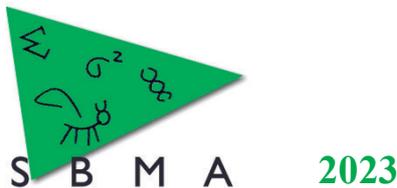
### Literatura citada

Drag, M., Hansen, M. B., & Kadarmideen, H. N. (2018). Systems genomics study reveals expression quantitative trait loci, regulator genes and pathways associated with boar taint in pigs. *PLoS One*, 13(2), e0192673.

Kogelman, L. J., Zhernakova, D. V., Westra, H. J., Cirera, S., Fredholm, M., Franke, L., & Kadarmideen, H. N. (2015). An integrative systems genetics approach reveals potential causal genes and pathways related to obesity. *Genome medicine*, 7(1), 1-15.

Renaville, B., Piasentier, E., Fan, B., Vitale, M., Prandi, A., & Rothschild, M. F. (2010). Candidate gene markers involved in San Daniele ham quality. *Meat science*, 85(3), 441-445.

USDA – United States Department of Agriculture. PDS Online: Livestock and Poultry. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/downloads>. Acesso em: 25 de abril de 2023.



## Impacto de diferentes tamanhos efetivos da população na acurácia e viés de predição: um estudo de simulação

Izally Carvalho Gervásio<sup>1</sup>, Simone Fernanda Nedel Pertile<sup>2</sup>, Mayara Salvian<sup>1</sup>, Leila de Genova Gaya<sup>3</sup>, Fabrício Pilonetto<sup>1</sup>, Giovanni Coelho Ladeira<sup>1</sup>, Aline Silva Mello César<sup>1</sup>, Juliana Petrini<sup>1</sup> and Gerson Barreto Mourão<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ/ USP, Campus Universitário, CEP 13418-260, Piracicaba, SP; Brasil.

<sup>2</sup> Universidade Norte do Paraná, PR-218, km 1, Jardim Aeroporto, 86702-670, Araçongas, PR, Brasil.

<sup>3</sup> Universidade Federal de São João del Rei, campus Tancredo Neves, Departamento de Zootecnia, Av. Prof. Visconde do Rio Preto sem número, São João del Rei, MG; Brasil<sup>1</sup>

\*Autor correspondente: [gbmourao@usp.br](mailto:gbmourao@usp.br)

**Resumo:** A seleção genômica é uma ferramenta importante para o melhoramento genético de animais, e estudos de simulação podem auxiliar na compreensão das estratégias de programas de melhoramento. Este estudo utilizou o método ssGBLUP (single step genomic best linear unbiased prediction) para avaliar a influência do tamanho efetivo da população na acurácia e no viés de predição genômica. Foram simulados genótipos para 16.000, 6.400 e 3.200 indivíduos, considerando 408 QTL distribuídos nos 34 cromossomos autossômicos, em 10 replicatas. As características simuladas apresentavam herdabilidades de 0,15, 0,30 e 0,45 e variância fenotípica de 1,0. As correlações entre os valores genéticos verdadeiros (TBVs) e os valores genéticos estimados (GEBVs) variaram de 0,45 (Ne=64) a 0,90 (Ne=320). No entanto, os coeficientes de regressão estimados dos fenótipos simulados a partir dos GEBVs mostraram valores inferiores a 1 para a maioria dos Ne, indicando que os GEBVs foram superestimados, exceto para Ne=320 e herdabilidade de 0,45. Portanto, reduções no tamanho efetivo da população abaixo de 64 podem afetar negativamente a acurácia e o viés de predição genômica, especialmente para características de baixa herdabilidade. Os resultados são sugestivos de que é necessário considerar cuidadosamente o tamanho da população para obter predições genômicas precisas e evitar erros de seleção. Esta informação pode ser útil para aprimorar os programas de melhoramento genético de animais.

**Palavras-chave:** melhoramento genético, seleção genômica, ssgblup, valores genéticos estimados

### Impact of different effective population sizes on accuracy and bias of prediction: a simulation study

**Abstract:** Genomic selection has been widely used in animal breeding, and simulation studies are conducted for a better understanding of breeding program strategies in a fast, accurate, and economically feasible manner. Therefore, it was possible to verify the influence of different effective population sizes on the accuracy and bias of genomic prediction. Genotypes for 16,000, 6,400, and 3,200 individuals, at high density and 408 QTL distributed among the 34 autosomal chromosomes, were simulated. The entire simulation process was performed in 10 replicates and considering traits with heritabilities of 0.15, 0.30, and 0.45, and phenotypic variance of 1.0. The correlations between TBVs and GEBVs varied from 0.45 (Ne=64) to 0.90 (Ne=320). However, the estimated regression coefficients of the simulated phenotypes from GEBVs using the ssGBLUP (single-step genomic best linear unbiased prediction) method showed values lower than 1 for most of the Ne, indicating that the GEBVs were overestimated, with no bias occurring only for Ne=320 and heritability of 0.45. Therefore, decreasing the effective population size to values below 64 may negatively affect the accuracy and bias of genomic prediction, especially for low heritability traits.

**Keywords:** genetic improvement, genomic selection, ssgblup, estimated genetic values

### Introdução

A seleção genômica tem sido amplamente utilizada na criação de animais nos últimos anos, proporcionando um aumento significativo no ganho genético, precisão da predição dos valores genéticos (EBVs) e aceleração dos ciclos de reprodução (Zhang et al., 2019). No entanto, a precisão da predição é influenciada por vários fatores, incluindo a herdabilidade das características e a metodologia utilizada para a predição genômica, sendo o tamanho efetivo da população (Ne) um dos principais fatores (De Los Campos et al., 2013). O Ne é um parâmetro importante para a biologia evolutiva, melhoramento genético e genética de conservação das espécies, uma vez que sua grandeza reflete a deriva genética e a endogamia ocorrida na população, e depende da estrutura demográfica e



do esquema de seleção que afetou a população (Novo et al., 2022). Nesse contexto, este estudo tem como objetivo avaliar os efeitos de diferentes tamanhos efetivos de população na acurácia e o viés de predição obtidos via ssGBLUP, utilizando dados simulados de aves.

### Material e Métodos

As três populações foram simuladas utilizando o software QMSim versão 2.0 (Sargolzaei; Schenkel, 2009), resultando em um total de 80 gerações. As 15 gerações mais recentes de cada população, que continham 48.000, 19.200 e 9.600 animais, foram analisadas. Para cada população, genótipos foram simulados para 16.000, 6.400 e 3.200 indivíduos, respectivamente, contendo 600.012 marcadores do tipo SNP e 408 QTL distribuídos entre os 38 pares de cromossomos autossomos. O processo de simulação foi realizado em 10 replicatas, considerando características com herdabilidades de 0,15, 0,30 e 0,45 e variância fenotípica de 1,0. A taxa de substituição de reprodutores e matrizes foi mantida constante em 100% ao longo das 80 gerações, o critério de descarte foi a idade e o critério de seleção foi aleatório (40 gerações), fenotípico (25 gerações) e valores genéticos estimados (EBVs) por 15 gerações, ao longo dos 80 anos. O valor genético verdadeiro (TBV) de cada indivíduo foi calculado como a soma dos efeitos de substituição alélica no QTL. Os fenótipos foram gerados pela adição de um resíduo ao TBV. Três populações de tamanhos efetivos diferentes (320, 128 e 64) foram simuladas. Os animais jovens genotipados e sem pedigree e fenótipos desconhecidos foram considerados grupo de validação (geração 80), enquanto que indivíduos das quatro gerações anteriores foram utilizados para treinamento (gerações 76 a 79), considerando reprodutores e matrizes genotipados e com progênie. A acurácia de predição foi obtida pela correlação ( $r$ ) entre TBVs e GEBVs ( $cor(TBV, GEBV)$ ). O viés dos GEBVs foi calculado pelo coeficiente de regressão dos fenótipos simulados, que foram centralizados com a adição de uma coluna de "uns" e os valores de GEBVs ( $b(fen, GEBV)$ ). Foram utilizadas as médias e os erros-padrão das 10 replicatas do processo de simulação. As análises foram realizadas via ssGBLUP (single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction) utilizando o software R.

### Resultados e Discussão

A predição genômica é influenciada pelo tamanho efetivo da população ( $N_e$ ). Assim, a diminuição dos tamanhos efetivos simulados neste estudo resultou na diminuição da correlação entre os valores verdadeiros de base (TBVs) e os valores genéticos estimados (GEBVs). Como resultado, ocorreu um aumento nos valores de correlação entre os três coeficientes de herdabilidade simulados, conforme demonstrado na Tabela 1.

Tabela 1. Acurácia de predição (média e erro padrão) do grupo de validação para os três cenários e coeficientes de herdabilidades simulados.

Método	Cenários ( $N_e$ )	Herdabilidade ( $h^2$ )		
		0,15	0,30	0,45
ssGBLUP ( $r_2$ )	320	0,83(0,091)	0,87(0,110)	0,90(0,067)
	128	0,77(0,082)	0,80(0,079)	0,81(0,078)
	64	0,45(0,174)	0,47(0,068)	0,54(0,096)

Correlação entre TBV (true breeding value) e GEBV (genomic estimated breeding value); Estes são resultados médios (erros-padrão) de dez replicatas de cada cenário;  $N_e$ : Tamanho efetivo da população.

Em um estudo anterior, Hayes et al. (2009a) relataram que, para uma população com tamanho efetivo de 100, seriam necessários 12.474 indivíduos com genótipos e fenótipos conhecidos para prever GEBVs de indivíduos não fenotipados na mesma população com uma acurácia de 0,70. Portanto, as correlações para o  $N_e=320$  foram maiores, pois o número de animais com fenótipos e genótipos conhecidos na população de treinamento é de 16.000 indivíduos. Além disso, baixos coeficientes de herdabilidade também podem levar a uma diminuição na acurácia, pois a diferença entre a variância fenotípica e a variância dos efeitos de locos de caracteres quantitativos (QTLs) aumenta, bem como o número de segmentos cromossômicos efetivos. Em relação ao viés de predição, valores de coeficientes de regressão menores que 1 podem significar a superestimação dos GEBVs, enquanto estimativas de regressão próximas a 1 podem indicar que o preditor é não viesado. Nossos resultados apontam que os GEBVs estimados para populações com coeficientes de herdabilidade menores (0,15) podem estar superestimados, enquanto as predições para o  $N_e=320$  e herdabilidades de 0,45 não estariam viesadas, pois apresentaram um coeficiente de regressão de 1,05 (Tabela 2).

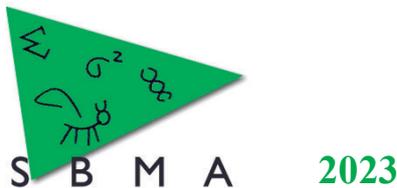


Tabela 2. Viés de predição (média e erro padrão) do grupo de validação dos três cenários e coeficientes de herdabilidade simulados.

Método	Cenários (Ne)	Herdabilidade ( $h^2$ )		
		0,15	0,30	0,45
ssGBLUP ( $b_2$ )	320	0,77(0,005)	0,80(0,027)	1,05(0,034)
	128	0,80(0,008)	0,83(0,010)	0,99(0,010)
	64	0,81(0,012)	0,90(0,007)	0,98(0,027)

$Ne$ : Tamanho efetivo da população;  $b_2$  ( $fen, GEBV$ ) coeficientes de regressão dos fenótipos simulados nos GEBV (estimated genomic breeding value).

Portanto, este trabalho demonstrou que a predição genômica pode ser influenciada pelo tamanho efetivo da população, pelo número de indivíduos da população de treinamento, pelo coeficiente de herdabilidades da característica, bem como pelo relacionamento entre a população de treinamento e de validação, pelo desequilíbrio de ligação entre marcadores e QTLs, pela densidade de marcadores utilizada e pelo número de QTLs, como relatado por outros trabalhos (Van den Berg et al., 2019). É importante considerar esses fatores ao realizar predições genômicas precisas.

#### Conclusão

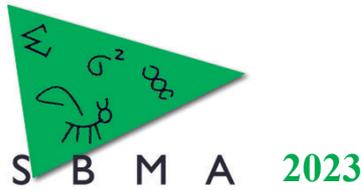
Em suma, o tamanho efetivo da população exerce uma grande influência na acurácia e no viés da predição genômica, principalmente para características com baixa herdabilidade. Verificou-se que valores abaixo de 64 indivíduos podem afetar negativamente a acurácia da predição genômica. Portanto, é importante considerar o tamanho efetivo da população na escolha do modelo de predição e na definição do tamanho da população de treinamento, visando garantir uma predição genômica mais precisa e confiável. Além disso, outros fatores, como o relacionamento entre as populações de treinamento e validação, o desequilíbrio de ligação entre marcadores e QTLs, a densidade de marcadores e o número de QTLs, também devem ser considerados na realização de estudos de predição genômica.

#### Agradecimentos

Este trabalho foi apoiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), através das bolsas de pesquisa concedidas aos autores.

#### Literatura citada

- De Los Campos, G., Hickey, J. M., Pong-Wong, R., Daetwyler, H. D., & Calus, M. P. 2013. Whole-genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. **Genetics**, 193(2), 327-345.
- Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. C., Verbyla, K., & Goddard, M. E. 2009. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, 41(1), 1-9.
- Novo I, Santiago E, Caballero A. 2022. The estimates of effective population size based on linkage disequilibrium are virtually unaffected by natural selection. **PLoS Genetics**. 18(1): e1009764.
- Sargolzaei, M.; Schenkel, F. S. 2009. QMSim: A large-scale genome simulator for livestock. **Bioinformatics**, v. 25, n. 5, p. 680–681.
- Van den Berg, I., Meuwissen, T. H. E., MacLeod, I. M., & Goddard, M. E. 2019. Predicting the effect of reference population on the accuracy of within, across, and multibreed genomic prediction. **Journal of dairy science**, 102(4), 3155-317.
- Zhang, H., Yin, L., Wang, M., Yuan, X., & Liu, X. 2019. Factors affecting the accuracy of genomic selection for agricultural economic traits in maize, cattle, and pig populations. **Frontiers in genetics**, 10, 189.



### Parâmetros Genéticos para Torção do Mesentério em Suínos

Suelen Fernandes Padilha<sup>1\*</sup>, Amauri Felipe Evangelista<sup>2</sup>, Luis Orlando Duitama Carreño<sup>3</sup>, Marcelo Silva de Freitas<sup>3</sup>, Jader Silva Lopes<sup>3</sup>, Adriana Mércia Guaratini Ibelli<sup>4</sup>, Marcos Antônio Zanella Morés<sup>4</sup>, Maurício Egídio Cantão<sup>4</sup>, Mônica Corrêa Ledur<sup>4</sup>, Laila Talarico Dias<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil

<sup>2</sup>Doutor em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil

<sup>3</sup>BRF SA, Curitiba, PR, Brasil

<sup>4</sup>Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

<sup>5</sup>Professora Associada ao Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

\*Autor correspondente: [suelenfpadilha7@gmail.com](mailto:suelenfpadilha7@gmail.com)

**Resumo:** A torção do mesentério (TM) é uma patologia economicamente relevante por acometer suínos de crescimento rápido, além de estar relacionada à morte súbita. Portanto, o objetivo foi estimar a herdabilidade para TM e as correlações genéticas ( $r_g$ ) entre TM e as características de desempenho em suínos. Foram utilizadas informações fenotípicas (TM e peso a desmama (PD)), pedigree, genótipos e os valores genéticos genômicos para as características: TM, dias para atingir 110 kg (D110), conversão alimentar e espessura de toucinho ajustadas para 110 kg (CA110 e ET110, respectivamente). No modelo, foram considerados como fixos, os efeitos de grupo contemporâneo e a covariável peso a desmama e, como aleatório, o efeito genético aditivo direto. As estimativas de herdabilidade (pedigree e genômica) foram de baixa magnitude. As  $r_g$  entre TM e D110 e TM e CA110 foram de moderada magnitude e entre TM e ET110 foi de baixa magnitude, sendo todas positivas. Conclui-se que há variabilidade genética para TM e que a seleção para diminuir dias para atingir 110 kg e a conversão alimentar, levará a redução dos casos de TM na população estudada.

**Palavras-chave:** herdabilidade, morte súbita, síndrome hemorrágica do intestino, vólvulo intestinal.

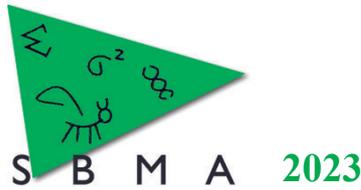
### Genetic Parameters for Mesentery Torsion in Pigs

**Abstract:** Torsion of the mesentery (MT) is an economically relevant pathology because it affects fast-growing pigs and is related to sudden death. The aim of this study was to estimate the heritability for MT and the genetic correlation ( $r_g$ ) between MT and growth traits in pigs. Phenotypic (MT and weaning weight (WW)), pedigree, genotypes and genomic breeding values information for the traits: MT, days to 110 kg (D110), feed conversion and backfat thickness adjusted for 110 kg (FC110 and BT110, respectively) were used to proceed the analysis. In the model, contemporary group and the covariate weaning weight were considered as fixed effects, and the direct additive genetic effect as random. The heritability estimates (pedigree and genomics) were low. The  $r_g$  between MT and D110 and MT and FC110 were of moderate magnitude and between MT and BT110 was low, being all of them positive. We conclude that there is genetic variability for MT and the selection to reduce days to 110 kg and feed conversion will lead to a reduction in MT cases in the population studied.

**Keywords:** heritability, hemorrhagic bowel syndrome, intestinal volvulus, sudden death.

### Introdução

Na suinocultura, a torção do mesentério (TM) é definida como a torção total ou parcial dos intestinos, o que causa a interrupção do fluxo sanguíneo, distensão abdominal e morte súbita dos animais, por isso, é considerada economicamente relevante, pois acomete suínos de crescimento rápido e próximo ao peso de abate (Labuscagne et al., 2012; Thomson e Friendship, 2019). Há diversos fatores que podem predispor a TM e, embora seja uma patologia conhecida, sua etiologia e patogênese ainda não foram bem esclarecidas (Grafhofer et al., 2017). A TM é influenciada por fatores ambientais, porém, há poucos trabalhos na literatura que relatam sobre a importância dos efeitos genéticos sobre a característica, ou ainda, se a mesma é passível de seleção. Sendo assim, o objetivo deste estudo foi estimar a herdabilidade



por pedigree e genômica para esta patologia e a correlação genética entre a TM e algumas características de desempenho em suínos.

### Material e Métodos

Foram utilizados quatro bancos de dados de suínos de uma granja núcleo, localizada no estado de Santa Catarina, Brasil. O primeiro banco de dados contou com registros de data de nascimento e desmame, grupo contemporâneo (GC: composto por sexo, ano e semana de desmame), peso a desmama (PD) e torção mesentérica (0 para normal e 1 para afetado por TM) de 40.511 suínos, nascidos entre 2011 e 2022. No segundo arquivo havia informações do pedigree de 160.685 animais e o terceiro continha valores genéticos genômicos (VGGs) de 120.674 animais para as seguintes características: dias para atingir 110 kg (D110), conversão alimentar e espessura de toucinho ajustadas para 110 kg (CA110 e ET110, respectivamente). O quarto arquivo era composto por 405 suínos (267 normais e 138 afetados) genotipados com o painel GGP Porcine 50K SNP BeadChip (Neogen Genomics® –Lincon, NE, USA). No controle de qualidade foram removidas amostras e SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) com *call rate* < 0,90, SNPs monomórficos e com frequência alélica mínima (MAF) < 0,05, além de animais com divergência na matriz de parentesco; restando 397 amostras e 40.545 SNPs para as análises posteriores.

Os componentes de (co)variância e coeficientes de herdabilidade (baseados em pedigree e genômica) foram estimados pelo pacote GIBBSF90+ (<http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php>), por meio do modelo matricial apresentado a seguir:

$$y = X\beta + Za + e$$

Em que:  $y$  = vetor de observações fenotípicas (TM) e genômicas;  $\beta$  = vetor de efeitos fixos (GC e linear da covariável PD);  $a$  = vetor de efeito genético aditivo ( $u$  para estimativa genômica);  $X$  e  $Z$  = matrizes de incidência associadas à  $\beta$  e  $a/u$ , respectivamente;  $e$  = vetor de efeitos residuais.

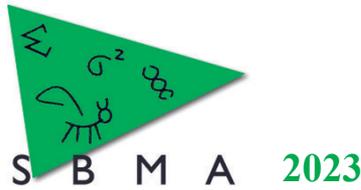
Como grande parte dos animais afetados por TM não apresentavam fenótipos para D110, CA110 e ET110, uma vez que morriam antes das mensurações serem feitas, as correlações genéticas foram estimadas por meio da correlação de Pearson entre os VGG para essas características (concedidos pela empresa) e os VGG para TM estimados no BLUPF90+ (<http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php>). As correlações genéticas entre TM, D110, CA110 e ET110 foram estimadas pelo procedimento COR.TEST no Rstudio (v.4.2.2, disponível em: [www.R-project.org/](http://www.R-project.org/)).

### Resultados e Discussão

O número de casos de TM foi de 1.418 em relação ao número total de animais 40.511 existentes no banco de dados e a frequência média anual de ocorrência de TM no rebanho de 2,49%. Piva et al. (2020), ao estudarem as causas de mortalidade em suínos nas fases de crescimento e terminação, relataram ocorrência de 3,64% de TM e concluíram que o principal fator de risco foi a alimentação e os hábitos alimentares dos suínos nessas fases de criação.

As estimativas de herdabilidade (pedigree e genômica) foram de baixa magnitude ( $0,12 \pm 0,02$ ), indicando que, embora haja variabilidade genética, grande parte da variação para TM deve-se à variância ambiental. Características de saúde normalmente apresentam coeficientes de herdabilidade de baixa a moderada magnitude visto que são muito influenciadas por fatores ambientais, ainda assim, a seleção pode ser realizada (Hu et al., 2020).

A correlação genética entre TM x ET110 foi próxima da nulidade (0,05), positiva e significativa ( $P < 0,001$ ). Já, as correlações genéticas estimadas entre TM x D110 e TM x CA110 foram moderadas, positivas (0,26 e 0,27, respectivamente) e significativas ( $P < 0,001$ ), indicando associação genética favorável entre essas características. Dessa forma, suínos menos eficientes, que levam mais tempo para atingir 110 kg e que apresentam pior conversão alimentar têm maior probabilidade de desenvolver TM. Possivelmente, dentre os suínos de crescimento rápido, aqueles que consomem mais alimento para atingir 110kg apresentem uma microbiota intestinal favorável a produção de gases em consequência da ingestão de substâncias altamente fermentáveis, favorecendo assim o desenvolvimento de torção do mesentério. Ainda, segundo Ferreira et al. (2014), à medida que a idade avança, a deposição de proteína na carcaça diminui e a de gordura aumenta, desse modo, os animais consomem maior quantidade de alimento, ganham mais peso e apresentam pior conversão alimentar devido a menor deposição de carne magra. Por



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

isso, animais que apresentam pior conversão alimentar, além de menos eficientes, podem estar mais predispostos a desenvolver a patologia.

#### Conclusão

Há variabilidade genética para torção do mesentério, embora grande parte da variação deve-se à variância ambiental. A seleção para melhorar a conversão alimentar e diminuir a idade para atingir 110 Kg levará a uma redução da ocorrência de torção do mesentério. No entanto, a seleção para diminuir espessura de toucinho não resultará em resposta correlacionada para esta patologia em suínos.

#### Agradecimentos

Ao CNPq pelo financiamento do projeto (número do processo: 407489/2018-5) e pela bolsa PQ concedida a MCL e AMGI. À CAPES pelo apoio para a realização da revisão de literatura (código de financiamento 001) e pela concessão da bolsa para o desenvolvimento desta pesquisa.

#### Literatura citada

Ferreira, A.H. 2014. **Produção de suínos: teoria e prática**. (1st Edition). Brasília: Associação Brasileira dos Criadores de Suínos (ABCS).

Grahofer, A.; Gurtner, C. & Nathues, H. 2017. Haemorrhagic bowel syndrome in fattening pigs. **Porcine health management**, 3, 1-6.

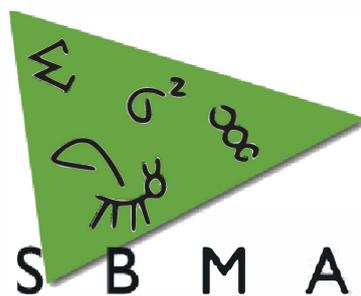
Hu, G.; Do, D.N.; Gray, J. & Miar, Y. 2020. Selection for favorable health traits: a potential approach to cope with diseases in farm animals. **Animals**, 10, 1717.

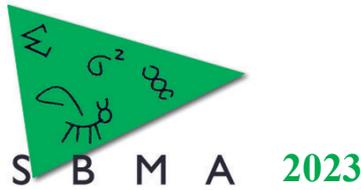
Labuscagne, A.; Spencer, B. T.; Picard, J. A. & Williams, M. C. 2012. An investigation to determine the cause of haemorrhagic enteritis in commercial pig grower units in the northern parts of South Africa. **Journal of the South African Veterinary Association**, 83, 1-6.

Piva, M.M.; Schwertz, C.I.; Bianchi, R.M.; Kemper, R.T.; Henker, L.C.; Nagae, R.Y.; Cê, T.R.M.; Barcellos, D.E.S.N.; Driemeier, D. & Pavarini, S.P. 2020. Causes of death in growing-finishing pigs in two technified farms in southern Brazil. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, 40, 758-775.

Thomson, J.R. & Friendship, R.M. 2019. **Digestive system**. In: Jeffrey, J. Z.; Locke, A. K.; Alejandro, R.; Kent, J. S.; Gregory, W. S.; Jianqiang, Z. (Eds.), Diseases of swine. 11ed. (pp. 234-263), John Wiley & Sons, Inc.

# Bovinos de Corte





**Índice de seleção com componentes principais considerando reprodução e pesos ou ganhos de peso diário em bovinos Blanco Orejinegro**

González-Herrera Luis G<sup>1\*</sup>, Misas Vargas Susana<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Produção Animal, Grupo de Pesquisa em Biodiversidad y genética Molecular (BIOGEM), Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín (UNAL), Medellín, Antioquia, Colômbia.

<sup>2</sup>Estudante de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín (UNAL), Medellín, Antioquia, Colômbia.

\*Autor correspondente: [luggonzalezhe@unal.edu.co](mailto:luggonzalezhe@unal.edu.co)

**Resumo:** A origem do gado Blanco Orejinegro data do século XV; estes animais são descendentes de gados trazidos pelos conquistadores; é uma raça de tamanho médio, com pele, orelhas e mucosas bem pigmentadas, sendo um animal muito adaptado ao trópico e com bom desempenho em pastagem. O uso de índices de seleção permite selecionar animais com alto mérito genético de maneira equilibrada para várias características. Objetivou-se identificar a melhor maneira de estabelecer um índice de seleção com componentes principais considerando valores genéticos para intervalo de partos e pesos a idades padrão ou intervalo de partos e ganhos de peso diária em bovinos Blanco Orejinegro. Foram analisados registros de 571 animais e obtidos parâmetros e valores genéticos para características de crescimento e intervalo de partos mediante um modelo animal unicaracter. Foram construídos dois índices por componentes principais (ICP); O ICP1 utilizou informação de intervalo de partos (IDP) e pesagens a idades específicas dos animais. O ICP2, utilizou o IDP e ganhos diários de peso. Para definir o ICP a ser utilizado na seleção de reprodutores, estimou-se o ganho genético para cada característica. O ICP1 conformado por três componentes principais explica o 80,45% da variabilidade total; o ICP2 conformado por dois componentes principais explica o 80,44% da variabilidade total e é o índice que apresenta maior ganho genético para todas as características, sendo uma ferramenta eficiente na obtenção de ganho genético favorável em um rebanho BON para crescimento e reprodução.

**Palavras-chave:** crescimento, ganho genético, recursos bovinos crioulos, reprodução.

**Selection index with main components considering reproduction and weight or daily weight gains in Blanco Orejinegro cattle**

**Abstract:** The origin of the Blanco Orejinegro cattle dates back to the 15th century; these animals are descendants of cattle brought by the conquerors; It is a medium-sized breed, with well-pigmented skin, ears and mucous membranes, being an animal highly adapted to the tropics and with a high grazing capacity. The use of selection indices allows to select animals with high genetic merit in a balanced way for several traits. The objective was to identify the best way to establish a selection index with principal components considering genetic values for calving interval and weights at standard ages or calving interval and daily weight gain in Blanco Orejinegro cattle. Records of 571 animals were analyzed, obtaining parameters and genetic values for growth traits and calving interval using a single-character animal model. Two principal component indices (ICP) were constructed; the ICP1 used information on the interval calving interval (CI) and weightings at specific ages of the animals. The ICP2 used the CI and daily weight gains. To define the ICP to be used in breeding selection, the genetic gain for each trait was estimated. The ICP1 made up of three main components explains 80,45% of the total variability; ICP2, made up of two main components, explains 80,44% of the total variability and is the index that presents the greatest genetic gain for all traits, being an efficient tool to obtain favorable genetic gain in a BON herd for growth and reproduction.

**Keywords:** growth, genetic gain, creole bovine resources, reproduction.

**Introdução**

Nos últimos anos, o número de animais da raça crioula colombiana Blanco Orejinegro tem aumentado; muitos criadores fazem cruzamentos com outras raças introduzidas no país, melhorando adaptação e resistência dos animais. A análise de componentes principais (CP) reduz a dimensionalidade

de um conjunto de variáveis correlacionadas e permite criar índices de seleção (IS) para selecionar animais de alto mérito genético de maneira equilibrada. Objetivou-se identificar a melhor maneira de estabelecer um índice de seleção com componentes principais a partir de valores genéticos para intervalo de partos e pesos a idades padrão ou intervalo de partos e ganhos de peso diária em bovinos Blanco Orejinegro.

### Materiais e Métodos

Foi utilizada informação produtiva e genealógica de 571 animais pertencente a um rebanho localizado em La Virginia, Risaralda, Colômbia. Foram obtidos parâmetros e valores genéticos utilizando um modelo animal univariado incluindo os efeitos genéticos direto e materno para peso ao nascimento (Pn), à desmama (Pd), ganho de peso diária entre o nascimento e desmama (Gpd), ganho de peso diária entre desmama e 365 dias de idade (Gpa) e unicamente efeitos genéticos diretos para peso aos 365 dias de idade (Pa) e intervalo de partos (IDP), utilizando o software MTDf. Foram construídos dois índices com componentes principais (ICP) a partir de valores genéticos preditos. O ICP1 incluindo Pn, Pd, Pa e IDP e o ICP2 incluindo Gpd, Gpa e IDP. O valor do IS se estima mediante somatório da multiplicação dos valores genéticos vezes os ponderadores gerados na análise de CP. Foi considerado o critério de Kaiser (1960) para identificar o número de CP a ser utilizados. O ICP indicado na seleção de reprodutores foi aquele que mostrou maior ganho genético ( $\Delta G$ ) em uma geração para cada característica, utilizando a seguinte equação:

$$\Delta G = \sqrt{n} * a * h^2 * ib * \sqrt{\sigma p^2}$$

Onde,  $\Delta G$ : ganho genético para cada característica; n: número de características incluídas no índice; a: ponderador relativo para cada característica;  $h^2$ : herdabilidade da característica; ib: intensidade de seleção médio para machos e fêmeas;  $\sigma^2 p$ : variância fenotípica da característica. O  $a$  corresponde ao somatório da multiplicação da carga fatorial de cada variável dentro de cada CP vezes a explicação em porcentagem da variabilidade explicada por cada CP (a porcentagem deve somar 100%).

### Resultados e Discussão

No ICP1 os três primeiros CP explicam o 80,45% da variabilidade total, representada por Pn efeito materno, Pd efeito direto, IDP e Pa no CP1; Pn efeito direto no CP2 e Pd efeito materno no CP3 (Figura 1.); No ICP2, os dois primeiros CP explicam o 80,44% da variabilidade total, representada por Gpd efeito direto, Gpa efeito direto e IDP no CP1; Gpd efeito materno e Gpa efeito materno no CP2 (Figura 2.). Similar ao reportado por Agudelo (2015), o efeito materno apresentou ganho genético positivo nos ICP utilizados. O ICP2 permite maior ganho genético para todas as características (Tabela 1). No estudo realizado por Ramírez et al. (2021), os IS utilizados incluindo características de crescimento, foram uma ferramenta eficiente para poder obter ganho genético favorável para estas características na raça BON, similar ao observado no presente estudo.

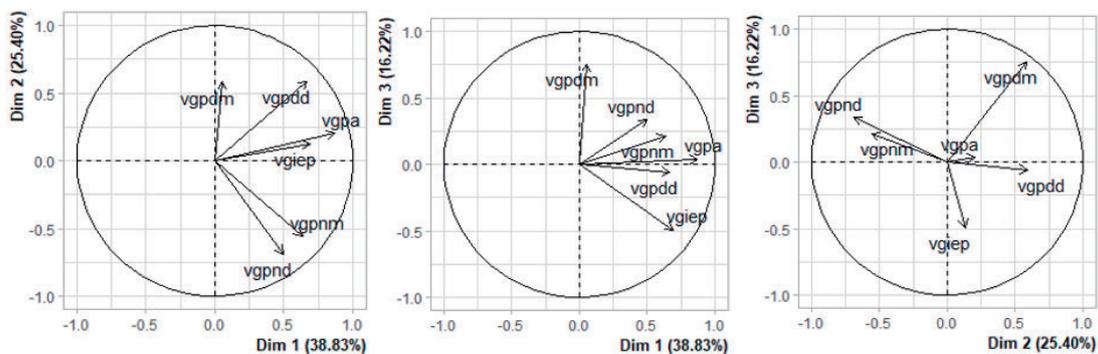


Figura 1. Distribuição das variáveis nos três primeiros componentes principais da análise considerando medidas de peso padrão.

Vg: valor genético, pnd: peso ao nascimento efeito direto, pnm: peso ao nascimento efeito materno, pdd: peso à desmama efeito direto, pdm: peso à desmama efeito materno, pa: peso aos 365 dias de idade, iep: intervalo de partos.

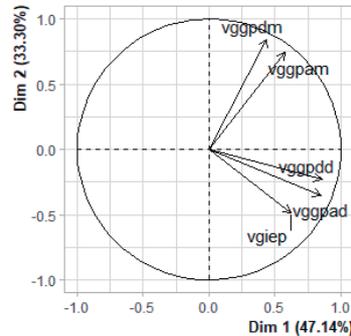


Figura 2. Distribuição das variáveis nos dois primeiros componentes principais da análise considerando ganhos de peso diária.

Vg: valor genético, gpdd: ganho diária de peso entre nascimento e desmama efeito direto, gpdm: ganho diária de peso entre nascimento e desmama efeito materno, gpad: ganho diária de peso entre desmama e ano de idade efeito direto, gpam ganho diária de peso entre desmama e ano de idade efeito materno, iep: intervalo de partos.

Tabela 1. Ganho genético estimado em unidades da característica para cada uma das características avaliadas nos índices de seleção.

ICP 1		ICP 2	
Característica	PG	Característica	PG
Peso ao nascimento efeito direto	0,386	Ganho diária de peso entre nascimento e desmama efeito direto	39,747
Peso ao nascimento efeito materno	0,238	Ganho diária de peso entre nascimento e desmama efeito materno	14,649
Peso à desmama efeito direto	13,790	Ganho diária de peso entre desmama e os 365 dias de idade efeito direto	31,872
Peso à desmama efeito materno	2,175	ganho diária de peso entre desmama e os 365 dias de idade efeito materno.	42,193
Intervalo de partos	13,156	Intervalo de partos	6,372
Peso aos 365 dias de idade	24,18		

PG: ganho genético.

### Conclusão

A expressão das características de peso como ganhos diárias de peso permite maior ganho genético com o uso de um índice de componentes principais na raça Blanco Orejinegro.

### Agradecimientos

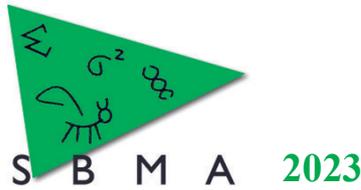
À fazenda Bohemia por facilitar a informação para realizar as análises.

### Literatura citada

Kaiser, H.F. 1960. The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and Psychological Measurement**, 20(1): 141–151.

Agudelo, D.A.G. 2015. **Evaluación de características de importancia económica en un programa de mejora genética de búfalos doble propósito en Colombia**. Medellín: UdeA, 77 f. Tesis (Doctorado en Genética y Mejoramiento Animal) – Programa de posgrado en Ciencias Animales, Universidad de Antioquia, Medellín, 2015.

Ramirez T.E., Barreto G.M., Martínez R.A.S., Cerón M.F.M. (2021). Genetic selection indices for growth traits in Blanco-Orejinegro cattle. **Translational Animal Science**, 5, 133.



### **Análise funcional de genes para características indicadoras de eficiência alimentar em bovinos Nelore**

Cláudio Ulhoa Magnabosco<sup>1\*</sup>, Fernando Baldi<sup>2</sup>, Fernando Brito Lopes<sup>3</sup>, Nedenia Bonvino Stafuzza<sup>4</sup>, Raysildo Barbosa Lobo<sup>5</sup>, Byanka Bueno Soares<sup>6</sup>, Larissa Bordin Temp<sup>2</sup>, Ludmilla Costa Brunet<sup>1,7</sup>

<sup>1</sup>Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Cobb-Vantress, Siloam Springs, Arkansas, Estados Unidos.

<sup>4</sup>Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

<sup>5</sup>Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

<sup>6</sup>Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária e Zootecnia, UFG, Goiânia, GO, Brasil.

<sup>7</sup>Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

\*Autor correspondente: [claudio.magnabosco@embrapa.br](mailto:claudio.magnabosco@embrapa.br)

**Resumo:** Objetivou-se realizar uma análise funcional a partir de genes identificados associados a características indicadoras de eficiência alimentar em bovinos Nelore. Foram utilizadas informações de 4.329 animais para consumo alimentar residual (CAR), ganho em peso residual (GPR) e consumo e ganho em peso residual (CGR) fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. A identificação de regiões genômicas que explicaram mais que 0,5% da variância genética aditiva foi realizada com auxílio da ferramenta Biomart e DAVID. A análise de enriquecimento funcional revelou 21 processos biológicos, seis funções moleculares, cinco componentes celular e cinco vias KEGG. Essas vias estavam associadas ao comportamento alimentar, saciedade, respostas ao estresse, deposição de massa magra, metabolismo energético, gliconeogênese e glicogenólise, homeostase do músculo esquelético, lipólise, adipogênese, sistema gustativo, canais de sódio e potássio. Os genes estavam relacionados ao metabolismo de insulina, leptina, glicose, proteína e lipídeo, sistema *zinc fingers*, processos digestivos e salivação. A identificação desses genes, vias e suas respectivas funções devem contribuir para uma melhor compreensão dos mecanismos genéticos e fisiológicos que regulam as características relacionadas a eficiência alimentar em bovinos Nelore.

**Palavras-chave:** *Bos indicus*, consumo alimentar residual, consumo e ganho residual, enriquecimento genômico, ganho em peso residual, processos biológicos.

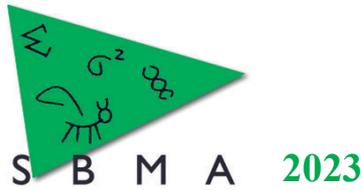
#### **Gene functional analysis for feed efficiency related-traits in Nelore cattle**

**Abstract:** The aim was to carry out a functional analysis based on identified genes associated with feed efficiency related-traits in Nelore cattle. Information from 4,329 animals for residual feed intake (RFI), residual body weight gain (RG) and residual intake and body weight gain (RIG) provided by the National Association of Breeders and Researchers was used. The identification of genomic regions that explained more than 0.5% of the additive genetic variance was performed using the Biomart and DAVID tool. Functional enrichment analysis revealed 21 biological processes, six molecular functions, five cellular components and five KEGG pathways. These pathways were associated with intake behavior, satiety, stress responses, lean mass deposition, energy metabolism, gluconeogenesis and glycogenolysis, skeletal muscle homeostasis, lipolysis, adipogenesis, taste system, sodium and potassium channels. The genes were related to insulin, leptin, glucose, protein and lipid metabolism, zinc fingers system, digestive processes and salivation. The identification of these genes, pathways and their respective functions should contribute to a better understanding of the genetic and physiological mechanisms that regulate to feed efficiency related-traits in Nelore cattle.

**Keywords:** biological process, *Bos indicus*, gene set enrichment, residual body weight gain, residual feed intake, residual intake and body weight gain.

#### **Introdução**

Além do impacto econômico, a seleção genética para características associadas a eficiência alimentar em bovinos tem grande impacto ambiental, pelo melhor aproveitamento dos insumos utilizados,



através da obtenção de genótipos capazes de utilizar de forma mais eficiente o alimento consumido. As características relacionadas a eficiência alimentar apresentam natureza poligênica, sendo influenciadas por um grande número de genes e a expressão fenotípica é resultado de interações complexas entre esses genes e múltiplos mecanismos reguladores. Assim, estudos de associação genômica ampla (GWAS), aliados a análises funcionais visando conhecer as vias metabólicas e os processos biológicos dos genes associados a estas características podem ser explorados para fornecer maior compreensão da arquitetura genética e também da regulação delas. Diante do exposto, objetivou-se realizar uma análise funcional a partir de genes candidatos previamente identificados associados a características indicadoras de eficiência alimentar em bovinos Nelore, que possam auxiliar na compreensão das funções moleculares relacionadas a essas características.

#### Material e Métodos

Foram utilizadas informações genotípicas de 3.594 animais e fenotípicas de 4.329 animais testados para eficiência alimentar nas regiões Centro-oeste e sudeste do Brasil. Os testes foram realizados utilizando o mesmo protocolo (Mendes et al., 2020) e sistemas automatizados de mensuração do consumo de matéria seca (CMS). As informações fenotípicas, genômicas e de genealogia foram fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, SP). Os animais foram genotipados em painel de baixa densidade (CLARIFIDE® 3.1), contendo aproximadamente 29.000 marcadores do tipo polimorfismo de nucleotídeo único (SNP). As características avaliadas foram o consumo alimentar residual (CAR), o ganho em peso residual (GPR) e o consumo e ganho residual (CGR). O grupo contemporâneo (GC) foi composto por animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo. Registros acima ou abaixo de 3,5 desvios-padrão da média do GC e grupos com menos de quatro animais foram excluídos. A análise de associação genômica foi realizada utilizando método de passo único ponderado (WssGWAS) (Wang et al., 2012), com auxílio da família de programas BLUPF90. Os resultados foram apresentados em janelas de 10 SNPs adjacentes. A porcentagem da variância genética explicada por cada janela foi obtida como a razão entre a variância genética aditiva de cada janela e a variância genética aditiva total. As regiões genômicas que explicaram mais que 0,5% da variância genética aditiva foram selecionadas para identificação dos genes, através de um levantamento realizado por meio da ferramenta Biomart no banco de dados Ensembl (<https://www.ensembl.org/index.html>), utilizando como referência a versão UMD 3.1 do genoma bovino. A análise de enriquecimento foi realizada com o DAVID v. 6.8 (<https://david.ncifcrf.gov/>). Foi construída uma rede com os resultados das análises de enriquecimento genético utilizando o aplicativo Cytoscape (<https://cytoscape.org/>).

#### Resultados e Discussão

A análise de enriquecimento funcional revelou 21 processos biológicos, seis funções moleculares, cinco componentes celular e cinco vias KEGG (Figuras 1 e 2). Foram identificados seguintes termos: via de sinalização de neuropeptídeo (GO:0007218), regulação canônica da via de sinalização Wnt (GO:0090090), detecção de estímulo químico envolvido na percepção sensorial do sabor amargo (GO:0001580), atividade do receptor do sabor amargo (GO:0033038), atividade do hormônio neuropeptídico (GO:0005184), secreção biliar (bta04976), transdução do paladar (bta0742) e sinalização do glucagon (bta04922). De maneira geral, essas vias estavam associadas ao comportamento alimentar, saciedade, respostas ao estresse, deposição de massa magra, metabolismo energético, gliconeogênese e glicogenólise, homeostase do músculo esquelético, lipólise, adipogênese, sistema gustativo, canais de sódio e potássio. Os genes identificados foram relacionados ao metabolismo de insulina, leptina e glicose, afetando mecanismos de fome e saciedade, balanço energético, funções digestivas, sensibilidade ao estresse, deposição muscular e de tecido adiposo. Foram encontrados genes relacionados a proteínas do tipo *zinc fingers*, que atuam em diferentes vias bioquímicas e celulares, processos de troca iônica e na resposta imune. Outros genes identificados foram aqueles que atuam no metabolismo de proteína e de lipídeos, os quais afetam o gasto energético. Em adição, genes associados a processos digestivos dos alimentos e salivação também foram identificados relacionados as características avaliadas, afetando a capacidade de consumo, processo de absorção, taxa de passagem e utilização dos nutrientes. De maneira geral, os genes e vias identificados estão relacionados a produção e ao gasto de energia.

#### Conclusão

Os genes e vias identificados estão envolvidos no metabolismo de insulina, leptina, glicose, proteínas e lipídeos, equilíbrio energético, estresse oxidativo, sistema *zinc finger*; comportamento alimentar, salivação, digestão e absorção de nutrientes. A identificação desses genes e suas respectivas funções devem contribuir para uma melhor compreensão dos mecanismos genéticos e fisiológicos que regulam as características relacionadas a eficiência alimentar em bovinos Nelore.

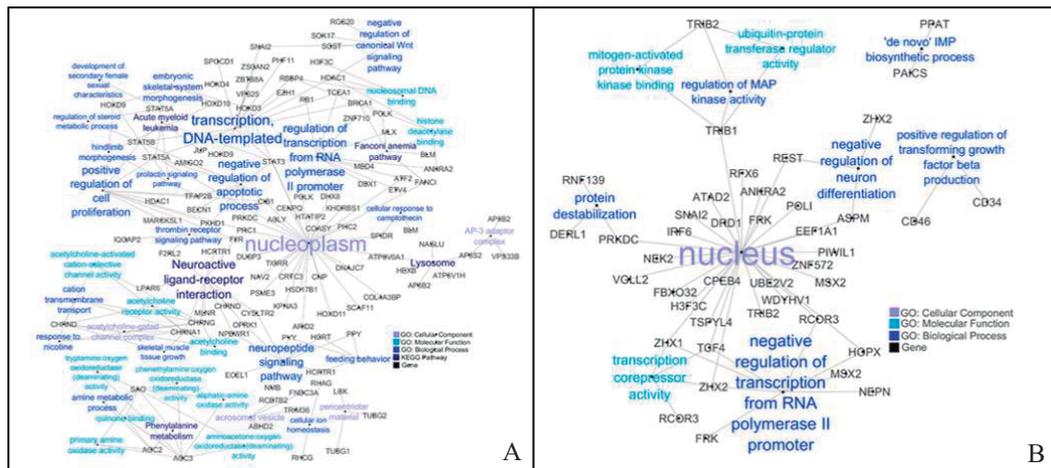


Figura 1. Redes funcionais com termos de processos biológicos e genes como nós associados ao consumo alimentar residual (CAR – A) e ganho em peso residual (GPR – B) em bovinos Nelore. O tamanho do nó corresponde às pontuações da análise de rede.

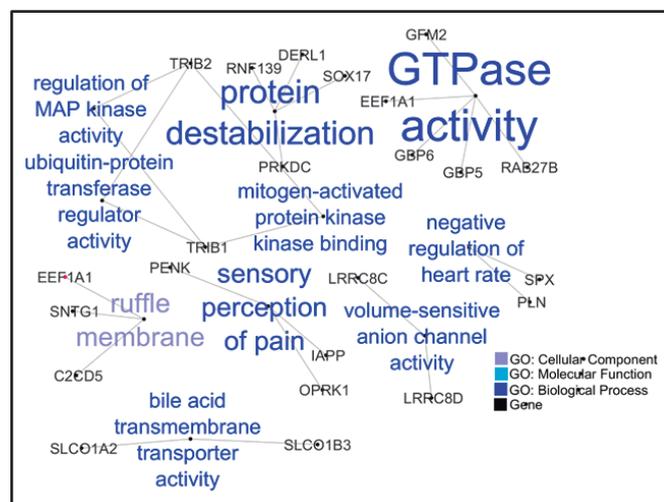
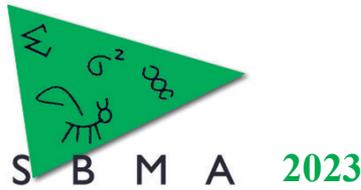


Figura 2. Redes funcionais com termos de processos biológicos e genes como nós associados ao consumo e ganho em peso residual (CGR) em bovinos Nelore. O tamanho do nó corresponde às pontuações da análise de rede.

#### Literatura citada

Mendes E.D.M., de Faria C.U, Sainz R.D., Silveira A.C.L., Magnabosco C.U., Eifert, E.C., Baldi F., Ventura H.T., Castro L.M., Ribeiro L.B., Cavalcanti L.F.L., Josahkian L.A., Silva L.O.C., Mercadante M. E.Z., Ribas M.N., Lobo R.B., Arnanes R.H.B., Gomes R.C., & Farjalla Y.B. 2020. **Procedimentos para mensuração de consumo individual de alimento em bovinos de corte**. Ribeirão Preto: ANCP.

Wang H., Misztal I., Aguilar I., Legarra A., & Muir W. 2012. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. **Genetics Research**, 94, 73–83.



### **Análise genética e genômica do consumo alimentar residual em bovinos das raças Angus e Brangus**

Diercles Francisco Cardoso<sup>1\*</sup>, Mario Luiz Piccoli<sup>1</sup>, Haroldo Henrique Rezende Neves<sup>1</sup>, Daniela Guarchez Adamich<sup>2</sup>, Lucas Cardoso Azeredo<sup>2</sup>, Jaime Urdapilleta Tarouco<sup>2</sup>

<sup>1</sup>GenSys Consultores Associados, Porto Alegre/RS, Brasil

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia – UFRGS, Porto Alegre/RS, Brasil

\*Autor correspondente: [gensys.diercles@gmail.com](mailto:gensys.diercles@gmail.com)

**Resumo:** O consumo alimentar residual (CAR) é uma métrica importante para avaliar a eficiência alimentar dos animais, o que tem impacto direto na rentabilidade da atividade pecuária e na redução do impacto ambiental. Neste estudo, foram analisadas as bases moleculares e a variabilidade genética do CAR em duas raças, Angus e Brangus, que integram o programa de melhoramento genético Natura. Utilizando registros fenotípicos e genômicos (280 de Brangus e 265 de Angus) foram estimados parâmetros genéticos e realizados estudos de associação genômica ampla. Estimativas de herdabilidade foram  $0,21 \pm 0,20$  e  $0,37 \pm 0,23$  nas raças Angus e Brangus, respectivamente, indicando a possibilidade de seleção para o CAR em ambas as raças. As análises de associação genômica ampla revelaram 16 e 10 regiões genômicas com efeito maior sobre CAR no Angus e Brangus. A maior variância explicada por uma única região foi de aproximadamente 0,80%, o que torna difícil vislumbrar a aplicabilidade de informações de genes individuais para seleção desta característica. No entanto, informações genômicas amplas tem o potencial de, além de favorecer a seleção, proporcionar a aplicação de combinação de raças para o desenvolvimento de equações de predição mais precisas.

**Palavras-chave:** eficiência alimentar, herdabilidade, Natura, efeito de SNPs

#### **Genetic and genomic analyses variability of residual feeding intake in Angus and Brangus beef cattle breeds**

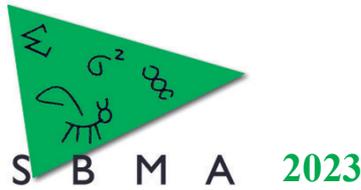
**Abstract:** Residual feed intake (RFI) is an important metric for evaluating animal feed efficiency, which has a positive impact on the profitability of livestock and environmental impact. In this study, the molecular bases and genetic variability of RFI were analyzed in two breeds, Angus and Brangus, which are part of the Natura breeding program. Phenotypic records (280 from Brangus and 265 from Angus) from samples subjected to feed efficiency tests were analyzed for estimating of genetic parameters and genome-wide association studies of the trait. Heritability estimates of  $0.21 \pm 0.20$  and  $0.37 \pm 0.23$  were obtained for Angus and Brangus breeds, respectively, indicating the possibility of selection for RFI in both breeds. Genome-wide association analyses revealed 16 and 10 genomic regions with larger effects on RFI in Angus and Brangus, respectively. The largest variance explained by a single region was approximately 0.80%, which makes it difficult to envision the applicability of individual gene information for selection of this trait. However, genome-wide information has the potential to favor selection, and assist across breeding evaluations for more accurate prediction equations.

**Keywords:** feed efficiency, heritability, Natura, SNP effects

#### **Introdução**

A carne de animais oriundos de raças taurinas e de cruzamentos industriais tem forte aceitação pelo mercado consumidor de carne Brasileira. Contudo, estas raças podem apresentar maiores exigências nutricionais que raças mais adaptadas ao ambiente tropical, como zebuínos, demandando maiores custos de produção, principalmente pelo maior investimento na alimentação animal. Assim, a otimização na habilidade em converter alimento ingerido em músculo e componentes de carcaça é de crucial importância para a rentabilidade na utilização destas raças no Brasil. Ademais, melhorias na eficiência alimentar são diretamente relacionadas a redução no impacto ambiental da atividade pecuária, devido a otimização na utilização de recursos naturais e potencial redução na emissão de metano na atmosfera (Brunes et al. 2020).

A eficiência alimentar pode ser avaliada de diferentes maneiras, sendo o consumo alimentar residual (CAR) uma métrica bastante popular para esta finalidade. O CAR representa o desvio entre o consumo alimentar observado e o consumo esperado baseado em estimativas das exigências de manutenção e de produção (Koch et al. 1963). Alguns estudos têm evidenciado a variabilidade genética e possibilidade de seleção para esta característica em raças zebuínas e taurinas (Lancaster et al. 2009; Brunes et al. 2020).



Assim, o objetivo deste estudo foi analisar a variabilidade genética e bases moleculares do CAR nas raças integrantes do programa de melhoramento genético Natura, Angus e Brangus, por meio da estimação de parâmetros genéticos e estudos de associação genômica ampla para esta característica.

### Material e Métodos

Foram utilizados registros fenotípicos e genômicos de animais pertencentes ao programa de melhoramento genético Natura que foram submetidos a provas de eficiência alimentar, incluindo 280 Brangus e 265 Angus. Os animais da raça Brangus foram avaliados entre 2017 e 2021 na Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) em Eldorado do Sul/RS ou na Embrapa Gado de Corte - Campo Grande/MS. As informações fenotípicas da raça Angus compreendem registros coletados entre 2012 e 2019, no CP-CRV Lagoa, Sertãozinho/SP e na empresa Verdana Agropecuária, Itatinga/SP. Os dados de pedigree compreendem 1.324 Angus e 1.333 Brangus nascidos entre 1981 e 2019 e relacionados aos animais fenotipados. Foram utilizadas informações genômicas de 234 animais Angus (169 com fenótipos) e 236 Brangus (142 com fenótipos), incluindo 43.329 SNPs autossômicos do GGP Bovine 100K (Neogen Inc., Lincoln, NE, USA) que passaram pelos filtros de qualidade quanto a taxa de leitura ( $CR > 0.90$ ), frequência do alelo menor ( $MAF > 0.05$ ) e nível de desequilíbrio de ligação (LD) com marcadores a menos de 10Mb de distância ( $r^2 < 0.3$ ).

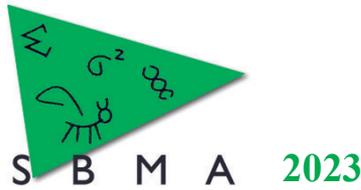
Grupos de contemporâneos (GC) foram definidos como animais da mesma raça, sexo e avaliados no mesmo local e ano. O grau de conectabilidade genética entre os GCs foi avaliado com o software AMC (Roso e Schenkel; 2006) considerando o número mínimo de 5 animais e 10 laços genéticos por GC. Devido à ausência de laços genéticos entre os GCs das raças Angus e Brangus, elas foram analisadas individualmente durante a estimação de parâmetros genéticos e estudos de associação genômica ampla. Componentes de variância foram estimados e valores genéticos preditos utilizando o software blupf90+, da família blupf90. O modelo de análise incluiu o GC como efeito fixo e os efeitos aditivo direto e residual como aleatórios. Os componentes de variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita, levando em consideração a informação genômica. Valores genéticos foram preditos com o método “weighted single-step GBLUP”, de tal modo que a matriz de parentesco genômico considerou ponderadores baseados nas estimativas dos efeitos individuais de SNPs, assumindo um modelo não linear, como descrito em Zhang et al. (2016). Os efeitos dos SNPs foram obtidos de forma iterativa com base no “back-solving” dos valores genéticos preditos para os animais genotipados. A proporção da variância aditiva explicada por janelas sobrepostas de 20 SNPs adjacentes foi utilizada para a identificação de segmentos genômicos de maior efeito sobre a variabilidade genética da característica.

Os efeitos de marcadores estimados na raça Angus foram utilizados para predição de valores genéticos na raça Brangus, e vice-versa, utilizando a equação  $\hat{a} = Z\hat{u}$ , sendo Z a matriz de incidência dos genótipos em cada SNP e  $\hat{u}$  o vetor de efeitos estimados dos SNP. Estas estimativas foram comparadas aos valores genéticos estimados com o “weighted single-step GBLUP” na própria população.

### Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta o número de animais avaliados, bem como o número de grupos de contemporâneos, médias fenotípicas e parâmetros genéticos estimados para CAR em cada população. As herdabilidades estimadas foram moderadas,  $h^2 = 0,21$  no Angus e  $h^2 = 0,37$  no Brangus, indicando o potencial de resposta a seleção para esta característica. Estes valores corroboram herdabilidades para CAR descritas na literatura, entre 0,16 e 0,37, apesar de serem inferiores a estimativa de  $h^2 = 0,47 \pm 0,13$  descritas na raça Brangus (Lancaster et al. 2009). Vale ressaltar, que os erros padrão da estimativa de herdabilidade foram elevados nas duas raças, provavelmente devido ao número limitado de fenótipos, o que evidencia a importância da continuidade de testes de eficiência alimentar nas duas raças.

Foram identificadas 16 e 10 segmentos genômicos não sobrepostos explicando individualmente mais de 0,3% da variância genética aditiva (limiar para identificação de pelo menos 10 regiões genômicas em cada raça) do CAR nas raças Angus (max. = 0,79%) e Brangus (max. = 0,64%), respectivamente. Estas janelas explicam juntas 6,78% da variância genética aditiva na raça Angus e 4,16% no Brangus. A região genômica estendendo-se de 71.854.158 a 73.777.611pb do cromossomo 16 foi a única de maior efeito identificada simultaneamente nas duas populações, sendo aquela que explicou maior proporção da variação



no Brangus, 0,63%, além de explicar 0,31% no Angus. Este potencial QTL havia sido identificado em bovinos Nelore (Brunes et al. 2020).

Tabela 1. Estatísticas descritivas e parâmetros genéticos para CAR nas populações Angus e Brangus

População	N	NGC	Média	Amplitude	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$h^2 \pm EP$
Angus	265	8	0,001	-2,48 – 2,67	0,21	0,79	0,21 $\pm$ 0,20
Brangus	280	7	0,003	-2,11 – 2,03	0,20	0,34	0,37 $\pm$ 0,23

N: Número de amostras com fenótipo; NGC: Número de grupos de contemporâneos;  $\sigma_a^2$ : componente de variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : componente de variância residual;  $h^2$ : herdabilidade; EP: erro-padrão. Média e amplitude de CAR expressas em kg MS/dia.

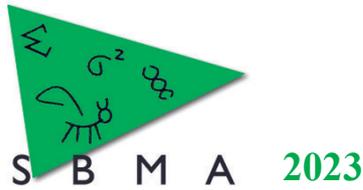
A correlação entre os efeitos dos SNPs estimados nas raças Angus e Brangus foi praticamente nula ( $r = -0.003$ ). Assim, a correlação entre valores genéticos indiretos (efeito de SNPs estimados em outra população) e valores genéticos preditos foi baixa e negativa,  $-0,03$  no Angus e  $-0,06$  no Brangus. Foi observado que 44% dos SNPs apresentaram sinais opostos para o efeito da substituição alélica, ou seja, efeito positivo no Brangus e negativo no Angus, e vice-versa. Tal situação sugere inconsistência da fase de ligação dos marcadores e QTL. Porto-Neto et al. (2015) discutiram a importância da escolha criteriosa de marcadores com alta consistência para avaliações genéticas envolvendo múltiplas raças, e desenvolveram uma estratégia de eliminação de marcadores com sinais opostos entre duas análises de associação. O emprego desta abordagem no presente estudo mostrou-se promissor, uma vez que as correlações entre valores genéticos preditos de forma indireta e direta elevou-se a magnitudes de 0,97 no Angus e 0,98 no Brangus. Vale ressaltar que aqui, os mesmos animais foram utilizados na predição de efeitos de marcadores e, posteriormente, na estimativa de valores genéticos, sem que houvesse validação das predições num grupo independente, o que tenderia a superestimar o potencial benefício do cenário de predição indireta. Embora estudos de validação mais aprofundados sejam necessários, estes resultados sugerem que benefícios podem ser obtidos a partir da detecção de marcadores com alta consistência de fase entre as Angus e Brangus, favorecendo o desenvolvimento de avaliações genéticas combinando as duas raças.

### Conclusão

É possível adotar o consumo alimentar residual como critério de seleção no programa de melhoramento genético Natura para as raças Angus e Brangus, contudo o aprimoramento desta estratégia requer o contínuo acúmulo de dados fenotípicos. Diversas regiões genômicas explicam pequenas proporções da variância genética aditiva do CAR, o que torna difícil vislumbrar a aplicabilidade de informações de genes individuais para seleção. No entanto, informações genômicas ampla tem potencial de favorecer a seleção e proporcionar a combinação de raças para o desenvolvimento de equações de predição mais precisas.

### Literatura citada

- Brunes L.C., Baldi F., Lopes F.B., Lôbo R.B., Espigolan R., Costa M.F.O., et al.. 2021. Weighted single-step genome-wide association study and pathway analyses for feed efficiency traits in Nelore cattle. **J. Anim. Breed. Genet.**; 138(1):23-44.
- Koch, R. M., Swiger L.A., Chambers D., Gregory K. E. 1963. Efficiency of feed use in beef cattle. **J of Anim. Sci.** 22:486-494
- Lancaster P.A., Carstens G.E., Crews Jr D.H., Welsh Jr T.H., Forbes T.D., Forrest D.W., et al.. 2009. Phenotypic and genetic relationships of residual feed intake with performance and ultrasound carcass traits in Brangus heifers. **J. Anim. Sci.** 87(12):3887-96.
- Porto-Neto L.R., Barendse W., Henshall J.M., McWilliam S.M., Lehnert S.A., Reverter A. 2015. Genomic correlation: harnessing the benefit of combining two unrelated populations for genomic selection. **Genetics Selection Evolution**, 47(1), 84.
- Roso V.M.; Schenkel V.S. AMC—a computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: WCGALP, 2006, Belo Horizonte.
- Zhang X., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Misztal I. 2016. Weighting Strategies for Single-Step Genomic BLUP: An Iterative Approach for Accurate Calculation of GEBV and GWAS. **Front Genet.**



### A prenhez precoce da novilha vale a pena?

Fernanda Schneberger<sup>1\*</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>1</sup>, Elisângela Chicaroni Mattos<sup>1</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo (ZMV-FZEA/USP), Pirassununga, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [fschneberger@usp.br](mailto:fschneberger@usp.br)

**Resumo:** O objetivo do presente estudo foi analisar o relacionamento entre prenhez aos 14 meses (PP14), idade ao primeiro parto (IPP), permanência no rebanho (STAY), produtividade anual média da vaca (PRODAM), peso ao nascer (PN), peso na desmama (P205) e peso pós-desmama (P420) avaliados em fêmeas jovens e progênes. Os dados são do programa de melhoramento genético de bovinos compostos Montana incluindo animais Montana e os animais da população formadora do Composto, nascidos entre 1980 e 2020. As características relacionadas à reprodução e crescimento de fêmeas podem ser utilizadas como critérios de seleção de touros jovens sem antagonismo evidente para produção de filhas mais férteis, sexualmente precoces, mais longevas, e que deixam progênes ligeiramente mais pesadas em comparação com as fêmeas não precoces. Com isso maior viabilidade econômica é esperada para a pecuária de corte tropical.

**Palavras-chave:** Bovinos de corte, produtividade de vacas, prenhez de novilhas, programa de melhoramento tropical, fertilidade

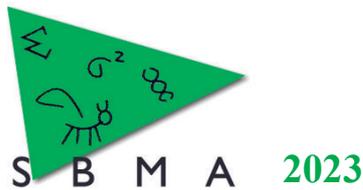
### Is early pregnancy in heifer worth it?

**Abstract:** The aim of the present study was to analyze the relationship between heifer pregnancy (PP14), age at first calving (IPP), stayability (STAY), average annual productivity of the cow (PRODAM), birth weight (PN), weaning weight (P205) and post-weaning weight (P420) evaluated in young females and progenies. The data are from the Montana Composite Breeding Program, including purebred, crossbred and composite beef cattle born between 1980 and 2020. The characteristics related to the reproduction and growth of females can be used as selection criteria for young bulls, without evident antagonism, to produce more fertile, sexually precocious, longevity, which leave heavier progenies compared to non-precocious females. Therefore, greater economic viability is expected for tropical beef cattle.

**Keywords:** Beef cattle, cow productivity, heifer pregnancy, tropical breeding program, fertility

### Introdução

O início da puberdade é um índice reprodutivo essencial que promove o uso eficiente de recursos na pecuária de corte e a viabilidade econômica na atividade se deve por dois motivos: o bezerro que nasce e o animal ganhador de peso, mas ambos os fatores podem ser influenciados pela característica de precocidade sexual da fêmea (Santana et al., 2013; Eler et al., 2014). Otimizar a vida produtiva de uma vaca exige que o primeiro parto ocorra em torno dos 24 meses, ou seja, esse animal precisa ser exposto ao touro e conceber entre 12 e 16 meses de idade, aproximadamente (Eler et al., 2014). No Brasil, alguns sistemas de produção não conseguem explorar tal estratégia, por razões de manejos inadequados, intervalo entre o primeiro e segundo parto insuficiente (Bologon et al., 2012), uso de touros sem mérito genético para fertilidade de fêmeas (Ferraz et al., 2018) e/ou devido a característica extensiva da pecuária brasileira. Na prática, em geral, é dada pouca importância às informações sobre o aspecto reprodutivo das fêmeas, olhando-se apenas para os números da época de parição. Dessa forma, não incluir o desempenho reprodutivo da fêmea no plano de seleção ou de gestão do rebanho pode ter implicações econômicas indesejáveis. Em rebanhos tropicais, a seleção de touros para produzir fêmeas precoces e férteis alcançam bons resultados e acurácias quando adotados critérios mensurados diretamente nas fêmeas (Bologon et al., 2012; Santana et al., 2013; Eler et al., 2014; Terakado et al., 2015). Isso posto, o objetivo desse trabalho foi avaliar, no longo prazo, a relação entre desempenhos produtivos e reprodutivos de: progênes provenientes de fêmeas avaliadas quanto à idade ao primeiro parto e longevidade produtiva; e fêmeas avaliadas quanto à precocidade sexual em um rebanho de bovinos compostos.



### Material e Métodos

Foram utilizados dados do programa de melhoramento genético de bovinos compostos Montana, incluindo animais Montana e os animais da população formadora do Composto, nascidos entre 1980 e 2020, em fazendas localizadas no Brasil (Santana et al., 2013). A época de reprodução variou de novembro a janeiro para vacas e de outubro a janeiro para novilhas. As novilhas foram, em geral, expostas a grupos de reprodutores múltiplos (grupo RM) ou, em menor escala, a um único touro, em uma estação reprodutiva de aproximadamente 90 dias. Cerca de 60 dias após o término da estação de monta, as novilhas ( $\pm 14$  meses de idade) foram avaliadas por palpação retal ou ultrassonografia para o diagnóstico de prenhez. A relação novilha-touro foi em torno de 30:1. Os animais foram mantidos a pasto com ou sem suplementos na estação seca (abril a setembro). Em geral, as pastagens eram compostas por gramíneas dos gêneros *Brachiaria* e *Panicum*, ou, no caso dos rebanhos do sul do Brasil, pastagens nativas. Os bezerros nasceram entre setembro e dezembro e permaneceram com suas mães até cerca dos 7 meses de idade.

### Resultados e Discussão

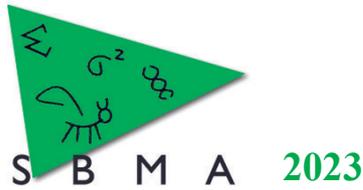
Tabela 1. Desempenho da progênie em função do status sexual da mãe

<sup>1</sup> Característica avaliada no bezerro	<sup>2</sup> Status sexual da mãe			
	IPP		STAY	
	Precoce	Normal	1	0
PN (kg)	33,6	33,5	34,3	32,8
Nº de bezerros	109821	162012	138722	85283
Nº de vacas	38746	76432	28883	56080
Relação bezerro-vaca	2,83	2,12	4,80	1,52
PES205 (kg)	189,8	188,7	198,2	178,2
Nº de bezerros	111883	164270	142471	85659
Nº de vacas	39059	77276	29415	56623
Relação bezerro-vaca	2,86	2,13	4,84	1,51
PES420 (kg)	280,9	275,2	282,4	268,4
Nº de bezerros	49815	64980	61526	34018
Nº de vacas	23844	38286	21838	26538
Relação bezerro-vaca	2,09	1,70	2,82	1,28

<sup>1</sup>PN: Peso ao nascer; PES205: peso aos 205 dias; PES420: peso aos 420 dias; <sup>2</sup>IPP (Mãe): precoce ( $\leq 912$  dias) ou normal ( $> 912$  dias). STAY (Mãe): 1 ( $\geq 6$  anos) ou 0 ( $< 6$  anos).

A tabela 1 apresenta o desempenho médio para medidas de crescimento de filhos de vacas avaliadas em função de sua idade ao primeiro parto (IPP) e de sua longevidade produtiva no rebanho (STAY). Observou-se que a relação bezerro-vaca foi maior em mães classificadas como precoces para IPP, variando de 2,09 a 2,83 bezerros por vaca, e em vacas que apresentaram maior longevidade no rebanho (STAY=1), onde a diferença foi mais acentuada, mas já esperada, variando de 2,82 a 4,84 bezerros por vaca, desde o início do programa de seleção. Quanto à performance de crescimento, a diferença não foi expressiva para peso ao nascer (PN) e peso aos 205 dias (PES205) entre as progênies de fêmeas precoces e normais, contrariando a expectativa de que filhos de fêmeas precoces são mais leves ao nascer e na desmama. Aos 420 dias de idade, os filhos de mães precoces pesaram 5,7 quilos a mais que os filhos de mães normais, com médias de 280,9 kg e 275,2 kg, respectivamente, de 114.795 animais avaliados. Esse resultado corrobora com Terakado et al. (2015) que concluiu que fêmeas identificadas como precoces, produzem ao longo de sua vida bezerros com melhores taxas de ganho de peso após o fim do aleitamento.

Os dados de desempenho produtivos e reprodutivos de fêmeas avaliadas quanto à prenhez precoce (PP14) são apresentados na tabela 2. Os resultados obtidos nesse estudo indicam que a seleção para precocidade traz benefícios indiretos para outras características reprodutivas (IPP, STAY e PRODAM), explicado pelas correlações genéticas favoráveis entre características reprodutivas de fêmeas, observadas em rebanhos de bovinos zebuínos (Eler et al., 2014) e compostos (Santana et al., 2013). As novilhas diagnosticadas prenhes aos 14 meses (PP14) tiveram um período de repouso maior do primeiro parto até a estação de monta seguinte, e com isso melhor condição corporal, que pode resultar em anestro mais curto,



melhores taxas de reconcepção, prenhez e, a longo prazo, menor mortalidade de bezerros (Terakado et al., 2015). Com essas informações, pode ser verificado que as fêmeas que iniciaram sua vida reprodutiva mais cedo permaneceram mais tempo no rebanho e deixaram maior número de filhos, além de progênie mais produtivas (Tabelas 1 e 2) (Boligon et al., 2012; Santana et al., 2013; Eler et al., 2014). Em relação ao desempenho das fêmeas precoces (303,5kg) para PES420, estas foram 24,7kg superior às normais (197,2kg), na média de 9.253 novilhas avaliadas (Tabela 2). Portanto, a seleção para ganho de peso pós-desmama não compromete a reprodução das fêmeas (Eler et al., 2014), e vice-versa, pois a puberdade não é determinada pelo peso, mas por mudanças fisiológicas e hormonais. Por isso, adotar estratégias nutricionais isoladamente e renunciar à genética pode levar a resultados insatisfatórios de taxa de prenhez precoce em bovinos de corte (Ferraz et al., 2018).

Tabela 2. Média de desempenho das fêmeas em relação ao status de precocidade

<sup>2</sup> Status da PP14	<sup>1</sup> Características avaliadas nas fêmeas					
	PP14 (%)	P205 (kg)	P420 (kg)	PRODAM (kg)	STAY (%)	IPP (dias)
Precoce	51,4%	208,0	303,5	162,0	30%	775
Nº de animais	7476	6571	4876	5367	4196	6704
Normal	48,6%	197,2	278,8	120,0	26,7%	1075
Nº de animais	7075	6108	4377	3108	4185	3444

<sup>1</sup>PP14: probabilidade de prenhez aos 14 meses; P205: peso aos 205 dias; P420: peso aos 420 dias; PRODAM: produtividade anual média da vaca em peso de bezerro desmamado; STAY: permanência no rebanho até 6 anos de idade; IPP: idade ao primeiro parto. <sup>2</sup>PP14: precoce (prenhez aos 14 meses) ou normal (prenhez aos 24 meses).

### Conclusão

Rebanhos que exploram a precocidade sexual mostram-se mais produtivos e respondem melhor aos investimentos para intensificação da atividade pecuária de corte, em consequência da redução do número de fêmeas de reposição, melhor ganho de peso da progênie e maior produtividade anual média das matrizes.

### Agradecimentos

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 pela concessão da bolsa de estudo de Doutorado.

### Literatura citada

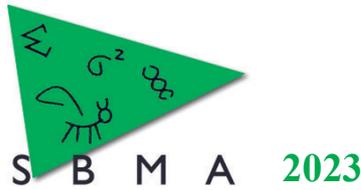
Boligon, A.A., Baldi, F., & Albuquerque, L.G.D. 2012. Genetic correlations between heifer subsequent rebreeding and age at first calving and growth traits in Nelore cattle by Bayesian inference. **Genetics and Molecular Research**, 4516-4524.

Eler, J.P.; Bignardi, A.B.; Ferraz, J.B.S. & Santana Jr, M.L. 2014. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, v. 82, n. 5, p. 708-714.

Ferraz Jr, M.V.C.; Pires, A.V.; Santos, M.H.; Silva, R.G.; Oliveira, G.B.; Polizel, D.M., ... & Nogueira, G.P. 2018. A combination of nutrition and genetics is able to reduce age at puberty in Nelore heifers to below 18 months. **animal**, 12(3), 569-574.

Santana Jr, M.L.; Eler, J.P.; Bignardi, A.B. & Ferraz, J.B.S. 2013. Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: A parallel between Nelore and composite beef cattle. **Journal of Animal Science**, 91(6), 2566-2574.

Terakado, A.P.N.; Pereira, M.C.; Yokoo, M.J. & Albuquerque, L.G.D. 2015. Evaluation of productivity of sexually precocious Nelore heifers. **animal**, 9(6), 938-943.



**Assinatura de seleção no cromossomo 20 no composto Montana Tropical®**

Camila Alves dos Santos<sup>1\*</sup>, Rafael Espigolan<sup>2</sup>, Elisângela Chicarone de Mattos Oliveira<sup>2</sup>, Gabriela Giacomini<sup>3</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>2</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>2</sup>, Tiago do Prado Paim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>PPGZ, IF Goiano, Rio Verde, GO, Brasil.

<sup>2</sup>FZEA, USP, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>3</sup>AIC-MTN, Mogi Mirim, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [camilaalvesdossantos240@gmail.com](mailto:camilaalvesdossantos240@gmail.com)

**Resumo:** Regiões genômicas correlacionadas com adaptação tropical são de grande importância especialmente no contexto de mudanças climáticas. O Composto Montana tropical® foi desenvolvido cruzando animais de 4 tipos biológicos diferentes (Zebu - N; Taurino adaptado - A; Taurino Britânico - B; Taurino Continental - C) para produzir em ambientes desafiadores. Utilizando dados genômicos da população Montana Tropical® objetivou-se com o presente trabalho identificar assinaturas de seleção com ferramentas complementares (ROH e iHS) e caracterizar a região sob seleção. A região no BTAU 20 (35399405-40329703), foi a região de consenso encontrada pelas ROH e iHS. A assinatura de seleção identificada no Composto Montana Tropical® apresenta genes envolvidos com *slick hair locus* (Locus do cabelo liso) que é responsável pelo fenótipo de pelos curtos e lisos em bovinos. A região também aborda outros genes relatados com importância para homeostase da pele e imunidade além de QTLs para produção. O que demonstra que esta região parece ser importante para adaptação tropical. Estes achados podem ser importantes para o melhoramento animal e ou edição gênica que busquem por melhor adaptação para enfrentar as mudanças climáticas.

**Palavras-chave:** GERAÇÕES, ESTRESSE TÉRMICO, CRUZAMENTOS, GDNF

**Selective signatures in chromosome 20 in composite Montana Tropical® beef cattle**

**Abstract:** Genomic regions correlated with tropical adaptation are of great importance especially in the context of climate change. The composite population Montana tropical® was developed by crossing animals of 4 different biological types (Zebu - N; Adapted Taurine - A; British Taurine - B; Continental Taurine - C) to produce in planned environments. Using genomic data from the Montana Tropical® population, the aim of this study was to identify selection signatures with complementary tools (ROH and iHS) and to characterize the region under selection. The region in BTAU 20 (35399405-40329703), was a consensus region found by ROH and iHS. The selection of signature identified in Montana Tropical® harbors genes involved with the slick hair locus, which is responsible for the short, straight hair phenotype in cattle. The region also addresses other genes reported to be important for skin homeostasis and immunity in addition to QTLs for production. This demonstrates that this region seems to be important for tropical adaptation. These findings may be important for animal breeding and/or gene editing that seek the best adaptation to face climate change.

**Keywords:** GENERATIONS, CROSSBREEDING, HEAT STRESS, GDNF

**Introdução**

Adaptação ao estresse térmico é uma característica fisiológica de extrema importância para animais em ambientes tropicais e subtropicais. A capacidade de manter a temperatura corporal baixa em ambientes desafiadores permite que o animal desempenhe melhor potencial de produção de carne e leite. Regiões genômicas correlacionadas com adaptação tropical são de grande importância para o melhoramento na atualidade, especialmente no contexto de mudanças climáticas. O Composto Montana tropical® foi desenvolvido cruzando animais de 4 tipos biológicos diferentes (Zebu - N; Taurino adaptado - A; Taurino Britânico - B; Taurino Continental - C) para atenderem a demanda em ambientes produtivos desafiadores (Ferraz et al., 1999). O processo de seleção ambiental e pelos programas de melhoramento genético podem

gerar aumento da frequência e determinados SNPs ou regiões que estão sendo fixadas na população e que são importantes para adaptação ambiental (Joost, et al., 2007). A identificação dessas regiões e os genes envolvidos é um passo importante para promover melhor conhecimento das características produtivas e adaptativas de importância para determinados cenários (Peripolli et al., 2018). Utilizando dados genômicos da população Montana Tropical® objetivou-se com o presente trabalho identificar possíveis assinaturas de seleção com ferramentas complementares e caracterizar a região sob seleção.

### Material e Métodos

Foram utilizados dados de 3215 animais do composto Montana Tropical®, informações de pedigree e genótipos imputados (painel HD GGP 50K Neogen, genoma de referência URS UCD 1.2, 0.92 de acurácia de imputação) foram analisados. Os dados foram provenientes de 17 fazendas no Brasil e 1 no Paraguai. O cálculo de Gerações completas equivalentes (GCE) Optisel (Wellmann, 2017) no software R 3.4.2 (R Core Team, 2012). As análises de assinatura de seleção foram realizadas por duas metodologias complementares ROH (Corridas de homozigosidade) implementada no software PLINK 1.9 (<https://www.cog-genomics.org/plink/1.9/>) (Purcell et al., 2007) e iHS (Pontuação de haplótipo integrada) implementada no pacote rehh (Gautier, 2012) no software R. Regiões detectadas e sobrepostas pelas duas metodologias considerando limite superior de 0.1% foram consideradas regiões sobre seleção. A pesquisa de genes foi realizada na plataforma do NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/>), a busca de QTLs foram realizados Animal Genome QTL Database (<https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/EC/index>), análise funcional dos genes realizada Cytoscape (Kohl et al., 2011) e literatura.

### Resultados e Discussão

A região do BTAU 20 (35399405-40329703), foi a região de consenso encontrada pelas duas metodologias ROH e iHS (Figura 1).

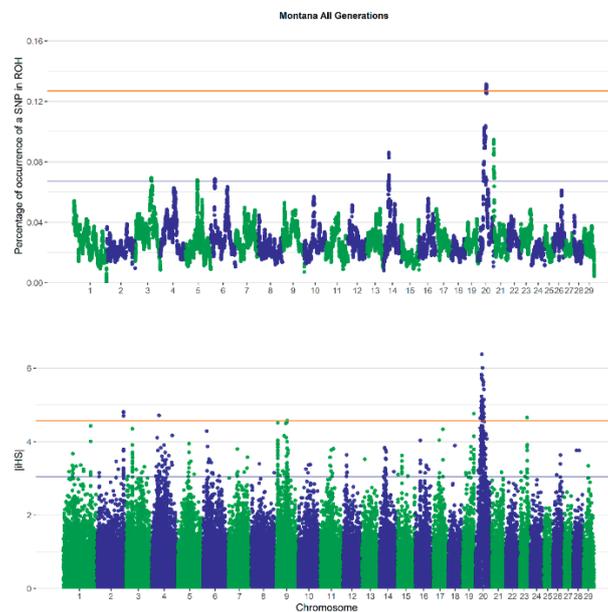
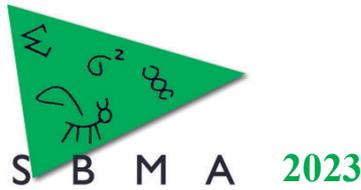


Figura 1 Gráfico de Manhattan da incidência de cada SNP na ROH entre os indivíduos. A linha tracejada representa o limite superior de 0,1 %. **B** Distribuição em todo o genoma de assinaturas de seleção detectadas pelo iHS. A linha laranja tracejada representa os níveis limite de 0,1 % superiores.

A seleção de assinatura identificada no Composto Montana Tropical® apresenta genes envolvidos em diversas funções produtivas e adaptativas (leite, mastite, peso, ingestão de matéria seca, reprodução, imunidade). Sendo também conhecida como a região *Slick hair locus* (locus de cabelos lisos) que é uma região responsável pelo fenótipo de pelos lisos e curtos que proporciona ao animal a capacidade de dissipar



melhor temperaturas altas e contribuir para que o animal mantenha temperaturas corporais amenas. O *slick hair locus* é uma região descrita na raça Senepol uma das raças do componente biológico A, presente nas estratégias de cruzamento do Montana Tropical®. Mesmo cruzando animais de diferentes tipos biológicos a região foi mantida na população. Observou-se também aumento de sua frequência em gerações completas equivalentes avançadas GCE >4.5, sugerindo uma fixação dessa região na população composta ao longo do seu desenvolvimento.

Durante as análises funcionais dos genes também foram encontradas interessantes funções como do NIBPL que foi relatado com contribuição para reparo de DNA após dano por componente de luz UV. Também para o gene GDNF que é envolvido na homeostase da pele e controle do ciclo de cabelo e os genes ILR7 and LIFR relacionados com resposta imune o que demonstra importantes funções adaptativas para ambiente tropical, dos genes que estão presentes na região sob seleção na população estudada.

### Conclusão

A pressão de seleção durante o processo de cruzamentos e formação da raça contribuiu para a formação de assinatura de seleção no cromossomo 20. Essa região abriga o *slick hair locus* e outros genes relatados com importância para homeostase da pele e imunidade. Além disso, esta região parece ser importante para adaptação tropical que deveria ser melhor caracterizada em trabalhos subsequentes. Estes achados podem ser importantes para o melhoramento animal e ou edição gênica que busquem por melhor adaptação para enfrentar as mudanças climáticas.

### Agradecimentos

Ao GMAB da FZEA da USP Pirassununga e Associação de criadores do Montana pelos genótipos. Ao Cnpq pela concessão de bolsa de Mestrado e à Capes (Brasil).

### Literatura citada

Ferraz, J.B.S., Eler, J. P., & Golden, B. L. 1999. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, 23), 115-117.

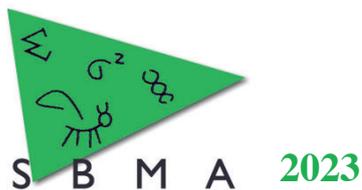
Gautier, M., Klassmann A., Vitalis R. 2017. rehh 2.0: a reimplementation of the R package rehh to detect positive selection from haplotype structure. **Mol Ecol Resour.**;17, 78-90.

Kohl, M., Wiese, S., & Warscheid, B. 2011. Cytoscape: software for visualization and analysis of biological networks. *Data mining in proteomics: from standards to applications*, 291-303.

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira M.A, Bender, D., ... & Sham PC. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *BMC Genomics*. 8, 1-16.

R Core Team .2021. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Wellmann, R.2021. optiSel: Optimum Contribution Selection and Population Genetics. R package version 2.0.5.



### **Associação genética entre a relação à desmama e características de crescimento da vaca ao desmame do bezerro**

Annaiza Braga Bignardi<sup>1\*</sup>, Keylla Cristina de Almeida<sup>1</sup>, Fernanda Kallyhanndra de Oliveira Santos<sup>1</sup>, Tainá Pereira Mélo<sup>1</sup>, Rodrigo Junqueira Pereira<sup>1</sup>, Arione Augusti Boligon<sup>2</sup>, Lenira El Faro<sup>3</sup>, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo<sup>3</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>3</sup>, Mário Luiz Santana Júnior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas (ICAT), Universidade Federal de Rondonópolis (UFR), Rondonópolis, MT, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brazil.

<sup>3</sup>Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Sertãozinho, SP, Brazil.

\*Autor correspondente: [bignardi@ufr.edu.br](mailto:bignardi@ufr.edu.br)

**Resumo:** A razão entre o peso ao desmame do bezerro e o peso da mãe (RD) pode ser usada como critério de seleção para melhorar a eficiência na produção de bezerros. No entanto, a relação genética da RD com outros critérios de seleção utilizados em programas de melhoramento é pouco compreendida. O objetivo com a realização deste estudo foi avaliar longitudinalmente a relação genética entre RD e características de crescimento da vaca ao desmame do bezerro. As estimativas médias de correlação genética entre RD e peso corporal PC (-0,86 a -0,57), altura da garupa AL (-0,41 a -0,22) e escore de condição corporal EC (-0,79 a -0,27) foram sempre negativas em diferentes idades. O PC e AL foram forte e positivamente correlacionados geneticamente em todas as idades (0,51 a 0,84). Em geral, a AL exibiu uma relação genética fraca e negativa com EC. A correlação genética entre PC e EC foi mais forte para idades avançadas (0,30 a 0,81). A RD apresentou antagonismo genético em maior ou menor grau com as características de crescimento das vacas ao longo do tempo. A seleção para pesos mais altos em idades mais jovens pode reduzir a eficiência na produção de bezerros acessada por meio da RD.

**Palavras-chave:** eficiência da vaca, gado de corte, modelo de regressão aleatória, peso adulto, zebu

### **Genetic association the ratio between calf weaning weight and dam weight between productive traits of Nellore cows**

**Abstract:** The ratio between calf weaning weight and dam weight (RW) can be used as a selection criterion to improve efficiency in calf production. However, the genetic relationship of RW with other selection criteria used in breeding programs is poorly understood. The objective of this study was to longitudinally evaluate the genetic relationship between RW and growth traits of the cow at weaning of the calf. Genetic trends were calculated for the control line and lines selected for higher yearling weight. Mean genetic correlation estimates between RW and body weight (BW) (-0.86 to -0.57), rump height RH (-0.41 to -0.22) and body condition score SC (-0.79 to -0.27) were always negative at different ages. BW and RH were strongly and positively genetically correlated at all ages (0.51 to 0.84). RW showed genetic antagonism to a greater or lesser extent with the growth traits of cows over time. Selecting for higher weights at younger ages may reduce the calf production efficiency accessed through the RW.

**Keywords:** adult weight, beef cattle, cow efficiency, random regression model, zebu

### **Introdução**

A proporção fenotípica do peso ao desmame de um bezerro em relação ao peso de sua mãe (RD) pode ser considerada uma medida da utilidade econômica de uma vaca de corte comercial. A RD pode ser usada como um critério de seleção para melhorar a eficiência biológica e econômica na produção de bezerros. É importante também conhecer a relação genética da RD com outros critérios de seleção comumente utilizados em programas de melhoramento de bovinos de corte, como altura da garupa, condição corporal e peso da vaca. O presente estudo teve como objetivo avaliar longitudinalmente a relação genética entre RD e características de crescimento da vaca ao desmame do bezerro usando modelos de regressão aleatória.

### Material e Métodos

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos no Centro de Pecuária de Corte APTA Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho – Brasil (21°10'S e 48°5'W). Foram utilizados dados de animais Nelore nascidos entre 1964 e 2015. As características das vacas consideradas foram: RD, PC, AL e EC, e tiveram os fenótipos coletados no momento do desmame dos bezerros. A RD foi calculada como o peso ao desmame do bezerro dividido pelo peso corporal da mãe (%). Os modelos de regressão aleatória foram considerados de diferentes ordens para os polinômios de Legendre sobre a idade da vaca ao parto (efeito linear, quadrático ou cúbico) para efeitos aditivos e ambientais permanentes. Análises bi características para todas as combinações de características foram realizadas com o programa GIBBS3F90 O polinômio cúbico apresentou o melhor ajuste aos dados para todas as características. (Misztal et al., 2002).

### Resultados e Discussão

Em geral, as médias posteriores das estimativas de herdabilidade foram mais modestas para EC (0,22 a 0,48) e RD (0,21 a 0,40) e de moderada a alta magnitude para PC (0,47 a 0,64), AL (0,73 a 0,82).

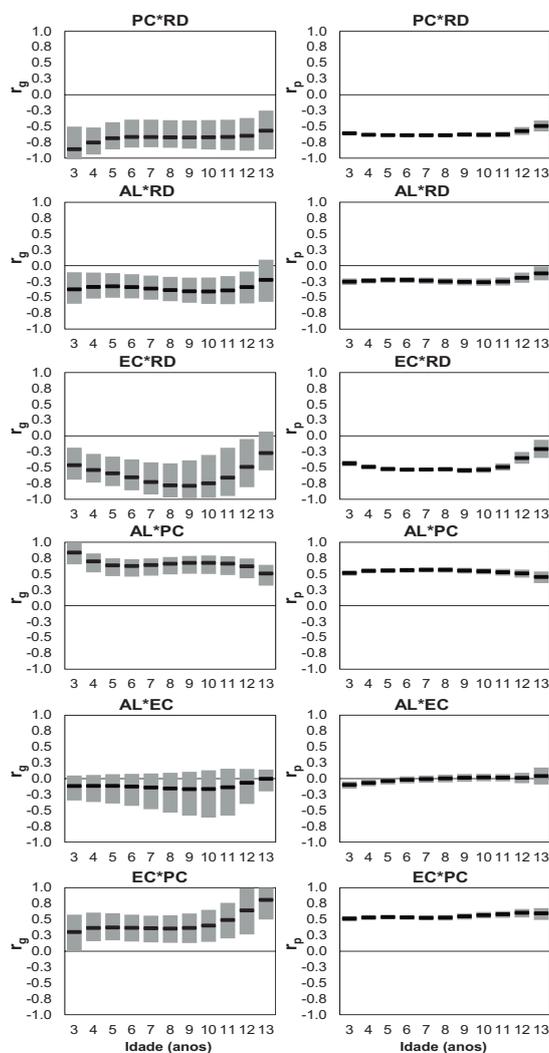
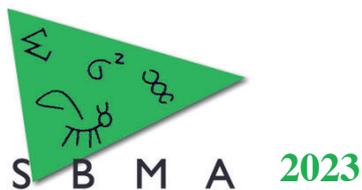


Fig.1 Média posterior (linha) e intervalos de alta densidade posterior 95% (barras verticais) das estimativas de correlação genética ( $r_g$ , esquerda) e fenotípica ( $r_p$ , direita) entre a razão entre peso ao desmame do bezerro e peso da vaca ao desmame (RD), peso corporal (PC), altura da garupa (AL) e escore de condição corporal (EC) ao longo da idade da vaca ao parto em bovinos Nelore.



Enquanto as médias das estimativas de herdabilidade para RD, PC e AL tenderam a aumentar para as idades mais avançadas, as estimativas para EC foram reduzidas até por volta dos dez anos de idade. As estimativas médias de repetibilidade foram 0,65, 0,85, 0,90 e 0,57 para RD, PC, AL e EC, respectivamente. Em geral, as estimativas de herdabilidade encontradas foram próximas às obtidas por Mercadante et al. (2003) para PC, AL e EC, Boligon et al. (2010, 2013) para PC e RD, e Portes et al. (2020) para PC e AL de animais Nelore. A média das estimativas de correlação genética (Fig.1) entre as características medidas em idades distantes atingiu valores consistentemente abaixo da unidade para RD (0,61) e EC (0,41). Por outro lado, as estimativas foram superiores a 0,8 para PC e AL em diferentes idades. As estimativas médias da correlação genética entre RD e PC (-0,86 a -0,57 a), AL (-0,41 a -0,22) e EC (-0,79 a -0,27) foram sempre negativas em diferentes idades. A RD exibiu correlação genética negativa de moderada a alta magnitude com AL e EC. A associação genética entre RD e EC tendeu a ser mais negativa por volta dos 8 a 9 anos de idade da vaca ao parto. Esta foi precisamente a idade em que as vacas apresentaram o maior EC. Assim, em qualquer idade, a seleção para maior RD deve levar a redução de AL e EC das vacas e vice-versa. Com base na forte relação genética ( $>0,5$ ) entre PC e AL, a seleção para aumentar qualquer uma dessas características em qualquer idade deve levar a um aumento no PC e AL das vacas. A AL geralmente exibiu uma relação genética fraca e negativa com o EC (-0,16 a 0,00). A correlação genética entre PC e EC tendeu a ser mais forte para idades mais avançadas, com estimativas médias variando de 0,30 (3 anos) a 0,81 (13 anos).

#### Conclusão

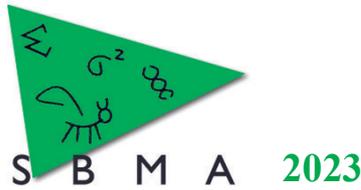
A RD apresentou antagonismo genético em maior ou menor grau com as características de crescimento das vacas ao longo do tempo. A seleção para maior peso em vacas de idades mais jovens pode levar à redução da eficiência na produção de bezerros acessada por meio da RD. Além disso, esta prática de seleção leva a um aumento da AL e EC das vacas.

#### Agradecimentos

Este estudo foi apoiado pela Universidade Federal de Rondonópolis, Edital SECRI/UFR N° 4 em conjunto com a PROPGP e a PROPLAD, processo n° 23853.002619/2022-37 e o pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) processo n° 305879/2019-7.

#### Literatura citada

- Boligon A.A., Mercadante M.E.Z., Forni S., Lôbo R.B. & Albuquerque L.G. 2010. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of Animal Science**, 88, 849-859.
- Boligon A.A., Sala V.E., Mercadante M.E.Z., Ribeiro E.G., Cyrillo J.N.S.G. & Albuquerque L.G. 2013. Parâmetros genéticos para diferentes relações de peso ao nascer e à desmama em vacas da raça Nelore. **Ciência Rural**, 43, 676-681.
- Mercadante M.E.Z., Packer I.U., Razook A.G. & Cyrillo J.N.S.G. & Figueiredo LA. 2003. Direct and correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. **Journal of Animal Science**, 81, 376-384.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T. & Lee D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: Proceedings of the 7<sup>th</sup> world congress on genetics applied to livestock production, 2002, Montpellier.
- Portes J.V., Cyrillo J.N.S.G., EL Faro L., Mercadante M.E.Z., Teixeira R.A. & Dias L.T. 2020. Evaluation of body weight and hip height in Nelore cows in a tropical environment. **Livestock Science**, 233, 1871-1413.



**Associação genética entre características reprodutivas, de crescimento e de carcaça em bovinos Nelore**

Caroline Assis Almeida<sup>1\*</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>1</sup>, Gabriel Costa Medeiros<sup>1</sup>, Rachel Santos Bueno Carvalho<sup>2</sup>, Elisângela Chicaroni de Mattos<sup>1</sup>, Tamires Miranda Neto<sup>3</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Ciências Básicas, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Agro-pecuária CFM Ltda., São José do Rio Preto, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [caroline.assis.almeida@usp.br](mailto:caroline.assis.almeida@usp.br)

**Resumo:** A seleção dos animais superiores vem sendo baseada em aspectos de desenvolvimento ponderal, reprodutivo e de carcaça, visando aprimorar a eficiência dos sistemas de produção. Portanto, torna-se necessário entender a associação entre essas características. O objetivo do estudo foi estimar a correlação genética entre probabilidade de prenhez aos 14 meses, produtividade anual média da vaca, peso ao sobreano, área de olho de lombo, espessura de gordura subcutânea e espessura de gordura de picanha, pois essas possuem grande importância econômica em bovinos da raça Nelore. Os parâmetros genéticos foram estimados por meio de análises uni característica para estimativas de herdabilidades e bi característica para estimativas de correlações genéticas. As correlações genéticas entre as características foram de baixas a moderadas, variando de -0,16 a 0,43. As correlações moderadas foram entre as características reprodutivas e de crescimento com a área de olho de lombo, apontando que a seleção para peso ao sobreano e para as características reprodutivas estudadas podem resultar em um aumento no desenvolvimento muscular do animal.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, desenvolvimento muscular, parâmetros genéticos, precocidade sexual.

**Genetic association between reproductive, growth, and carcass traits in Nelore cattle**

**Abstract:** The selection of superior animals has been based on aspects of growth, reproductive and carcass development in order to improve production system efficiency. Therefore, it becomes necessary to understand the association between these traits. The aim of the study was to estimate the genetic correlation between probability of pregnancy at 14 months, cumulative annual productivity, weight at 18 months of age, rib eye area, backfat thickness and rump fat thickness, since these have great economic importance in Nelore cattle. The genetic parameters were estimated through univariate analysis for heritability estimates and bivariate analysis for genetic correlation estimates. The genetic correlations between the traits were ranged from low to moderate, -0.16 to 0.43. The moderate correlations were between reproductive and growth traits with the rib eye area, indicating that selection for weight at 18 months of age and the studied reproductive traits may result in an increase in the animal's muscular improvement.

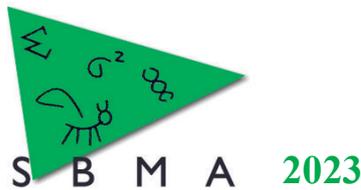
**Keywords:** beef cattle, genetic parameters, muscular development, sexual precocity.

**Introdução**

Os programas de melhoramento têm como objetivo a eficiência dos sistemas de produção. No Brasil, o foco da seleção de animais melhoradores é feita com base no desenvolvimento ponderal, reprodutivo e de carcaça. As características reprodutivas são de grande importância econômica visto que objetivo é aumentar o número de filhos nascidos e, com isso, aumentar também a intensidade de seleção. As características de carcaça possuem uma forte ligação com o potencial do animal para crescimento, musculabilidade e ganho de peso (Sugisawa et al., 2013).

O conhecimento dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos dessas características é necessário para a seleção dos animais superiores com a finalidade de aumentar a produtividade e lucratividade do sistema de bovinos de corte. Com isso, o objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos de características reprodutivas, crescimento e de carcaça de bovinos Nelore.

**Material e Métodos**



Os bancos de dados utilizados neste trabalho são provenientes de uma população de bovinos da raça Nelore, e estão sob responsabilidade do Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo (USP) e continham cerca de 170.569 registros reprodutivos de fêmeas, 223.822 registros de peso ao sobreano e 5.872 observações de carcaça. O arquivo de pedigree continha 347.790 animais, incluindo 2.848 touros e 123.153 matrizes, 126.004 animais com progênie e 221.786 indivíduos sem progênie.

As características avaliadas foram: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), produtividade anual média da vaca (PRODAM), peso ao sobreano (P18), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), e espessura de gordura de picanha (EGP). A estatística descritiva das características é apresentada na tabela 1.

Tabela 1. Estatística descritiva das características em estudo.

Característica	N	Média + DP	Min	Max	NGC
PP14 (%)	35.533	1,18 ± 0,39	1	2	94
PRODAM (kg)	159.320	127,08 ± 30,2	50	260,2	334
P18 (kg)	223.818	289,91 ± 48,62	106	614	1.093
AOL (cm <sup>2</sup> )	5.872	55,73 ± 12,63	22,8	93,4	55
EGS (mm)	5.213	2,94 ± 1,21	0,5	9,4	55
EGP (mm)	3.815	4,66 ± 1,88	0,5	11,9	55

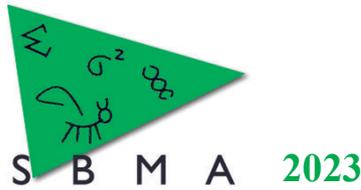
PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; e EGP: espessura de gordura de picanha; N: Número de indivíduos; Min: Mínimo; Max: Máximo; NGC: Número de Grupos Contemporâneos; DP: Desvio padrão.

Os efeitos sistemáticos incluídos no modelo para PP14 foram grupo contemporâneo, data juliana para nascimento (covariável) e, como efeitos aleatórios o efeito genético direto, efeito aleatório não correlacionado de grupo de manejo a desmama, além do efeito residual. Para a PRODAM o efeito fixo incluído no modelo foi o grupo contemporâneo e como efeitos aleatórios o efeito genético direto e o efeito residual. Para o P18 e para as características de carcaça os efeitos fixos incluídos no modelo foram grupo contemporâneo, idade a medição ou à pesagem (covariável) e, como efeitos aleatórios o efeito genético direto e o efeito residual.

Os parâmetros genéticos foram estimados por meio de análises uni característica para estimativas de herdabilidades e bi característica para estimativas de correlações genéticas, em um modelo linear-limiar quando a PP14 estava no modelo e um modelo linear para as demais características. As análises foram realizadas por meio dos softwares GIBBSF90+, POSTGIBBSF90 e BLUPF90+ (Misztal et al., 2018). Para a inferência bayesiana foi gerada cadeia única com 600.000 amostras, sendo descartadas as primeiras 100.000 e as amostras remanescentes foram salvas em um intervalo de 100. O modelo pode ser descrito em notação matricial como:  $y = X\beta + Zu + Wg + e$ , no qual,  $y$  é o vetor de observações fenotípicas ordenado por animal e por característica;  $\beta$  representa o vetor de efeitos sistemáticos, ordenado por característica;  $u$  representa o vetor do efeito genético aditivo direto de animal;  $g$  representa o vetor do efeito aleatório não correlacionado do grupo de manejo a desmama (GMAND – para PP14); e  $e$  representa o vetor de termos aleatórios residuais;  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são as matrizes de incidência dos efeitos sistemáticos, genético aditivo e de GMAND respectivamente.

### Resultados e Discussão

As estimativas à posteriori dos parâmetros genéticos das análises Bayesianas apresentaram boa convergência, examinadas pelo teste de Geweke, autocorrelação e avaliação visual das cadeias. As demais análises frequentistas também possuíram ótimo ajuste de análise avaliado pelo critério de informação de Akaike. Os coeficientes de herdabilidade estimados foram 0,43 ± 0,02 (PP14), 0,08 ± 0,00 (PRODAM), 0,33 ± 0,01 (P18), 0,31 ± 0,05 (AOL), 0,21 ± 0,05 (EGS) e 0,40 ± 0,07 (EGP). As correlações genéticas



entre as características PP14, PRODAM, P18 e as características de carcaça (AOL, EGS e EGP) são apresentadas na tabela 2.

Tabela 2. Estimativas das correlações genéticas  $\pm$  desvio padrão das características avaliadas.

Característica	AOL	EGS	EGP
PP14	0,34 $\pm$ 0,08	-0,11 $\pm$ 0,10	-0,16 $\pm$ 0,09
PRODAM	0,35 $\pm$ 0,08	0,10 $\pm$ 0,09	0,05 $\pm$ 0,09
P18	0,43 $\pm$ 0,06	0,11 $\pm$ 0,10	0,04 $\pm$ 0,03

PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca; P18: peso ao sobreano; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; e EGP: espessura de gordura de picanha.

As correlações genéticas entre as características de carcaça e reprodutivas foram de baixas a moderadas, variando de (-0,16 a 0,35). As maiores correlações foram entre PP14 e AOL, e PRODAM e AOL, indicando que essas características estão favoravelmente correlacionadas uma vez que a seleção reprodutiva pode acarretar em um maior desenvolvimento muscular do animal.

A correlação entre P18 e AOL também se apresentou de moderada magnitude (0,43) indicando que a seleção para aumento de peso ao sobreano deve aumentar AOL, não afetando, entretanto, as características de carcaça (EGS e EGP), concordando com o observado por Kluska et al., (2018). A EGS e EGP apresentaram uma correlação negativa e baixa com a probabilidade prenhez de novilhas precoces, ou seja, a associação foi desfavorável e não significativa biologicamente.

### Conclusão

Com base nos resultados encontrados, a seleção para peso ao sobreano, para probabilidade de prenhez precoce e produtividade anual média podem resultar em um aumento da área de olho de lombo. Consequentemente aumentaria o desenvolvimento muscular e rendimento de carcaça. Por outro lado, essa seleção não afetaria o teor de gordura de carcaça mensurado pelo EGS e EGP.

### Agradecimentos

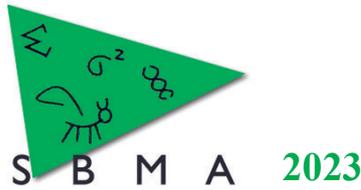
À Agro-Pecuária CFM Ltda. e ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da USP/FZEA por permitir a utilização do banco de dados. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

### Literatura citada

Kluska S., Olivieri B.F., Bonamy M., Chiaia H.L.J., Feitosa F.L.B., Berton M.P., Peripolli E., Lemos M.V.A., Tonussi R.L., Lôbo R.B., Magnabosco C.U., Croce F., Osterstock J., Pereira A.S.C., Munari D.P., Bezerra L.A., Lopes F.B. & Baldi F. 2018. Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science** 216, 203–209.

Suguisawa L., Matos B.C. & Suguisawa, J. M. 2013. Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e de qualidade da carne. p.97-107. In: Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa.

Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z., 2018. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation>. Acessado em: 05/04/2023.



**Associações genéticas de relação de desmama com características reprodutivas e de carcaça em bovinos Nelore**

Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes<sup>1\*</sup>, André Luis Romeiro de Lima<sup>2</sup>, Christian Borges de Souza<sup>3</sup>, Andrea Gondo<sup>4</sup>, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior<sup>1</sup>, André Luiz Julien Ferraz<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Pesquisador, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

<sup>2</sup>Egresso, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Aquidauana, MS, Brasil.

<sup>3</sup>Mestrando, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

<sup>4</sup>Analista, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

<sup>5</sup>Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Aquidauana, MS, Brasil.

\*Autor correspondente: [gilberto.menezes@embrapa.br](mailto:gilberto.menezes@embrapa.br)

**Resumo:** A relação de desmama (RD), calculada pela razão entre o peso do bezerro e da vaca na desmama, é utilizada, exclusivamente, pelo Programa Embrapa Geneplus como critério de seleção para eficiência produtiva de vacas. A fim de subsidiar a inclusão da RD, como critério de seleção na raça Nelore, correlações genéticas da RD com características reprodutivas e de carcaça avaliadas por ultrassom foram estimadas por análises bi características sob modelo animal e abordagem bayesiana. Os dados utilizados foram disponibilizados pelo Programa Embrapa Geneplus para bovinos da raça Nelore. As estimativas indicaram associação genética favorável entre RD e todas as demais características, porém de baixa magnitude com valores abaixo de 0,30, com exceção para idade ao primeiro parto (-0,388). O uso da RD como critério de seleção na raça Nelore deve favorecer o progresso genético para características reprodutivas e de carcaça avaliadas por ultrassom.

**Palavras-chave:** correlação genética, carne bovina, eficiência produtiva, reprodução, ultrassom

**Genetic associations of weaning ratio with reproductive and carcass traits in the Nellore cattle**

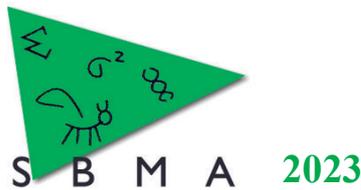
**Abstract:** The weaning ratio (WR), calculated by the ratio between the weight of the calf and the cow at weaning, is used exclusively by the Embrapa Geneplus Program as a selection criterion for the productive efficiency of cows. To subsidize the inclusion of WR as a selection criterion in the Nellore breed, genetic correlations of WR with reproductive and carcass traits evaluated by ultrasound were estimated by two-trait analyses using an animal model and a Bayesian approach. The data used were provided by the Embrapa Geneplus Program for Nellore cattle. The estimates indicated a favorable genetic association between WR and all other traits, but of low magnitude with values below 0.30, except for age at first calving (-0.388). The use of WR as a selection criterion in the Nellore breed should favor genetic progress for reproductive and carcass traits evaluated by ultrasound.

**Keywords:** genetic correlation, beef, productive efficiency, reproduction, ultrasound

**Introdução**

A razão entre o peso do bezerro e o da vaca no momento do desmame é considerada um indicador de eficiência biológica (Cunningham, 1974), utilizado para identificar fêmeas mais produtivas aumentando a lucratividade na pecuária de corte. A relação de desmama (RD) adotada pelo Programa Embrapa Geneplus, como uma medida de desempenho das vacas na fase de cria, é calculada considerando o peso do bezerro (PD) e o da vaca (PVD) na desmama aplicados na seguinte fórmula:  $RD = (PD/PVD) * 100$  (Nieto et al., 2017).

As características de carcaça, medidas por ultrassom e adotadas em programas de melhoramento genético de gado de corte, auxiliam os criadores na melhoria da qualidade do produto final, enquanto aquelas ligadas à reprodução contribuem para elevar as taxas de fertilidade nas fazendas (Nieto et al., 2013). A inclusão de novas características como critérios de seleção é subsidiada em partes, pelo conhecimento dos parâmetros genéticos relacionados aos novos critérios e aos já adotados. Diante da inclusão da RD no processo de seleção da raça Nelore, o objetivo deste estudo foi estimar suas correlações genéticas com características reprodutivas e de carcaça medidas por ultrassom.



### Material e Métodos

Foram disponibilizados pelo Programa Embrapa Geneplus, dados de animais da raça Nelore para as seguintes características: RD (%), área de olho de lombo (AOL - cm<sup>2</sup>), área de olho de lombo ajustada para 450 kg (AOL<sub>450</sub> - cm<sup>2</sup>), espessura de gordura subcutânea (EGS - mm), marmoreio (MAR - %), idade ao primeiro parto (IPP - dias), perímetro escrotal ao desmame (PED - cm) e ao sobreano (PES - cm). A AOL<sub>450</sub> foi calculada conforme Marestone et al. (2022). O fenótipo para a RD, como medida do bezerro, foi utilizado em análises bi características sob modelo animal e abordagem Bayesiana, conforme o modelo abaixo:

$$y = XB + Z_a + W_m + S_{amp} + e;$$

onde  $y$  é o vetor de fenótipos,  $B$  o vetor de soluções para os efeitos sistemáticos,  $a$  o efeito aleatório genético aditivo direto,  $m$  o efeito aleatório genético aditivo materno,  $amp$  o efeito aleatório de ambiente permanente materno,  $e$  o vetor de resíduos,  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $S$ , as matrizes de incidência relacionando os efeitos aos fenótipos. Foram consideradas covariâncias entre os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno e covariâncias residuais entre as características. Para as características mensuradas após a desmama, somente foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Como efeitos sistemáticos foram adotados o grupo de contemporâneos, a covariável idade do animal na data da coleta do fenótipo aninhada ao grupo de contemporâneo (exceto para IPP), e a covariável classe de idade da vaca ao parto para a RD e PED.

As análises foram realizadas por meio do software GIBBS2F90 (Misztal et al., 2016), onde 400.000 Cadeias de Markov via simulação Monte Carlo (MCMC) foram geradas com um burn-in de 100.000 (descarte de cadeias) e um intervalo de amostragem (“thin”) de 10. Uma cadeia efetiva com 30.000 amostras foi utilizada na obtenção dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.

No cálculo dos valores genéticos para a RD considera-se 50% do efeito genético aditivo direto e todo o efeito genético aditivo materno, representando, portanto, a fração pela qual a vaca é responsável na característica. Por isso, as correlações genéticas foram calculadas ponderando tais efeitos seguindo a fórmula:

$$r_{g_{RD},dx} = \frac{\frac{1}{2} \times COV_{(a_{RD}, a_x)} + COV_{(m_{RD}, a_x)}}{\sqrt{\sigma_{a_x}^2} \times \sqrt{\frac{1}{4}\sigma_{a_{RD}}^2 + \sigma_{m_{RD}}^2 + COV_{(a_{RD}, m_{RD})}}}$$

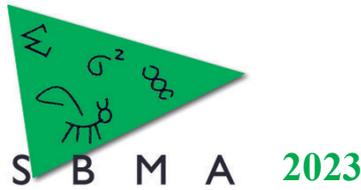
onde  $x$  é característica de carcaça ou reprodutiva avaliada, estando os efeitos citados anteriormente no modelo.

### Resultados e Discussão

A convergência, verificada por inspeção visual das cadeias, foi alcançada para todas as análises. As correlações genéticas foram favoráveis, variando entre -0,388 e 0,292 (Tabela 1).

Pelo melhor do nosso conhecimento, não são apresentadas na literatura correlações genéticas para a RD e as demais características analisadas no presente estudo. A RD considera parte do efeito genético e todo o efeito materno, que foi definido historicamente como a influência do ambiente fornecido pela vaca no fenótipo de sua progênie (Willham, 1972). Para PED, a correlação com a RD foi menor, quando comparada com PES (Tabela 1). Maiores valores de correlação eram esperados em características mensuradas na mesma fase, neste caso, à desmama, onde ainda estava presente o efeito materno para RD e PED. A correlação entre RD e IPP foi negativa com magnitude moderada (Tabela 1), o que é favorável dada a redução da idade ao primeiro parto nos animais com melhores relações de desmama.

Valores próximos a zero foram encontrados para as correlações de RD com MAR e AOL (Tabela 1), indicando que a seleção para RD não trará efeito sobre as duas características de carcaça. Já as correlações de RD com EGS e AOL<sub>450</sub> foram comparativamente maiores (Tabela 1), indicando haver potencial de sinergismo seletivo, o qual deve ser de baixa intensidade.



**Tabela 1.** Correlações genéticas ( $r_g$ ) e desvios padrão a *posteriori* (DPP) estimados entre relação de desmama e características reprodutivas e de carcaça medidas por ultrassom.

Característica <sup>1</sup>	$r_g$	DPP
AOL	0,080	0,046
AOL <sub>450</sub>	0,223	0,042
EGS	0,145	0,054
MAR	0,013	0,044
IPP	-0,388	0,068
PED	0,129	0,060
PES	0,292	0,034

<sup>1</sup>AOL: área de olho de lombo; AOL<sub>450</sub>: área de olho de lombo ajustada para 450; EGS: espessura de gordura subcutânea; MAR: marmoreio; IPP: idade ao primeiro parto; PED: perímetro escrotal ao desmame; PES: perímetro escrotal ao sobreano.

### Conclusão

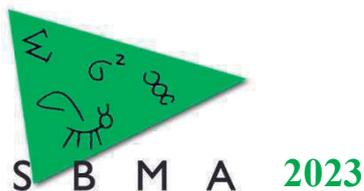
A relação de desmama apresenta associação genética favorável e de baixa magnitude com todas as características avaliadas. A adoção da relação de desmama como critério de seleção na raça Nelore deve favorecer o progresso genético para características reprodutivas e de carcaça avaliadas por ultrassom.

### Agradecimentos

Os autores agradecem ao Programa Embrapa Geneplus pela concessão dos dados; a Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul pelo apoio à pesquisa e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudos concedida ao segundo autor desta publicação.

### Literatura citada

- Cunningham, E.P. 1974. Breeding goals for beef cattle. **Annales de génétique et de sélection animale**, 6, 219–226.
- Marestone, B.S., Torres Junior, R.A.A., Silva, L.O.C., Menezes, G.R.O, Muniz, C.A.S.D., Ribeiro, E.L.A. 2022. Genetic parameters for traditional and novel ultrasound carcass traits in Nellore cattle. **Tropical Animal Health and Production**, 54, 34.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. 2016. **Manual for BLUPF90 family of programs**. University of Georgia.
- Nieto, L.M., Silva, L.O.C., Menezes, G.R.O., Rosa, A.N.F. 2017. Avaliação da característica “relação de desmama” como potencial critério de seleção para o melhoramento genético da raça Nelore. XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, SP, Ribeirão Preto.
- Nieto, L.M., Alencar, M.M. & Rosa, A.N. 2013. **Crítérios de seleção**. In: Rosa, A.N., Martins, E.N., Menezes, G.R.O. & Silva, L.O.C. (Ed.) Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa. (pp.109-122). Campo Grande: Embrapa Gado de Corte.
- Willham, R.L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. **Journal of Animal Science**, 35, 1288–1293.



### Avaliação do peso ao nascer em bovinos da raça Senepol portadores do gene da musculatura dupla

Christian Borges de Souza<sup>1\*</sup>, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes<sup>2</sup>, Simone Eliza Facioni Guimarães<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mestrando, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

<sup>2</sup>Pesquisador, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

<sup>3</sup>Professora Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

\*Autor correspondente: [christian.souza@ufv.br](mailto:christian.souza@ufv.br)

**Resumo:** Bovinos da raça Senepol são acometidos pela síndrome da dupla musculatura (DM), condição hereditária responsável por diversas alterações fenotípicas. A mutação responsável pela DM está localizada no gene codificador da miostatina (GDF – 8), com a deleção de 11 pares de base denominada como nt821. Diante disto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de uma cópia da mutação nt821 sobre o peso ao nascer (PN) em bovinos da raça Senepol. Os dados utilizados contêm registros de 454 bovinos da raça Senepol para PN, sendo 373 indivíduos homocigotos não portadores da mutação nt821 (dmdm) e 81 heterocigotos portadores a mutação nt821 (DMdm). As análises foram realizadas com o auxílio do *software R*, por meio de um modelo fixo com efeitos de genótipo para DM, sexo e época de nascimento. Não foi observada diferença significativa ( $P>0,05$ ) entre os genótipos avaliados. Bovinos da raça Senepol heterocigotos portadores da mutação nt821, não diferem em peso ao nascimento comparados a indivíduos não portadores.

**Palavras-chave:** GDF – 8, miostatina, nt821, parto distócico, taurinos adaptados.

#### Evaluation of birth weight in Senepol cattle carrying the double muscle gene

**Abstract:** Senepol breed is affected by double muscle (DM), a hereditary condition responsible for several phenotypic changes. The mutation responsible for DM, is located on myostatin gene (GDF-8) which is an 11 base pair deletion, known as nt821 mutation. Therefore, this study aimed to evaluate the effect of one copy of nt821 mutation on birth weight (BWT, kg) in Senepol cattle. The used data from 454 animals for BWT, being into 373 homozygous individuals non-carriers nt821 mutation (dmdm) and 81 heterozygous individuals carrier nt821 mutation (DMdm). Analyzes were carried out by *R software*, using a fixed model with effects of DM genotype, sex, and calving season. No significant difference was observed ( $P>0.05$ ) between the evaluated genotypes. Heterozygous Senepol animals carrying one copy of nt821 mutation no differ on birth weight compared to non-carrier individuals.

**Keywords:** adapted taurine, dystocia, GDF – 8, myostatin, nt821.

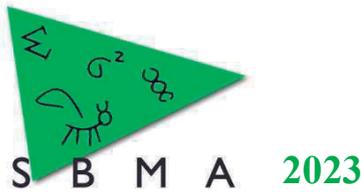
#### Introdução

A síndrome da dupla musculatura (DM) é uma condição hereditária responsável pelo aumento da hipertrofia e hiperplasia das fibras musculares, ocasionada por mutações ocorridas no gene GDF – 8 (*Growth Differentiation fator 8*), codificador da miostatina (Xavier, 2014). Tais mutações inativam a ação da miostatina, proteína responsável pela regulação da miogênese. Em bovinos da raça Senepol, a mutação identificada está localizada no éxon III, denominada como nt821 e se caracteriza por uma deleção de 11 nucleotídeos (Xavier, 2014).

Em relação ao fenótipo, os indivíduos portadores da DM demonstram alterações significativas em características de interesse econômico atreladas ao crescimento, carcaça (Wiener et al., 2009). Ademais, apresentam maiores pesos ao nascimento comparados à indivíduos livres da mutação (Casas et al., 2004). O peso ao nascer (PN) é um critério de seleção adotado pelos programas de melhoramento genético como indicador de facilidade ao parto, portanto é indicado menores valores para PN. Diante disto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de uma cópia da mutação nt821 sobre o PN em bovinos da raça Senepol.

#### Material e Métodos

O banco de dados utilizado pertence ao Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – Geneplus e Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol - ABCB Senepol. Os dados analisados



representam registro de 454 bovinos da raça Senepol para PN, divididos em 373 indivíduos homocigotos não portadores da mutação nt821(dmdm) e 81 heterocigotos portadores da mutação (DMdm). As análises foram realizadas por meio do *software R* com auxílio do pacote *car* (Fox, 2022). Os dados foram testados quanto a normalidade e homogeneidade de variâncias ( $P < 0,05$ ), pelos testes Bartlett e Shapiro-Wilk respectivamente. Para investigar o efeito do genótipo da DM sobre o PN foi adotado o modelo fixo descrito a seguir:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + s_j + ep_k + e_{ijk}$$

$y_{ijk}$  é o valor fenotípico para PN observado no animal,  $\mu$  é a média geral,  $g$  é o  $i$ -ésimo genótipo,  $s$  é o  $j$ -ésimo sexo,  $ep$  é a  $k$ -ésima época de nascimento (1 = Agosto, setembro e outubro; 2 = Novembro, dezembro, janeiro; 3 = Fevereiro, março, abril; 4 = Maio, junho, julho).

O modelo foi implementado por meio da metodologia de análise de variância (ANOVA II), para dados desbalanceados, devido ao número distinto de indivíduos entre os genótipos avaliados.

### Resultados e Discussão

Não foi observada diferença significativa ( $P > 0,05$ ) entre os genótipos avaliados para PN (Tabela 1). Somente o efeito de sexo demonstrou efeito ( $P < 0,05$ ). Em relação ao PN, a miostatina está envolvida no período pré-natal, no qual é altamente expressa no músculo com o objetivo de regular a miogênese (Yunliang et al., 2000). Portanto mutações no gene codificador da miostatina acarretam em aumento de peso e massa muscular nos animais portadores ao nascimento (Casas et al., 2004).

**Tabela 1.** Quadro de análise de variância utilizado para avaliar os efeitos sobre o peso ao nascer.

Fontes de variação	Sum Sq	GL	F <sub>cal</sub>	P-valor
Genótipo	29,62006	1	1,520973	0,218119
Sexo	244,925	1	12,57676	0,000432*
Época de nascimento	5,299551	3	0,09071	0,965142
Resíduo	8724,537	448		

Sum Sq: soma de quadrados; GL: graus de liberdade.

Animais homocigotos DM (DMDM) não foram avaliados, pois não se enquadram nos padrões da raça, portanto não havia informações fenotípicas no banco de dados.

**Tabela 2.** Média fenotípica e respectivo erro-padrão para peso ao nascer em função dos genótipos avaliados.

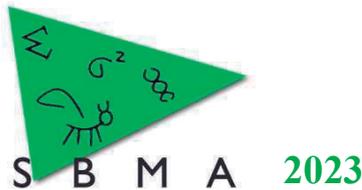
Peso ao nascer (kg)	<sup>1</sup> Genótipo		P-valor
	dmdm	DMdm	
	34,61 ± 0,23	35,32 ± 0,52	P > 0,05

<sup>1</sup>dmdm: homocigoto não portador da mutação nt821; DMdm: heterocigoto para nt821.

É de suma importância evitar o acasalamento entre indivíduos DMdm. Pois, o acasalamento entre heterocigotos pode originar indivíduos DMDM, diversos trabalhos como de Paulussi (2018), demonstraram a incidência de 47,5% de partos distócicos em indivíduos DMDM, enquanto animais DMdm e dmdm expressaram 5,7% e 5,4%, respectivamente. Portanto, é essencial considerar este aumento na incidência em partos distócicos, pois a distocia afeta o bem-estar dos animais e implica em gastos com partos cirúrgicos.

### Conclusão

Uma cópia da mutação nt821 não afeta o peso ao nascer de bovinos da raça Senepol. Pois, indivíduos heterocigotos portadores da mutação nt821 não diferem significativamente em valores para peso ao nascer, comparados a indivíduos não portadores. O resultado deste trabalho subsidiará as tomadas de decisões que regem os processos de seleção da raça Senepol, por parte dos produtores e técnicos.



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

**Agradecimentos**

Os autores agradecem ao Programa Embrapa Geneplus, à Associação Brasileira de Bovinos da raça Senepol (ABCB Senepol) pela concessão dos dados e apoio a pesquisa, à Universidade Federal de Viçosa e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino de Nível Superior pela concessão da bolsa de estudos ao primeiro autor.

**Literatura citada**

Casas, E., Bennett, G.L., Smith, T.P.L. & Cundiff, L.V., 2004. Association of myostatin on early calf mortality, growth, and carcass composition traits in crossbred cattle. **Journal of Animal Science**. 82, 2913-2918.

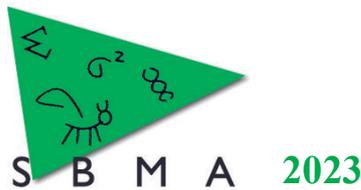
Fox, J., 2022. **Companion to Applied Regression**. R Package Version 3.1-1. Disponível em: <https://cran.r-project.org/package=car>. Acesso em: 03 de Abril de 2023.

Paulussi, K.S. 2018. **Viabilidade do nascimento de bezerros da raça Nelore com mutação no gene da miostatina obtidos por congênia**. Araçatuba: UNESP, 66f. Dissertação (Mestrado em ciência animal) – Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Araçatuba, 2018.

Wiener, P., Lãs, J.A., Frank –Lawane, A., Ryan, M., Richardson, R.I., Nute, G.R., Madeira, J.D., Homero, D. & Williams, J.L., 2009. The effects of a mutation in the myostatin gene on meat and carcass quality. **Meat Science**. 83, 127-134.

Yuliang, J., Zhexing, L., Ning, L. & Changxin. W. 2000. Myostatin: A negative regulator of skeletal muscle mass. **Hereditas**. 22, 119-121.

Xavier, S.R. 2014. **Prospecção de polimorfismos no gene da miostatina em bovinos da raça Senepol**. Campo Grande: UFMS, 60f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, 2014.



**Avaliação genômica incluindo o efeito da interação genótipo ambiente usando genótipos do sequenciamento completo do genoma para peso ao sobreano em bovinos Nelore**

Ivan Carvalho Filho<sup>1\*</sup>, Gabriel Soares Campos<sup>2</sup>, Thales de Lima Silva<sup>1</sup>, Caio de Souza Teixeira<sup>1</sup>, Delvan Alves da Silva<sup>3</sup>, Flavio Schramm Schenkel<sup>4</sup>, Daniela Lourenco<sup>5</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>1,6</sup>, Roberto Carvalheiro<sup>1,6</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup> Department of Animal Science, Purdue University, West Lafayette, USA.

<sup>3</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

<sup>4</sup> Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.

<sup>5</sup> Department of Animal & Dairy Science, University of Georgia, Athens, Georgia, USA.

<sup>6</sup> Pesquisador do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

\*Autor correspondente: [i.carvalho-filho@unesp.br](mailto:i.carvalho-filho@unesp.br)

**Resumo:** A inclusão de informações genômicas nas avaliações genéticas resulta no aumento da acurácia de predição ( $\widehat{acc}$ ), porém com modelos que incluem o efeito da interação genótipo ambiente (IGA), esta  $\widehat{acc}$  pode ser diferente conforme o ambiente considerado. Assim, objetivou-se avaliar o ganho em acurácia com modelos que incluem IGA utilizando as informações genômicas provenientes de sequenciamento completo do genoma ou de um painel de alta densidade. Foi utilizado um modelo de norma de reação para a IGA, assumindo heterogeneidade de variância residual, em que se ajustou um polinômio segmentado linear-linear para modelar a curva fixa e a norma de reação dos efeitos aleatórios genéticos aditivos e residuais para peso ao sobreano em bovinos Nelore. A  $\widehat{acc}$  foi maior para o intercepto e para a inclinação do primeiro segmento da norma de reação e em todos os ambientes utilizando genótipos do sequenciamento completo, evidenciando que a inclusão destas informações no modelo, pode levar a um maior ganho genético para peso ao sobreano em bovinos Nelore.

**Palavras-chave:** norma de reação, seleção genômica, sequenciamento completo do genoma.

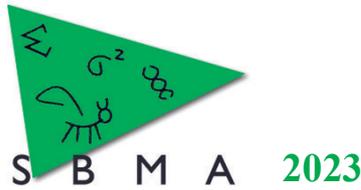
**Genomic Evaluation fitting genotype by environment interaction using whole genome sequencing genotypes for yearling weight in Nellore cattle**

**Abstract:** The inclusion of genomic information in the genetic evaluations increases prediction accuracy ( $\widehat{acc}$ ), but in models fitting genotype-environment interaction (GxE), this accuracy may be different depending on the environment considered. Thus, the aim of this study was to evaluate the gain in accuracy with genomic models fitting GxE using genomic information from whole genome sequencing or high-density SNP chip genotypes. A reaction norm model to fit GXE, assuming heteroscedastic residual variances, was used, in which a linear-linear segmented polynomial was adjusted to model the fixed curve and the reaction norm for additive and residual genetic random effects for yearling weight in Nellore cattle. The  $\widehat{acc}$  was higher for the intercept and for the slope of the first segment of the reaction norm and in all environments using the whole genome sequencing genotypes, indicating that the inclusion of this information in the model can lead to greater genetic gain for yearling weight in Nellore cattle.

**Keywords:** genomic selection, reaction norm model, whole genome sequencing.

**Introdução**

A inclusão de painéis de marcadores de baixa ou alta densidade (HD) na predição dos valores genéticos resulta no aumento de acurácia de predição ( $\widehat{acc}$ ) e, conseqüentemente, no ganho genético (Fernandes Júnior et al. 2022). Porém, na presença de interação genótipo ambiente (IGA) e com o uso de genótipos do sequenciamento completo do genoma, a  $\widehat{acc}$  pode ser diferente, especialmente se levar em consideração os distintos ambientes de seleção. Assim, objetivou-se avaliar o ganho em acurácia de predição usando predição genômica de passo único com informações provenientes de sequenciamento completo do genoma em comparação com a predição com informações do painel HD, incluindo o efeito da interação genótipo ambiente via modelo de norma de reação para peso ao sobreano em bovinos Nelore.



### Material e Métodos

Dados fenotípicos para peso ao sobreano (PS) de bovinos Nelore foram obtidos da base de dados Aliança Nelore. Mantiveram-se apenas animais com pais conhecidos, de grupos de contemporâneos (GC) com no mínimo 20 animais e PS entre 200 e 542 kg, resultando em 942.577 animais distribuídos em 21.317 GC (animais nascidos no mesmo rebanho, safra e estação, do mesmo sexo e criados no mesmo grupo de manejo do nascimento ao sobreano). As soluções obtidas em uma avaliação preliminar para o GC, foram considerados como gradiente ambiental (GA), sendo padronizados para a distribuição normal  $N(0,1)$ . Foram utilizados dados genotípicos de 51.485 animais, genotipados para o painel HD ou imputados para HD, com 460.578 SNPs após controle de qualidade. Ao todo, 151 touros da população foram sequenciados e em seguida, houve a imputação dos animais com HD para a sequência completa, totalizando 30.394.484 SNPs nos genótipos dos 51.485 animais. Após remoção de SNPs em alto desequilíbrio de ligação, maior que 0.75, e do controle de qualidade dos genótipos, foram mantidos 2.437.948 SNPs.

Para a modelagem da interação genótipo ambiente, foi utilizado um modelo de norma de reação spline linear-linear, assumindo heterogeneidade de variância residual, conforme descrito pela equação:  $y_{ij} = fixed + \phi_1 \widehat{GA}_i + \phi_1^* \widehat{GA}_i^* + b_{0j} + b_{1j} \widehat{GA}_i + b_{1j}^* \widehat{GA}_i^* + e_{ij}$ , onde,  $y_{ij}$  é o fenótipo para PS do animal  $j$  no GA  $i$ , *fixed* inclui os efeitos fixos do GC e, como covariável, a idade ao sobreano (efeitos linear e quadrático);  $\phi_1$  é o coeficiente de regressão linear de  $y_{ij}$  no  $\widehat{GA}_i$ , sendo este o efeito estimado do GA;  $\phi_1^*$  é a diferença entre os coeficientes de regressão linear do primeiro e segundo segmento da função spline linear-linear de  $y_{ij}$  no  $\widehat{GA}_i^*$  ( $\widehat{GA}_i^* = 0$  se  $\widehat{GA}_i < q$ ;  $\widehat{GA}_i^* = \widehat{GA}_i$  se  $\widehat{GA}_i \geq q$ ), onde  $q$  é um nó colocado no GA médio ( $q=0$ );  $b_{0j}$  é o valor genético aditivo direto do intercepto (ou nível da norma de reação do animal  $j$ );  $b_{1j}$  é o coeficiente de regressão aleatório, ou parâmetro de inclinação do animal  $j$  no ambiente representado por  $\widehat{GA}_i$ ;  $b_{1j}^*$  é a diferença entre as inclinações do primeiro e segundo segmento do efeito genético aditivo do animal  $j$  em  $\widehat{GA}_i$ , expresso como desvio de  $\phi_1^*$ , e  $e_{ij}$  é o termo residual para cada GA.

Os valores genéticos genômicos (GEBV) foram preditos utilizando o método de passo único ssGBLUP considerando os SNPs do painel HD (ssGBLUP\_HD) e os SNPs imputados para a sequência completa (ssGBLUP\_SEQ). A validação da predição foi realizada com o método de regressão linear (Legarra & Reverter 2018), sendo realizada para 407 touros jovens genotipados e com 9.435 filhos. Quando os fenótipos da progênie dos touros estavam presentes no banco de dados, ele foi denominado de dados completos, e quando esses fenótipos foram retirados do banco de dados, ele foi denominado de dados reduzidos. O cálculo da  $\widehat{acc}$  considerou a covariância entre o GEBV nos conjuntos de dados completo e reduzido, o coeficiente médio de endogamia para os animais da validação e a estimativa da variância genética aditiva. O coeficiente de regressão do GEBV obtido com os dados completos (GEBVc) sobre o GEBV obtido com os dados reduzidos (GEBVr) foi usado para avaliar o grau de inflação/deflação (dispersão) das predições. A correlação entre GEBVc e GEBVr, que avalia a associação entre GEBVs obtida com os conjuntos de dados completos e reduzidos, foi usada como medida de consistência entre as avaliações subsequentes. As análises foram realizadas utilizando o software BLUP90IOD2HR da família do BLUPF90 (Misztal et al. 2002).

### Resultados e Discussão

Foram observadas reclassificações entre os animais e heterogeneidade da variância genética nos diferentes GA, sugerindo a presença de IGA. Os resultados para os coeficientes de regressão do modelo de norma de reação (Tabela 1) mostraram que o ssGBLUP\_SEQ aumentou a  $\widehat{acc}$  em 0.04 para o intercepto ( $b_0$ ) e 0.05 para a inclinação do primeiro segmento ( $b_1$ ) em relação ao ssGBLUP\_HD. Já para a inclinação do segundo segmento ( $b_2$ ) o ssGBLUP\_HD teve um aumento de 0.06 quando comparado ao ssGBLUP\_SEQ. Quando os GEBV foram considerados ao longo do GA (Tabela 1), a  $\widehat{acc}$  do ssGBLUP\_SEQ aumentou, na média, em 0.04 à medida que o GA melhorou comparado com o ssGBLUP\_HD, evidenciando que, apesar de ser um ganho em acurácia pequeno, a inclusão dos marcadores provenientes do sequenciamento completo, possibilita um maior ganho genético, independentemente do ambiente que a seleção possa ser realizada.

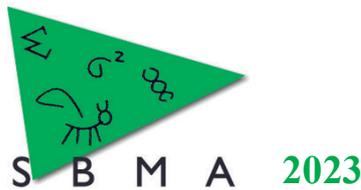


Tabela 1. Estatísticas de validação do método da regressão linear para os coeficientes da norma de reação e gradientes ambientais para peso ao sobreano em bovinos Nelore.

Método <sup>1</sup>	Estatísticas LR	Coeficiente <sup>2</sup>			Gradientes Ambientais <sup>3</sup>							
		b0	b1	b2	-3	-2	-1	0	1	2	3	
ssGBLUP _HD	Correlação	0,88	0,91	0,89	0,92	0,90	0,89	0,88	0,88	0,88	0,88	0,88
	Acurácia	0,59	0,52	0,32	0,61	0,61	0,61	0,59	0,61	0,61	0,61	0,60
	Dispersão	0,85	0,92	0,93	0,86	0,85	0,85	0,85	0,85	0,85	0,86	0,86
ssGBLUP _SEQ	Correlação	0,82	0,88	0,82	0,88	0,85	0,83	0,82	0,82	0,82	0,82	0,82
	Acurácia	0,63	0,57	0,26	0,65	0,65	0,64	0,63	0,65	0,65	0,65	0,65
	Dispersão	0,80	0,94	0,95	0,84	0,81	0,80	0,80	0,81	0,81	0,82	0,83

<sup>1</sup> Método: ssGBLUP\_HD: *single step* GBLUP considerando painel HD; ssGBLUP\_SEQ: *single step* GBLUP considerando sequenciamento completo do genoma. <sup>2</sup> Coeficiente: b0: intercepto da norma de reação; b1: inclinação do primeiro segmento da norma de reação; b2: inclinação do segundo segmento da norma de reação. <sup>3</sup> Gradiente Ambientais: nível de produção padronizado com base nas soluções dos grupos de contemporâneos, sendo -3 o nível mais baixo, 0 o nível intermediário e 3 o nível alto.

A correlação foi levemente maior quando se utilizou o ssGBLUP\_HD, evidenciando que a predição dos valores genéticos se tornam mais consistentes com a inclusão de novos dados (Cesarani et al. 2021) para este modelo. Além disso, a dispersão se permaneceu similar em ambos os modelos, e estando mais próxima de 1, indicando baixa inflação/deflação, principalmente para b1 e b2.

### Conclusão

Em conclusão, a predição usando genótipos da sequência completa apresentou maiores acurácias para o intercepto, a inclinação do primeiro segmento e todos os gradientes ambientais quando comparado com a predição usando o painel HD, indicando que a implementação da seleção genômica com a inclusão da interação genótipo x ambiente no modelo pode proporcionar um maior ganho genético quando se considera os genótipos do sequenciamento completo do genoma.

### Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, código de financiamento 001), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP #17/10630-2, #18/20026-8, #19/06361-1 e #20/14846-2) pelo auxílio financeiro e aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore ([www.gensys.com.br](http://www.gensys.com.br)) por disponibilizarem os dados.

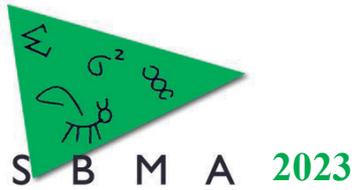
### Literatura citada

Cesarani A., Garcia A., Hidalgo J., Degano L., Vicario D., Macciotta N.P.P., and Lourenco D. 2021. Genomic Information Allows for More Accurate Breeding Values for Milkability in Dual-Purpose Italian Simmental Cattle. *Journal of Dairy Science* 104 (5): 5719–27. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19838>.

Fernandes Júnior G.A., Peripolli E., Schmidt P.I., Campos G.S., Mota L.F.M., Mercadante M.E.Z., Baldi F., Carvalheiro R., and Albuquerque L.G. 2022. Current Applications and Perspectives of Genomic Selection in *Bos Indicus* (Nelore) Cattle. *Livestock Science* 263 (August 2021). <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2022.105001>.

Legarra A. and Reverter A. 2018. Semi-Parametric Estimates of Population Accuracy and Bias of Predictions of Breeding Values and Future Phenotypes Using the LR Method. *Genetics Selection Evolution* 50 (1): 1–18. <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0426-6>.

Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet D., and Lee D.H. 2002. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 2001–2.



**Classificação de Touros Nelore em Função de Diferentes Índices Bioeconômicos de Seleção**  
Rafaela Longo<sup>1\*</sup>, Juliana Varchaki Portes<sup>2</sup>, Urbano Gomes Pinto de Abreu<sup>3</sup>, Laila Talarico Dias<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Discente do curso de graduação em Zootecnia e bolsista de Iniciação Científica UFPR – TN; Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, PR, Brasil.

<sup>2</sup>Doutora em Zootecnia, Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil

<sup>3</sup>EMBRAPA Pantanal, Corumbá, MS, Brasil

<sup>4</sup>Professor Associado do Departamento de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

\*Autor correspondente: [rafaelalongo@ufpr.br](mailto:rafaelalongo@ufpr.br)

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi comparar a classificação de touros da raça Nelore em função de três índices bioeconômicos de seleção, além do índice de qualificação genética (IQG). Foi utilizado o banco histórico de avaliações genéticas concedido pela Embrapa Pantanal (2020), contendo 865 touros nascidos entre 1955 e 2014. Os três índices bioeconômicos de seleção utilizados consideraram características de produção, reprodução e de qualidade de carcaça. As ponderações para os critérios de seleção foram estimadas considerando o mesmo objetivo de seleção, porém para diferentes medidas de avaliação econômica utilizadas na pecuária, resultando em valores econômicos expressos com base nas avaliações: por animal (VACA), por Arroba (@) e por Unidade Animal (UA) (Portes et al., 2021). As correlações de Spearman foram altas entre os índices VACA e UA (1,0), IQG e @ (0,86), sugerindo ordenamento semelhante dos touros, e moderadas entre IQG e VACA (0,64) e UA (0,64) e entre @ e VACA (0,57) e UA (0,57), indicando reordenação dos touros. Apenas o índice arroba (@) resultará em ordem semelhante de classificação dos touros ao IQG que é o índice usualmente utilizado pelo programa de melhoramento de gado de corte - Embrapa Geneplus.

**Palavras-chave:** avaliação genética, bovinocultura de corte, objetivos de seleção, seleção multicausal, valor econômico

#### **Classification of Nelore Bulls by Different Bioeconomic Selection Indexes**

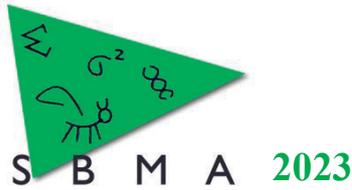
**Abstract:** The aim of this study was to compare the classification of Nelore bulls according to three bioeconomic selection indexes, in addition to the genetic quality index (IQG). The genetic evaluations historical bank provided by Embrapa Pantanal (2020) was used, containing 865 bulls born between 1955 and 2014. The three bioeconomic selection indexes considered production, reproduction, and carcass quality traits. The selection criteria weights were estimated for the same selection objective, but for different economic evaluation units used in livestock, resulting in economic values expressed based on the evaluations: per animal (COW), per Arroba (@) and by Animal Unit (AU) (Portes et al., 2021). The Spearman correlation were high between COW and AU (1.0), IQG and @ (0.86), suggesting similar ordering of the bulls and moderates between IQG and COW (0.64) and AU (0.64) and between @ and COW (0.57) and AU (0.57), indicating reordering of the bulls. Only the arroba index (@) will result in a similar ranking order of bulls to the index (IQG) usually used by the beef cattle breeding program – Embrapa Geneplus.

**Keywords:** beef cattle, economic value, genetic evaluation, selection objectives, multitrait selection

#### **Introdução**

O bioma Pantanal é caracterizado pela dinâmica de seu macroecossistema, marcado por expressivas diferenças entre estações de chuva e seca no decorrer do ano, sendo a maior planície alagada do planeta (IBGE, 2021). A principal atividade econômica exercida em sua extensão é a bovinocultura de corte, caracterizada pelo sistema de produção predominantemente de cria, em regime extensivo (Abreu et al., 2010).

A seleção é uma ferramenta importante para pecuária de corte, visto que a escolha de touros geneticamente superiores resultará no aumento da eficiência e da lucratividade desta atividade econômica. O uso de índices bioeconômicos de seleção para bovinos Nelore criados no Pantanal, proposto por Portes et al. (2021), trata de uma estratégia de seleção multicausal e traz a perspectiva de que diferentes ambientes de produção promovem resultados distintos no desempenho produtivo e na lucratividade e



varia conforme a raça e unidade de medida econômica empregada. Portanto, o presente estudo teve como objetivo comparar a classificação de touros Nelore com a aplicação de três índices bioeconômicos de seleção estimados de acordo com três unidades econômicas: por animal, arroba e unidade animal, além do índice de qualificação genética (IQG).

### Material e Métodos

Foram utilizados dados de 865 touros da raça Nelore, nascidos de 1955 a 2014, com DEP genômica com, no mínimo, 60% de acurácia para a característica de peso ao desmame (PD), bem como acurácia mínima de 30% para as características: peso ao sobreano (PS), ganho pós desmame (GPD), stayability (STAY), área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS), além do IQG (Índice de Qualificação Genética) para cada touro, pertencentes ao banco de dados histórico de avaliações genéticas concedido pela Embrapa Pantanal (2020). Os três índices de bioeconômicos de seleção utilizados foram propostos por Portes et al. (2021) conforme as equações apresentadas a seguir:

- I.  $VACA = -5,77(PD) - 0,33(GPD) + 5,85(PS) + 42,83(PES) - 2,28(AOL) + 0,80(IPP) - 0,49(PV)$ ;
- II.  $@ = 0,07(PD) + 0,11(GPD) + 0,04(PS) + 0,31(PES) + 0,29(AOL) + 0,01(IPP) + 0,41(PV)$ ;
- III.  $UA = -2,93(PD) - 0,16(GPD) + 2,79(PS) + 20,45(PES) - 0,61(AOL) + 0,38(IPP) - 0,25(PV)$

Em que: VACA= índice de seleção para unidade de medida econômica referenciada pelo valor de um animal, @ = valor da arroba e UA = valor da Unidade Animal; PD = peso ao desmame, GPD = ganho médio pós desmame, OS = peso ao sobreano, PES = perímetro escrotal ao sobreano, AOL = área de olho de lombo, IPP = idade ao primeiro parto e PV = peso da vaca adulta.

O Índice de Qualificação Genética (IQG), publicado no sumário do Programa de melhoramento Embrapa – Geneplus, foi utilizado para comparação entre as classificações e foi calculado conforme a equação a seguir:

$$IQG = 0,05(TM120) + 0,15(PD) + 0,15(TMD) + 0,15(PS) + 0,20(GPD) + 0,10(CFS) + 0,10(PES) + 0,10(IPP) \text{ (Geneplus, 2020).}$$

Em que: TM120 = total materno aos 120 dias de idade, PD = peso ao desmame, TMD = total materno ao desmame, PS = peso ao sobreano, GPD = ganho de peso médio pós desmame, CFS = conformação frigorífica ao sobreano, PES = perímetro escrotal ao sobreano e IPP = idade ao primeiro parto.

Na edição dos dados foram mantidos touros que apresentaram DEP's para todas as características utilizadas como critérios de seleção nos índices de seleção. Em seguida as DEP's foram padronizadas para unidade de desvio-padrão, a fim de eliminar as diferenças de unidade de medida entre as mesmas.

Posteriormente, aplicou-se as DEP's aos índices e procedeu-se o ordenamento dos touros. A comparação entre as classificações foi realizada por meio da correlação de Spearman ( $\rho$ ) pelo programa RStudio® (2022) através do comando: cor.test.

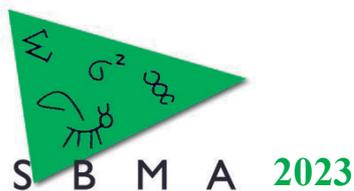
### Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta as correlações de Spearman entre as classificações dos touros em função dos quatro índices de seleção estudados.

Tabela 1 - Correlação de Spearman ( $\rho$ ) entre o ordenamento dos touros em função dos Índices VACA, UA, @ e IQG.

Índice de Seleção	VACA	UA	@
UA	1*	-	-
@	0,57*	0,57*	-
IQG	0,64*	0,64*	0,86*

\*: correlação estatisticamente significativa ( $p < 0,05$ ).



A correlação alta entre os índices VACA e UA sugere que não houve alteração no ordenamento dos touros, assim como entre os índices @ e IQG. Para os demais índices, as correlações menores do que 0,80 indicam mudança na ordem de classificação (Tabela 1).

Na Tabela 2 estão apresentados os dez melhores touros para o índice IQG, utilizado como referência, em relação aos demais índices estudados.

Tabela 2–Comparação da ordem de classificação (OC) dos 10 melhores touros classificados em função do índice IQG em relação aos índices: VACA, UA e @.

ID	OC	IQG	OC	VACA	OC	UA	OC	@
462	1	49,73	12	103,56	13	50,06	4	2,09
542	2	45,02	101	51,97	96	25,87	2	2,16
556	3	44,56	3	135,63	3	64,52	3	2,15
467	4	43,11	1	158,76	1	76,14	1	2,23
725	5	38,86	69	62,87	68	30,38	22	1,67
643	6	38,40	46	71,36	45	34,22	42	1,37
617	7	38,14	19	89,07	19	42,88	58	1,26
480	8	37,94	78	59,93	79	28,51	7	1,98
208	9	37,57	4	131,91	4	63,24	70	1,20
416	10	37,04	117	47,77	109	23,48	5	2,05

ID: identificação do touro.

Pela Tabela 2 pode-se notar que a classificação dos touros pelos índices IQG e @ foram semelhantes entre si, conforme apontou a análise de correlação, sendo que, seis touros apareceram entre os dez primeiros colocados em ambas as listas. Em relação aos índices VACA e UA, quando comparados ao IQG, apenas três touros apareceram na avaliação pelo IQG, resultado que sugere que a escolha dos reprodutores deve ser realizada conforme o objetivo de seleção proposto para que os resultados sejam obtidos de forma a maximizar o ganho genético.

### Conclusão

O uso dos índices bioeconômicos de seleção deve atender aos objetivos de seleção propostos, conforme o programa de melhoramento genético e sistema de produção adotados, visto que pode haver diferença na classificação dos animais, o que influenciará a resposta à seleção.

### Agradecimentos

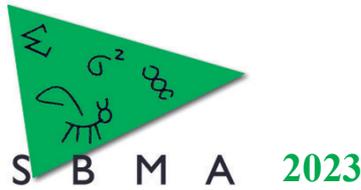
À Embrapa Pantanal pela concessão dos dados e à Universidade Federal do Paraná pela concessão da bolsa de Iniciação Científica (UFPR-TN).

### Literatura citada

Abreu, U. G. P.; McManus, C. and Santos, S. A. 2010. Cattle ranching, conservation, and transhumance in the Brazilian Pantanal. **Pastoralism: Research, Policy and Practice** 1:99-114.

IBGE 2021. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado>. Acesso em: 03 de outubro de 2022.

Portes, J. V.; Menezes, G. R. O.; Silva, L. O. C.; MacNeil, M. D.; Abreu, U. G. P.; Lacerda, V. V. and Braccini Neto, J. 2021. Selection indexes for Nellore production system in the Brazilian Pantanal. **Revista Brasileira de Zootecnia** 50:e20200264.



### Comportamento alimentar como indicador genético de emissão de metano em bovinos Nelore

Joel Alves da Silva<sup>1\*</sup>, Júlia de Paula Soares Valente<sup>2,3</sup>, Sarah Bernardes Gianvecchio<sup>2,3</sup>, Sarah Figueiredo Martins Bonilha<sup>2</sup>, Juliana de Oliveira Santos Marcatto<sup>4</sup>, Lúcia Galvão de Albuquerque<sup>3</sup>, Jessica Moraes Malheiros<sup>2</sup>, Marcelo Sant'Ana Borges<sup>2,5</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> Programa de Pós-Graduação em Produção Animal Sustentável, Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup> Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, IZ, Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

<sup>3</sup> Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>4</sup> Embrapa Meio Ambiente, Jaguariúna, SP.

<sup>5</sup> Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

\*Autor correspondente: joel.alveszootecnia@gmail.com

**Resumo:** O presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de características de emissão de metano (CH<sub>4</sub>, n=746 animais) e comportamento alimentar (n=1254 animais) de bovinos da raça Nelore. Os registros de comportamento alimentar foram coletados em 10 testes de eficiência alimentar nos anos de 2013 a 2022: consumo de matéria seca diário (CMS, kg), tempo de permanência no cocho (TPC, min/dia), frequência de visitas ao cocho em número de visitas diárias (FVC, visitas/dia), e taxa de consumo (TC, g/min). Os registros de emissão de CH<sub>4</sub> foram coletados pela metodologia do gás traçador hexafluoreto de enxofre (SF<sub>6</sub>): emissão diária de CH<sub>4</sub> (CH<sub>4</sub>, g/dia) e emissão de CH<sub>4</sub> por kg de ganho médio diário (CH<sub>4</sub>GMD, g/kg GMD). As estimativas de herdabilidade (h<sup>2</sup>) para CH<sub>4</sub>, e CH<sub>4</sub>GMD foram: 0,357±0,130, e 0,335±0,151. As correlações estimadas foram: 0,737±0,120 (genética) e 0,450±0,328 (fenotípica) entre CH<sub>4</sub> e CMS, e 0,294±0,166 (genética) e 0,249±0,041 (fenotípica) entre CH<sub>4</sub> e TPC. Os resultados sugerem que animais com maior CMS e TPC apresentam maiores emissões de CH<sub>4</sub>, uma vez que esse gás é um subproduto da fermentação entérica.

**Palavras-chave:** consumo de matéria seca, fermentação entérica, ganho médio diário, gases de efeito estufa, herdabilidade, taxa de consumo.

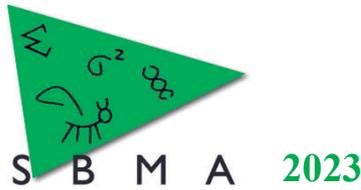
### Feeding behavior as a genetic indicator of methane emissions in Nellore cattle

**Abstract:** The present study aimed to estimate genetic and phenotypic parameters for methane emission (CH<sub>4</sub>, n=746 animals) and feeding behavior (n=1254 animals) traits of Nellore cattle. Feeding behavior records were collected in 10 feed efficiency tests from 2013 to 2022: daily dry matter intake (DMI, kg), time spent in the trough (TPC, min/day), frequency of visits to the trough in number of visits attended (FVC, visits/day), and intake rate (TC, g/min). CH<sub>4</sub> emission records were collected using the sulfur hexafluoride (SF<sub>6</sub>) tracer gas methodology: daily CH<sub>4</sub> emission (CH<sub>4</sub>, g/day) and CH<sub>4</sub> emission per kg of average daily gain (CH<sub>4</sub>ADG, g/kg ADG). Heritability estimates (h<sup>2</sup>) for CH<sub>4</sub> and CH<sub>4</sub>ADG were: 0.357±0.130, and 0.335±0.151. Estimated correlations were: 0.737±0.120 (genetic) and 0.450±0.328 (phenotypic) between CH<sub>4</sub> and DMI and 0.294±0.166 (genetic) and 0.249±0.041 (phenotypic) between CH<sub>4</sub> and TPC. The results suggest that animals with high DMI and TPC also have high CH<sub>4</sub> emissions, since this gas is a by-product of enteric fermentation.

**Keywords:** average daily gain, intake rate, dry matter intake, enteric fermentation, greenhouses gas.

### Introdução

No Brasil a maior parte dos bovinos são criados à pasto. Desta forma, a fonte de alimento disponível nesse tipo de sistema é em sua maioria fibrosa. Portanto, a quantidade de gás metano (CH<sub>4</sub>) emitido pelos animais submetidos a estas dietas é maior, quando comparado à animais criados em confinamento, onde recebem dietas mais concentradas (Berchielli et al., 2012). O CH<sub>4</sub> é um dos gases que contribuem para o aquecimento global, portanto reduzir a emissão de CH<sub>4</sub> por bovinos faz parte dos objetivos da pecuária nacional. Uma forma que vem sendo estudada para mitigar a emissão de CH<sub>4</sub> está relacionada ao melhoramento genético, a partir da identificação e seleção de animais que emitem menos metano. Adicionalmente, a literatura apresenta resultados que demonstram a presença de correlações genéticas e fenotípicas entre as características de emissão de CH<sub>4</sub> e o comportamento alimentar em ovinos (Sepulveda



et al., 2022). Essas correlações podem ser utilizadas para melhorar as avaliações genéticas e identificar animais com genética superior, permitindo a redução das emissões de CH<sub>4</sub>. Vale ressaltar que as características de comportamento alimentar podem ser obtidas com facilidade e a um custo inferior quando comparadas às avaliações que quantificam a emissão de CH<sub>4</sub>. No entanto, são poucos os estudos que tem essa abordagem, principalmente com bovinos de corte. Portanto, o presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e fenotípicos para características de emissão de CH<sub>4</sub> e comportamento alimentar de bovinos da raça Nelore.

### Material e Métodos

Todos os procedimentos de manejo seguiram as diretrizes de bem-estar animal e foram conduzidos de acordo com comitê de ética, conforme a Lei Estadual nº 11.977 do Estado de São Paulo, Brasil.

No presente estudo foram utilizados registros de características de emissão de CH<sub>4</sub> (n = 746) e de comportamento alimentar (n = 1254) de novilhos Nelore, nascidos de 2012 a 2021. As características foram coletadas durante 10 testes de eficiência alimentar (TEAs) realizados no Instituto de Zootecnia, Sertãozinho-SP, nos anos de 2013 a 2022. Os animais avaliados tinham 291±48 dias de idade e pesavam 257±56 kg no início do teste. Durante os TEAs, os animais foram alojados em baias coletivas, equipadas com cochos eletrônicos (GrowSafe System® ou Intergado®), que registraram os dados de comportamento alimentar. As informações de emissão de CH<sub>4</sub> de cada animal foram coletadas por meio da metodologia do gás traçador hexafluoreto de enxofre (SF<sub>6</sub>). A dieta ofertada era composta por silagem de milho (60%), milho moído (25%), farelo de soja (13%), sal mineral (1,75%) e ureia (0,002%) e foi fornecida duas vezes ao dia, aproximadamente às 09h e 15h, com acesso *ad libitum*, assim como a água e o sal mineral.

Para as análises foram consideradas como características de emissão de CH<sub>4</sub>: emissão diária de CH<sub>4</sub> (CH<sub>4</sub>, g/dia), e emissão de CH<sub>4</sub> por kg de ganho médio diário (CH<sub>4</sub>GMD, g/kg GMD). Para comportamento alimentar foram consideradas as seguintes características: consumo de matéria seca diário (CMS, kg), tempo de permanência no cocho (TPC, min/dia), frequência de visitas ao cocho em número de visitas diárias (FVC, visitas/dia), e taxa de consumo (TC, g/min). As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas por análise bi-características pelo software BLUPF90 (Misztal et al., 2002). O modelo utilizado nas análises pode ser escrito em forma de matricial conforme o modelo seguinte:

$$y = X\beta + Z\alpha + e$$

em que,  $y$  é o vetor das características observadas,  $\beta$  é o vetor de efeitos fixos [como classe: grupo teste para as características de comportamento alimentar e grupo de coleta para as características de CH<sub>4</sub>, e como covariável: efeito linear da idade do animal no início do teste e os efeitos linear e quadrático da idade da mãe],  $\alpha$  é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos,  $X$  e  $Z$  são matrizes de incidência para cada efeito, respectivamente, e  $e$  é o vetor de efeitos residuais. Assumiu-se que  $E(y) = X\beta$ ,  $E(\alpha) = 0$ ,  $E(e) = 0$  e  $\text{Var}(\alpha) = A \otimes S_a$  e  $\text{Var}(e) = I \otimes S_e$ , onde  $S_a$  é a matriz de (co)variância entre características de CH<sub>4</sub> e comportamento alimentar,  $S_e$  é a matriz de (co)variância residual,  $A$  é a matriz de parentesco baseada no pedigree (12.568 animais) e  $I$  é matriz identidade. Após a obtenção de todos os valores de herdabilidade, calculou-se a herdabilidade combinada e o erro-padrão da estimativa combinada para cada característica, de acordo com Del Claro et al. (2012), por meio das expressões:

$$h_c^2 = \frac{[\sum h_i^2 / (EPh_i^2)]}{[\sum 1 / (EPh_i^2)]}$$
$$EP(h_c^2) = [1 / \sum (1 / EPh_i^2)]^{0.5}$$

em que,  $h_c^2$  é o valor da estimativa combinada de herdabilidade;  $h_i^2$  é cada estimativa de herdabilidade  $i$  obtida na análise bi-característica, e  $EPh_i^2$  é o erro-padrão de cada estimativa de herdabilidade.

### Resultados e Discussão

As estimativas de  $h^2$  para as características de emissão de CH<sub>4</sub> e comportamento alimentar foram de moderada a alta magnitude (Tabela 1). Esses resultados demonstram o potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento genético. Sepulveda et al. (2022) em rebanho de ovelhas compostas Australianas, obtiveram estimativas seguindo as mesmas magnitudes encontradas no presente estudo, em que os valores de  $h^2$  foram: 0,18±0,05, 0,34±0,05, 0,29±0,05, 0,32±0,05 e 0,47±0,04 para as características CH<sub>4</sub>, CMS, TPC, FVC e TC, respectivamente. Estas estimativas indicam que as características estudadas podem apresentar resposta à seleção genética em ruminantes.

Quanto às estimativas de correlação genéticas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_p$ ) (Tabela 1), algumas foram próximas a zero, indicando que os genes dessas características não são os mesmos. Já as correlações com

magnitudes moderadas e altas mostram que é possível melhorar as análises genéticas multicaracterísticas. As  $r_g$  e  $r_p$  entre  $CH_4$  e CMS foram alta e moderada, indicando que a seleção para menor CMS, levará à diminuição de  $CH_4$ . A  $r_g$  entre  $CH_4$  e TPC foi moderada, indicando que a seleção para menor tempo se alimentando levará a certa redução de  $CH_4$ . Sepulveda et al. (2022) relataram estimativas de  $r_g$  e  $r_p$  de  $0,36 \pm 0,26$  e  $0,67 \pm 0,02$  e  $0,36 \pm 0,19$  e  $-0,04 \pm 0,4$  entre  $CH_4$  e CMS, e entre  $CH_4$  e TPC, respectivamente. O  $CH_4$  é um subproduto da fermentação entérica e quanto maior o CMS maior a produção de  $CH_4$ , sendo esperado que animais com maiores valores de TPC, apresentem maiores valores de CMS.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (diagonal superior) e fenotípicas (diagonal inferior) para as características de emissão de metano e comportamento alimentar de bovinos da raça Nelore

	$CH_4$	$CH_4$ GMD	CMS	TPC	FVC	TC
$CH_4$	$0,357 \pm 0,130$	$-0,066 \pm 0,376$	$0,737 \pm 0,120$	$0,294 \pm 0,166$	$-0,049 \pm 0,193$	$0,154 \pm 0,160$
$CH_4$ GMD	$0,090 \pm 0,041$	$0,335 \pm 0,151$	$0,028 \pm 0,216$	$-0,113 \pm 0,197$	$-0,003 \pm 0,219$	$0,017 \pm 0,194$
CMS	$0,450 \pm 0,328$	$-0,171 \pm 0,041$	$0,471 \pm 0,111$	$0,403 \pm 0,091$	$0,316 \pm 0,103$	$0,132 \pm 0,106$
TPC	$0,249 \pm 0,041$	$-0,093 \pm 0,043$	$0,429 \pm 0,027$	$0,522 \pm 0,118$	$-0,070 \pm 0,11$	$-0,817 \pm 0,037$
FVC	$-0,024 \pm 0,043$	$-0,047 \pm 0,43$	$0,328 \pm 0,029$	$-0,082 \pm 0,033$	$0,421 \pm 0,113$	$0,314 \pm 0,103$
TC	$0,016 \pm 0,044$	$-0,003 \pm 0,045$	$0,120 \pm 0,032$	$-0,761 \pm 0,013$	$0,259 \pm 0,264$	$0,522 \pm 0,110$

$CH_4$ : emissão de metano por dia (g/dia),  $CH_4$ GMD: emissão de metano por ganho médio diário (g/kg GMD), CMS: consumo de matéria seca diário (g/dia), TPC: tempo de permanência no cocho (min/dia), FVC, frequência de visitas ao cocho (visitas/dia), TC: taxa de consumo (g/min).

Mais estudos precisam ser realizados para melhorar o embasamento sobre a seleção para eficiência ambiental na pecuária, com finalidade de redução da emissão de  $CH_4$  por bovinos e manutenção da produção. O banco de dados do presente estudo é um dos mais completos do Brasil, e está em andamento com mais fenotipagens com a finalidade de obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais acuradas.

### Conclusão

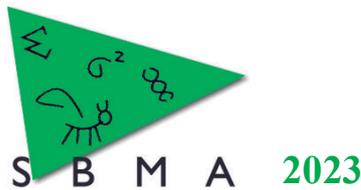
Nosso estudo forneceu resultados sobre a base genética das emissões de metano e comportamento alimentar de um rebanho experimental Nelore. Os resultados demonstram que a utilização de informações como consumo de matéria seca e tempo de permanência no cocho podem auxiliar na identificação de animais que emitem menos metano. Análises adicionais com maior número de animais são aconselháveis para confirmar a associação entre as características mencionadas.

### Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, Proc. 2017/10630-2 e Proc. 2017/50339-5) pelo suporte financeiro para realizar os experimentos no Instituto de Zootecnia. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Código de Financiamento 001), pela bolsa de estudo de JAS, JPSV e SBG. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Proc. 303031/2021-2) pela bolsa de pesquisa de MEZM.

### Literatura citada

Berchielli, T.T., Messana, J.D., & Canesin, R.C. 2012. Produção de metano entérico em pastagens tropicais. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, 13, 954-968.  
Del Claro, A.C., Mercadante, M.E.Z., & Silva, J.A.II. 2012. Meta-análise de parâmetros genéticos relacionados ao consumo alimentar residual e a suas características componentes em bovinos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47, 302-310.  
Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., & Lee, D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). **In:** Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production.  
Sepulveda, B.J., Muir, S. K., Bolormaa, S., Knight, M. I., Behrendt, R., MacLeod, I. M. & Daetwyler, H. D. 2022. Eating Time as a Genetic Indicator of Methane Emissions and Feed Efficiency in Australian Maternal Composite Sheep. **Frontiers in Genetics**, 13.



### Consumo alimentar residual e características reprodutivas em fêmeas da raça Nelore

Renata Brandão de Gois<sup>1\*</sup>, Camila Alves do Santos<sup>1</sup>, Tiago do Prado Paim<sup>1</sup>,  
Luciano Borges Ribeiro<sup>2</sup>, Rogério Fonseca Guimarães Peres<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, IF Goiano, Rio Verde, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Rancho da Matinha, Uberaba, Minas Gerais, Brasil.

<sup>3</sup>FOCO Consultoria Pecuária, Caçu, Goiás, Brasil.

\*Autor correspondente: renata-gois@hotmail.com

**Resumo:** Sabendo-se que a nutrição modula a eficiência produtiva e reprodutiva das fêmeas, e que o consumo alimentar residual (CAR) identifica animais que são mais eficientes em converter alimento em peso vivo, o objetivo desse estudo foi avaliar a relação entre o CAR e as características reprodutivas de fêmeas primíparas precoce em um rebanho da raça Nelore. Para a estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram utilizadas informações referentes a 658 fêmeas. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando a inferência Bayesiana. As correlações genéticas e fenotípicas entre o CAR e as características reprodutivas: dias de gestação da primeira prenhez (DGP), dias para primeira prenhez (DPP) e probabilidade de segundo parto (P2) foram baixos e não apresentaram significância. As correlações entre o CAR e ingestão de matéria seca (IMS) foram positivas. Os resultados sugerem que a seleção de animais mais eficientes (menor CAR) não afeta a reconcepção de primíparas precoce, mas cabe ressaltar que estaríamos selecionando animais com menor IMS. No entanto, esses resultados podem ser influenciados pela intensidade do desafio ambiental imposto a essas fêmeas quando primíparas. Dessa forma é interessante a obtenção de dados similares a este em outras regiões de criação a pasto.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, primíparas precoce, reprodução.

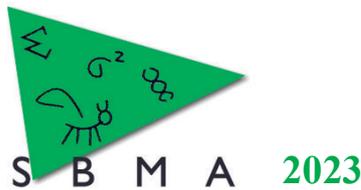
#### Residual feed intake and reproductive characteristics in Nelore females

**Abstract:** Knowing that nutrition modulates the productive and reproductive efficiency of females, and that residual feed intake (RFI) identifies animals that are more efficient in converting feed into live weight, the objective of this study was to evaluate the relationship between RFI and Reproductive traits of early primiparous females in a Nelore herd. Information of 658 females was used to estimate the genetic and phenotypic parameters. Genetic parameters were estimated using Bayesian inference. Genetic and phenotypic correlations between RFI and reproductive traits: days of gestation at first pregnancy (DGP), days to first pregnancy (DPP) and probability of second delivery (P2) were low and not significant. Correlations between RFI and dry matter intake (IMS) were positive. The results suggest that the selection of more efficient animals (lower RFI) does not affect early primiparous reconception, but it should be noted that we would be selecting animals with lower IMS. However, these results may be influenced by the intensity of the environmental challenge imposed on these females when they are primiparous. Thus, it is interesting to obtain data similar to this one in other pasture-raising regions.

**Keywords:** beef cattle, primiparous precocious, reproduction.

#### Introdução

A seleção de animais que melhor aproveitam o alimento ingerido consiste em uma importante estratégia para diminuir os custos e aumentar a produtividade da pecuária de corte. O consumo alimentar residual (CAR) identifica animais que são mais eficientes em converter alimento em peso vivo, ou seja, identifica os animais que possuem o mesmo requerimento de manutenção e ganho de peso, mas com consumo inferior ao esperado. Sabendo que a nutrição modula a eficiência produtiva e reprodutiva das fêmeas, faz-se necessário a seleção de animais mais eficientes em aproveitamento dos alimentos. Quanto a eficiência reprodutiva, a precocidade sexual das novilhas é um indicador reprodutivo de grande impacto na produtividade dos sistemas de cria. O processo de seleção de novilhas precoces reduz a idade ao primeiro parto e aumenta a rentabilidade devido à capacidade dessa fêmea em deixar mais bezerros no sistema



(FERNANDES JÚNIOR et al., 2022). Além disso, novilhas precoces podem produzir bezerros mais pesados ao desmame do que as não precoces (TERAKADO et al., 2014). É importante destacar que as exigências nutricionais das novilhas precoces tendem a aumentar na época da primeira reconcepção quando ainda estão em fase de crescimento e lactantes. Neste sentido, o objetivo desse estudo foi avaliar o consumo alimentar residual e as características reprodutivas de fêmeas primíparas precoce em um rebanho de fêmeas bovinas da raça Nelore.

#### Material e Métodos

Para a estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram utilizadas informações referente a 658 fêmeas da raça Nelore, puro de origem (PO). As informações foram oriundas de seis provas de eficiência alimentar realizadas na Fazenda Rancho da Matinha, localizada em Uberaba, MG, Brasil. Os animais são oriundos das safras de nascimento de 2011 a 2016, sendo esses avaliados conforme formação do grupo de contemporâneo. A idade média dos animais no início das provas foi de 18 meses. Os dados de eficiência reprodutiva são referentes a estações de monta que ocorreram de 2012 a 2017 nos meses de setembro a novembro, com duração de 90 dias. As fêmeas da safra foram expostas a reprodução com idade média de 13 meses e após o diagnóstico final as fêmeas gestantes foram avaliadas para eficiência alimentar. Para as análises foram consideradas apenas as fêmeas que foram expostas a reconcepção como primíparas. Os dias de gestação da primeira prenhez (DGP) e os dias de gestação da segunda prenhez (DGS) foram obtidos da seguinte forma: data de nascimento do bezerro – data da concepção que gerou respectiva prenhez. Os dias para primeira prenhez (DPP) foi calculado da seguinte forma: data da concepção que gerou a respectiva prenhez - dia do início da estação de monta. A probabilidade de segundo parto (P2) dos nascimentos da segunda estação de nascimento. As análises fenotípicas foram realizadas por meio do programa R Core Team (2021). As análises de correlação de Pearson foram realizadas utilizando o pacote Hmisc (Frank e Harrell Jr, 2021) e a função corr. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando a inferência Bayesiana, utilizando o pacote MCMCglmm (Hadfield 2010) no programa computacional R Core Team (2021). Para cada modelo estimado foi gerado uma cadeia de 1.00000 milhão de interações, com um descarte inicial de 50.000 mil amostras (burnin), com um intervalo de coleta das amostras em 2.500 (thin). Ano e mês de nascimento como efeito fixo e animal como efeito aleatório. A matriz de parentesco utilizada nas análises foi construída a partir de informações de pedigree dos animais avaliados nas provas de Eficiência Alimentar da fazenda, constituindo uma base de dados de 5.547 animais.

#### Resultados e Discussão

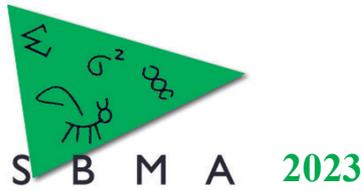
A correlação fenotípica e genética entre CAR e IMS foi positiva e de alta magnitude assim é esperado que a seleção em qualquer uma dessas características promoverá resposta na outra na mesma direção, ou seja, animais de menor CAR também apresentaram menor Ingestão de matéria seca (IMS), o que não necessariamente é o desejável uma vez que o esperado é selecionar um animal que consome menos, mas que não apresente menor ganho de peso como podemos observar na tabela 1.

Tabela 1. Correlações genéticas e correlações fenotípicas para as características de eficiência alimentar e eficiência reprodutiva em fêmeas primíparas precoce Nelore

Características		Genética	Fenotípica
CAR	IMS	<b>0,74*</b>	0,82
CAR	DGS	<b>-0,01*</b>	0,00
IMS	CA	-0,02	<b>0,14*</b>
IMS	PV <sup>0,75</sup>	<b>0,61*</b>	<b>0,11*</b>
DGP	PV <sup>0,75</sup>	0,88	<b>-0,11*</b>
P2	DPP	-0,17	<b>-0,11*</b>

CAR: Consumo alimentar residual ajustado para gordura; IMS: Ingestão de matéria seca; CA: Conversão Alimentar; PV<sup>0,75</sup>: Peso vivo metabólico; DGP: Dias de gestação da primeira prenhez; DGS: Dias de gestação da segunda prenhez; DPP: Dias para primeira prenhez e P2: Probabilidade de segundo parto.

A correlação entre P2 e DPP foi negativa, ou seja, novilhas que demoram a engravidar na primeira gestação na estação de monta tem menor probabilidade de ficar prenhe na segunda concepção e consequentemente menor probabilidade de segundo parto.



Basarab et al. (2011) afirmaram que o CAR ajustado para gordura não está correlacionado com características de fertilidade, indicando a importância do ajuste para deposição de gordura. Nossos resultados sugerem que os resultados de CAR não tem relação com a reconcepção de primíparas precoce, mas cabe ressaltar que estaríamos selecionando animais com menor IMS. Também é importante destacar que as fêmeas avaliadas em questão são animais criado a pasto, porém com um desafio ambiental menor, pois são fêmeas criadas em uma região com clima mais favorável e com maior produção de forragem, ou seja, com maior potencial de disponibilidade de energia quando comparada a outras regiões de criação de Nelore no Brasil.

#### **Conclusão**

Os resultados sugerem que a seleção de animais mais eficientes (menor CAR) não afeta a reconcepção de primíparas precoce, mas cabe ressaltar que estaríamos selecionando animais com menor IMS. No entanto, esses resultados podem ser influenciados pela intensidade do desafio ambiental imposto a essas fêmeas quando primíparas. Dessa forma é interessante a obtenção de dados similares a este em outras regiões de criação a pasto.

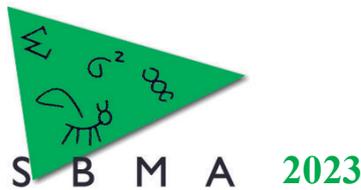
#### **Literatura citada**

Basarab JA., Colazo MG., Ambrose DJ., Novak S., McCartney D. & Baron V.S. 2011. Residual feed intake adjusted for backfat thickness and feeding frequency is independent of fertility in beef heifers. **Canadian Journal of Animal Science**, 91, 573–584.

Berry D.P., Crowley J. J. 2012. Residual intake and gain; a new measure of efficiency in growing cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, 90, 109-115.

Terakado APN., Pereira MC., Yokoo MJ. & Albuquerque L.G. 2014. Avaliação da produtividade de novilhas Nelore sexualmente precoces. **Animals**, 9, 938–943.

Fernandes Júnior G. A., Silva D. A., Mota L. F. M., de Melo T. P., Fonseca L. F. S., Silva, D. B. D. S., Carvalheiro, R., & Albuquerque, L. G. 2022. Sustainable Intensification of Beef Production in the Tropics: The Role of Genetically Improving Sexual Precocity of Heifers. **Animals**, 12, 174-199.



### Consumo alimentar residual no Programa de Melhoramento Genético Natura

Mario Luiz Piccoli<sup>1\*</sup>, Diercles Francisco Cardoso<sup>1</sup>, Haroldo Henrique Rezende Neves<sup>1</sup>, Daniela Guarchez Adamich<sup>2</sup>, Lucas Cardoso Azeredo<sup>2</sup>, Jaime Urdapilleta Tarouco<sup>2</sup>

<sup>1</sup>GenSys Consultores Associados, Porto Alegre/RS, Brasil

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia – UFRGS, Porto Alegre/RS, Brasil

\*Autor correspondente: [gensys.piccoli@gmail.com](mailto:gensys.piccoli@gmail.com)

**Resumo:** Consumo alimentar residual (CAR) tem sido avaliado pelo Programa de Melhoramento Genético Natura através da parceria com a Estação Experimental Agronômica (EEA) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) desde 2017. Três classes (alto, baixo e médio) foram definidas em um conjunto de 196 animais considerando seus valores estimados de CAR e da DEP CAR. Médias fenotípicas foram computadas em cada classe, considerando as características peso (PS), CAR, ganho médio diário (GMD), perímetro escrotal (PE), altura medida na garupa (ALT), área de olho de lombo (AOL), gordura intramuscular (GIM) e espessura de gordura entre 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> costelas (EGS) e na garupa (EGP8) coletados no final do período de teste. A análise de variância revelou diferenças significativas entre médias de CAR e DEP de CAR e não significativo para as demais. Resultados de correlação genética também não foram significativos. Estes resultados preliminares sugerem que a seleção para CAR pode não afetar as principais características de produção, de composição de carcaça e reprodutivas avaliadas no programa. Contudo, futuros estudos seguirão sendo realizados mediante aumento no acúmulo de dados.

**Palavras-chave:** altura, eficiência alimentar, ganho médio diário, perímetro escrotal, peso, ultrassom.

### Residual feed intake in the Natura Genetic Improvement Program

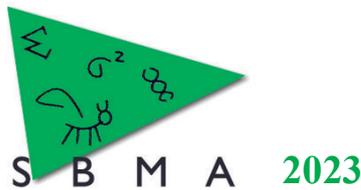
**Abstract:** Residual feed intake (CAR) has been evaluated by Natura Breeding Program, in a collaborative effort with the Experimental Agronomic Station (EEA) of the Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS). Three classes (high, low, and medium) were defined from 196 animal according with their estimated RFI and EPD RFI values. Phenotypic means were estimated within class for the traits RFI, weight (PS), average daily gain (GMD), scrotal circumference (PE), height (ALT), ribeye Area (AOL), backfat thickness (EGS), rump fat thickness (EGP8) and intramuscular fat (GIM) recorded at the end of the feed efficiency test. Analysis of variance showed a significant difference among classes' CAR averages and no significant difference for any other traits. Genetic correlation results were also not significant. Our results suggests that selection for RFI might not affect the main productive, carcass and reproductive traits evaluated in the breeding program. Nevertheless, further studies will be performed through increasing phenotypic data.

**Keywords:** average daily gain, height, feed efficiency, scrotal circumference, ultrasound, weight.

### Introdução

O Brasil possui o maior rebanho bovino comercial do mundo, formado por 224,6 milhões de cabeças (IBGE, 2021) e o cruzamento industrial representa cerca de 11% do efetivo nacional de bovinos de corte (FNP, 2011). A perpetuação da pecuária de corte depende amplamente da capacidade da atividade em se manter lucrativa frente a elevações nos custos de produção e limitações na disponibilidade de área pastoril. Portanto, a elevação na eficiência de produção com o uso de material genético superior é de fundamental importância no cenário nacional. Características de crescimento, composição de carcaça e fertilidade tem sido os principais objetivos de seleção dos programas de melhoramento genético. Contudo, investimento em testes de eficiência alimentar tem sido realizados com o intuito de otimizar a utilização de recursos disponíveis, identificando animais que consumam menos para uma mesma unidade de produto.

No sistema de produção de carne bovina, os gastos com a alimentação dos animais correspondem a maior parte dos custos totais, sendo necessária a redução da quantidade de alimento por unidade de carne produzida para o aumento da eficiência e lucratividade. O consumo alimentar residual (CAR) é uma característica proposta para esta finalidade, sendo definida como a diferença entre o consumo alimentar observado e o predito com base nas necessidades de manutenção e produção (Koch et al. 1963). A seleção



para CAR, potencialmente resulta em redução de 9% a 10% nos custos de manutenção e de 25% a 30% na emissão de metano, sem afetar o ganho médio diário (GMD) e tamanho (ALT) dos animais (Basarab et al., 2003), ou seja, o uso do CAR como ferramenta de seleção, pode acarretar em animais mais eficientes e beneficiar todos os níveis do sistema de produção. O objetivo deste estudo foi analisar o comportamento das principais características de produção em relação aos níveis alto, médio e baixo de CAR em bovinos da raça Brangus.

#### Material e Métodos

Registros fenotípicos de 196 animais Brangus submetidos a testes de eficiência alimentar, entre os anos de 2017 e 2021, realizados na Estação Experimental Agronômica (EEA), na cidade de Eldorado do Sul/RS, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) foram utilizados neste estudo, incluindo dados de CAR, peso ao sobreano (PS), ganho médio diário (GMD), altura na garupa (ALT), perímetro escrotal (PE), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea medida entre a 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> costelas (EGS) e na garupa (EGP8) e gordura intramuscular (GIM), coletados no final do período. Os testes de eficiência alimentar foram conduzidos com base nas recomendações da Beef Improvement Federation Guidelines (BIF, 2018) em sistema Intergado com 12 cochos eletrônicos modelo AF 1000 MASTER GATE e 3 bebedouros modelo WD 1000 MASTER GADE. Para os dados de ultrassonografia, foram utilizados equipamentos Aloka SSD 500 e Exago IMV e posteriormente interpretadas por técnico habilitados pelo Ultrasound Guidelines Council (UGC) com auxílio do software UICS (CUP Lab<sup>®</sup>, LLC-USA). Os animais foram classificados em três categorias de acordo com os valores estimados de CAR, incluindo alto (> 0.84), baixo (< -0.84) e médio (> -0.84 e < 0.84) CAR. Os teste de análise de variância e as correlações genéticas foram conduzidos através do software SAS v.9.3. (SAS Inst. Inc., Cary, NC). O modelo de análise de variância incluiu os efeitos de idade do animal, sexo, ano de realização do teste e classe de CAR. As DEPs utilizadas para cálculo das correlações genéticas foram preditas pelo Programa de Melhoramento Genético Natura (NATURA, 2023).

#### Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta as médias de cada característica nas três classes de CAR e a Tabela 2 as correlações genéticas entre as DEPs. As médias estimadas para CAR e DEPCAR diferiram estatisticamente ( $P < 0,001$ ) entre as classes enquanto as demais características não apresentaram diferenças significativas ( $P > 0,01$ ). As correlações genéticas também não foram estatisticamente significativas. Estes resultados sugerem que seleção para CAR não afeta as principais características de produção tais como PS, GMD, ALT, PE e as características de ultrassonografia. Resultados semelhantes foram obtidos por Carsten et al. (2002), Basarab et al. (2003). A seleção para CAR produz animais com menor consumo de matéria seca e com desempenho semelhante ou superior na comparação com animais de pior CAR (Archet et al., 1997, Arthur et al., 2001), o que possibilita a redução no uso de recursos naturais por unidade de carne produzida. A seleção por CAR possibilita aumentar a produtividade do sistema e reduzir a utilização de áreas de pastagens, liberando mais terras para a produção agrícola. Apesar de não ter sido objeto de estudo neste trabalho, vale salientar que muitos autores relacionam a seleção para CAR com a obtenção de animais que emitem menor quantidade de gases de efeito estufa (Basarab et al., 2003, Herd et al. 2002, Nkrumah et al. 2006), auxiliando a redução nos efeitos ambientais negativos da produção animal e cumprimento dos compromissos firmados no protocolo de Kyoto para redução de metano.

Alguns estudos sugerem que o CAR, como medida de eficiência alimentar, pode trazer efeitos negativos na deposição de gordura e por consequência na reprodução, pois fêmeas classificadas de baixo CAR parem mais tarde na estação de parto (Donoghue et al. 2011). Embora nossos resultados preliminares, aqui apresentados, não corroboram a associação desfavorável entre CAR e deposição de gordura, esta tendência seguirá sendo monitorada na base de dados Natura de acordo com o aumento no volume de dados. Inclusive, considerando alternativas como o uso do valor de CAR ajustado para a espessura de gordura subcutânea (Basarab et al., 2003, Schenkel et al., 2004). Os testes de eficiência alimentar não podem ser aplicados para todos os animais em função dos custos e estrutura necessária. Sendo assim, a genotipagem dos animais participantes dos testes é de fundamental importância e permitirá a determinação de uma equação de predição genômica que poderá ser aplicado a animais que não participam dos testes, mas igualmente são genotipados.

Tabela 1. Média e desvio padrão para os níveis baixo, médio e alto CAR

Característica	Baixo	Médio	Alto	P
CAR	-0,98 ± 0,38	-0,13 ± 0,29	0,86 ± 0,35	<.0001
DEP CAR <sup>1</sup>	-0,14 ± 0,07	0,00 ± 0,03	0,15 ± 0,06	<.0001
PS	386,03 ± 89,86	359,37 ± 78,19	370,32 ± 87,86	NS
ALT	122,19 ± 7,32	121,16 ± 5,21	121,31 ± 5,56	NS
PE	35,06 ± 3,75	33,69 ± 5,11	35,22 ± 4,65	NS
GMD	1,48 ± 0,65	1,33 ± 0,57	1,31 ± 0,63	NS
AOL	78,13 ± 11,63	73,93 ± 11,28	77,69 ± 10,73	NS
EGS	4,15 ± 1,15	3,68 ± 1,34	4,65 ± 1,82	NS
EGP8	6,07 ± 2,15	5,65 ± 2,46	6,89 ± 3,19	NS
GIM	2,27 ± 0,51	2,38 ± 0,46	2,54 ± 0,42	NS

<sup>1</sup> A divisão em classes levou em consideração os valores preditos de DEP CAR.

CAR: consumo alimentar residual; PS: peso ao sobreano; ALT: altura da garupa; PE: perímetro escrotal; GMD: ganho médio diário; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura entre 12<sup>a</sup>-13<sup>a</sup> costela; EGP8: espessura de gordura na garupa; GIM: gordura intramuscular; NS: diferença não significativa.

Tabela 2. Correlações genéticas entre consumo residual alimentar e demais características

	GNF	TS	PE	AOL	EGS	EGP8	GIM
CAR <sup>1</sup>	-0,08	-0,02	0,07	-0,02	0,08	0,14	0,10

<sup>1</sup> Todas as correlações foram estatisticamente não significativas.

CAR: consumo alimentar residual; GNF: ganho de peso do nascimento ao sobreano; TS: escore de tamanho ao sobreano; PE: perímetro escrotal; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura entre 12<sup>a</sup>-13<sup>a</sup> costela; EGP8: espessura de gordura na garupa; GIM: gordura intramuscular.

### Conclusão

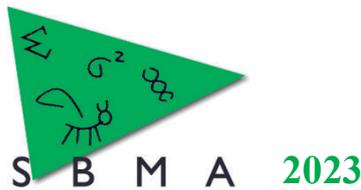
Uma vez que os resultados demonstraram que o CAR é independente do crescimento e mérito de carcaça medido pela ultrassonografia, a seleção para CAR negativo permitirá que os produtores obtenham animais mais produtivos e maior lucratividade em todo o sistema de produção.

### Agradecimentos

Os autores agradecem aos associados do Programa de Melhoramento Genético Natura que enviaram animais para os testes de eficiência alimentar e a Estação Experimental Agronômica.

### Literatura citada

- Basarab, J.A. et al. 2003. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. **Canadian Journal of Animal Science** 83: 189-204.
- BIF, Beef Improvement Federation. Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs, 9th Ed revised (2018). Available at: <<http://beefimprovement.org/library-2/bif-guidelines>>. Accessed on: April 6, 2022.
- Donoghue, K. A., et al. 2011. Onset of puberty and early-life reproduction in Angus females divergently selected for post-weaning residual feed intake. **Animal Production Science** 51:183–190.
- Koch, R. M., et al. 1963. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science** 22:486-494
- NATURA, Programa de Melhoramento Genético Natura. Available at: <<https://gensys.com.br/sumario/natura/>>. Accessed on: April 30, 2023.
- Schenkel, F. S; Miller. S. P. and Wilton J. W. 2004. Genetic parameters and breed differences for feed efficiency, growth, and body composition traits of young beef bulls. **Canadian Journal of Animal Science** 84:177-185.



**Contribuição dos efeitos de genearcas e linhagens modernas da raça Nelore na diferença esperada na progênie para a maciez da carne**

Byanka Bueno Soares<sup>1,2\*</sup>, Ludmilla Costa Brunes<sup>2</sup>, Fernando Baldi<sup>3</sup>, Larissa Bordin Temp<sup>3</sup>, Roberto Daniel Sainz<sup>1,4</sup>, Ovídio Carlos de Brito<sup>5</sup>, Eduardo da Costa Eifert<sup>2</sup>, Marcos Fernando Oliveira e Costa<sup>2</sup>, Cláudio Ulhoa Magnabosco<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Goiás (UFG), Goiânia, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>4</sup>Department of Animal Science, University of California, Davis, USA.

<sup>5</sup>Marca OB, Pontes e Lacerda, Mato Grosso, Brasil.

\*Autor correspondente: [byankabueno.zootecnista@hotmail.com](mailto:byankabueno.zootecnista@hotmail.com)

**Resumo:** Objetivou-se avaliar a relação entre genearcas e linhagens modernas na raça Nelore e a diferença esperada na progênie (DEP) para maciez da carne (DMAC). Utilizou-se informações fenotípicas de 892 animais, fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). A DEP foi estimada em análise uni-característica, utilizando modelo animal e melhor preditor linear não viesado em passo único genômico (ssGBLUP). O efeito dos genearcas e linhagens modernas sobre a DEP para maciez foi avaliado utilizando análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey-Kramer a 5% de probabilidade. Foi observado efeito significativo ( $P < 0,05$ ) dos genearcas e linhagens modernas da raça Nelore sobre a DMAC. Golias Imp. foi o genearca que se destacou por apresentar a menor média negativa para maciez da carne. No entanto, Kavardi Imp. e Nagpur Imp. apresentaram valores estatisticamente semelhantes à de Golias Imp. Entre as linhagens modernas, os menores valores para DMAC foram observados para Sonolento OB, Ludy de Garça, REM Armador, Quark Col, Provador e 1646 da MN, sugerindo que a utilização destas linhagens modernas poderá levar a produção de progênies com DEP negativa para maciez. A utilização de reprodutores com maior potencial para produção de carne macia dentro de uma determinada linhagem ou genearca pode resultar em avanços significativos na melhoria da maciez da carne.

**Palavras-chave:** Força de cisalhamento, qualidade da carne, variabilidade genética, zebu.

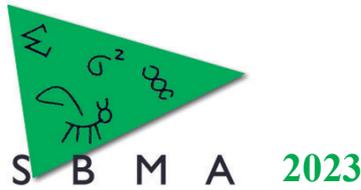
**Contribution of the effects of founders and modern lineages of Nellore breed to the expected progeny difference for meat tenderness**

**Abstract:** The aim was to evaluate the relationship between founders and modern lineages of the Nellore breed and the expected progeny difference (EPD) for meat tenderness (EMT). Phenotypic information of 892 animals provided by the National Association of Breeders and Researchers (ANCP) was used. EPD was estimated in a single-trait analysis, using an animal model and the single-step genomic best linear unbiased predictor (ssGBLUP). The effect of founders and modern lineages on EMT was evaluated using analysis of variance and means were compared by Tukey-Kramer test at 5% probability. A significant effect ( $P < 0.05$ ) of founders and modern lineages on EMT was observed. Golias Imp. it was the founder that display the lowest negative meat tenderness mean. However, Kavardi Imp. and Nagpur Imp. showed statistically similar values. Among the modern lineages, the lowest values for EMT were observed for Sonolento OB, Ludy de Garça, REM Armador, Quark Col, Provador, and 1646 da MN, suggesting that the use of these modern lineages may lead to the production of offspring with EPD negative for tenderness meat. The choice of sires with greater potential for tender meat production within a given lineage or founders can result in significant advances in improving meat tenderness.

**Keywords:** Genetic variability, meat quality, shear force, zebu.

**Introdução**

Reconhecida como uma característica multifatorial, a maciez da carne exerce grande influência sob a aceitação e fidelização pelos consumidores. Contudo, é uma característica de difícil mensuração para ser



incluída nas rotinas de avaliação fenotípica e genética, uma vez que, a mesma só é mensurada após o abate dos animais e é amplamente influenciada por aspectos ambientais, o que dificulta e encarece a identificação de animais com carne de melhor maciez, limitando assim, o progresso genético. Essa característica é afetada por diversos fatores *ante mortem e post mortem* (Pogorzelski et al., 2022), sendo a genética responsável por até 30% da variação (Koch et al., 1982 citado por Kirinus et al., 2014). Assim, apesar da dificuldade de avaliação, a genética contribui de forma significativa para a variação total da maciez, podendo ser eficientemente explorada nos programas de seleção. Diante disso, objetivou-se, com este trabalho, avaliar a relação entre genearcas e linhagens modernas na raça Nelore e a diferença esperada na progênie (DEP) para maciez da carne, identificando aqueles com maior capacidade de produzir progênes também com maior maciez, contribuindo para o progresso genético.

#### Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas de 892 animais para força de cisalhamento (WBSF - *Warner-Bratzler Shear Force*) e 2.631.881 informações de pedigree, fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto - SP). Os genearcas avaliados foram os responsáveis pela base formadora das principais linhagens de Nelore no Brasil: Akasamu Imp., Chekurupadu Imp., Godhavari Imp., Golias Imp., Gonthur Imp., Índio OM., Karvadi Imp., Nagpur Imp., Rasta Imp., Taj Mahal Imp. As novas famílias ou chamados linhagens modernas foram identificadas baseando-se no número de filhos avaliados ou pela frequência de utilização em acasalamentos nas fazendas participantes da ANCP. Desta maneira, foram definidos os seguintes touros: Backup, D4685 da MN (Campeão), Fajardo da GB, Ludy de Garça, 1646 da MN, Provador, Gim de Garça, Quark Col, REM Armador, Riacho OB, Sonolento OB, Rastã OB, Rambo da MN, REM Torixoréu, Sherlock MAT, REM USP, e para aqueles animais cujo pedigree não encaixasse dentre estes touros foi atribuído o termo “Outros fundadores”. Utilizando análise de pedigree, identificou-se o genearca ou a linhagem moderna de maior contribuição para cada indivíduo. Os dados foram submetidos a controle de qualidade, com a exclusão das informações que estavam acima ou abaixo de 3,5 desvios-padrão em relação à média do grupo de contemporâneo (GC), que foi formado concatenando animais de mesmo rebanho, sexo, ano e estação de nascimento lote de manejo e grupo de abate. Além disso, foram removidos os genearcas ou linhagens modernas com menos de 5 observações, visando garantir a variabilidade. O valor genético e a DEP foram estimados em análise uni-característica, utilizando modelo animal e melhor preditor linear não viesado em passo único genômico (ssGBLUP) (Aguilar et al., 2010), utilizando o algoritmo APY e com auxílio do programa BLUPF90. O modelo incluiu os efeitos genéticos aditivos e residuais como aleatórios e o GC como fixo, além da idade do animal como co-variável. O efeito dos genearcas e linhagens modernas sobre a DEP para maciez foi avaliado utilizando análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey-Kramer a 5% de probabilidade. Os animais foram agrupados quanto a DEP para maciez considerando os valores negativos e positivos. Animais com DEPs negativas tendem a produzir progênes com menor WBSF, ou seja, carne mais macia.

#### Resultados e Discussão

Foi observado efeito significativo ( $P < 0,05$ ) dos genearcas e linhagens modernas da raça Nelore sobre a DEP para maciez da carne (DMAC) (Tabela 1). Esta característica é avaliada com base na força de cisalhamento sendo expressa em kgf. Nesse sentido, quanto menor a força dispendida mais macia é a carne, com isso os valores negativos de DMAC são desejáveis. Entre os genearcas avaliados Golias Imp. foi o único que apresentou média negativa para maciez da carne ( $-0,022 \pm 0,01$ ). Ainda assim, Kavardi Imp. e Nagpur Imp. apresentaram valores estatisticamente semelhantes, com melhor desempenho para maciez. Resultados similares foram apresentados por Bonin et al. (2014), com destaque para Golias Imp. e DEP negativa para Kavardi Imp. Considerando as linhagens modernas, os menores valores para DMAC foram observados para Sonolento OB, Ludy de Garça, REM Armador, Quark Col, Provador e 1646 da MN. Além disso, Ludy de Garça e Quark Col deram origem a maior porcentagem de progênes de melhor maciez da carne (11% e 9% respectivamente) com uma média para DMAC de  $-0,039 \pm 0,01$  e  $-0,003 \pm 0,01$ , respectivamente. Estes resultados sugerem que a utilização destas linhagens modernas poderá levar a produção de progênes com DEP negativa para maciez e com potencial genético para redução da WBSF. Ainda assim, é importante ressaltar que a maciez é uma característica multifatorial, devendo-se dar atenção sempre aos fatores não genéticos e ambientais que podem interferir nos resultados de seleção.

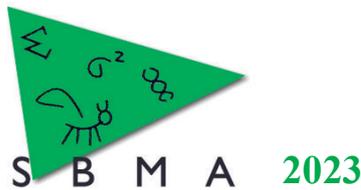


Tabela 1. Médias com seus respectivos desvios-padrão (DP) para diferença esperada na progênie para maciez da carne (DMAC) para genearcas e linhagens modernas da raça Nelore

Genearca	Nº	DMAC		Nº	DMAC	
		Média±DP	Linhagem Moderna		Média±DP	
Akasamu Imp.	45	0,139±0,02a	Riacho OB	6	0,185±0,05a	
Godhavari Imp.	93	0,040±0,01b	Backup	37	0,062±0,05ab	
Kavardi Imp.	567	0,013±0,00bc	D4685 da MN (Campeão)	7	0,018±0,04b	
Taj Mahal Imp.	7	0,032±0,04b	Rasta OB	56	0,048±0,01ab	
Nagpur Imp.	54	0,015±0,02bc	1646 da MN	44	0,007±0,02bc	
Golias Imp.	125	-0,022±0,01c	Rambo da MN	24	0,042±0,02ab	
			Gim de Garça	11	0,078±0,03ab	
			Outros fundadores	419	0,022±0,01b	
			Provador	10	0,004±0,04bc	
			Quark Col	65	-0,003±0,01bc	
			Ludy de Garça	73	-0,039±0,01bc	
			REM Armador	32	-0,023±0,02bc	
			Sonolento OB	6	-0,040±0,05bc	
Valor de P		0,0001			0,0001	
Valor de P para Idade		0,3266			0,3349	
Valor de P para GC		0,7475			0,7762	

GC: grupo de contemporâneo. Nº: número de observações. Médias seguidas por letras minúsculas diferentes na coluna diferem pelo teste de Tukey-Kramer ( $P < 0,05$ ).

### Conclusão

A escolha de reprodutores dentro de uma determinada linhagem pode resultar em avanços significativos na melhoria da maciez da carne. Animais que possuem maior contribuição dos genearcas Golias Imp., Kavardi Imp. e Nagpur Imp. e das linhagens modernas Sonolento OB, Ludy de Garça, REM Armador, Quark Col, Provador e 1646 da MN podem ser utilizados para obtenção de ganhos genéticos para maciez da carne em bovinos Nelore.

### Agradecimentos

Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) pelo apoio financeiro de concessão de bolsa de doutorado ao primeiro autor (Bolsa nº 202110267000440) e à Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF) pelo auxílio financeiro (Processo nº 00193.00000922/2021-1). Os autores também agradecem às fazendas Agronova, Nelore Marca OB, Nelore CV e Fazenda Panorama e à Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) pelo fornecimento das informações fenotípicas e genômicas.

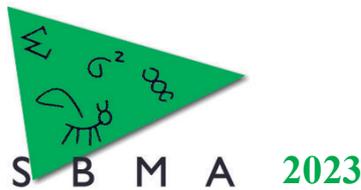
### Literatura citada

Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D., Legarra, A., Tsuruta, S. & Lawlor, T. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**. 93, 743–752.

Bonin, M.N., Ferraz, J.B.S., Eler, J.P., Silva, S.L., Rezende, F.M., Cucco, D.C., Carvalho, M.E., Silva, R.C.G. & Oliveira, E.C.M. 2014. Características de carcaça e qualidade de carne em linhagens da raça Nelore. **Ciência Rural**, 44, 1860-1866.

Kirinus, J.K., Fruet, A.P.B., Teixeira, C., Dörr, A.C. & Nörnberg, J.L. 2014. Aplicação da genética molecular para a melhoria da qualidade da carne bovina. **Revista Eletrônica em Gestão, Educação e Tecnologia Ambiental**, 18, 165-174.

Pogorzelski, G., Pogorzelska-Nowicka, E., Pogorzelski, P., Póltorak, A., Hocquette, J.F. & Wierzbicka, A. 2022. Towards an integration of pre- and post-slaughter factors affecting the eating quality of beef. **Livestock Science**, 255.



**Correlação fenotípica das características ultrassonográficas com as medidas de frigoríficas e da carne de machos castrados confinados da raça Nelore.**

Leonardo de Oliveira Seno<sup>1\*</sup>, Mariana Cardoso Wanderley<sup>1</sup>, Larissa Dias dos Santos<sup>1</sup>, Maria Fernanda de Castro Burbarelli<sup>1</sup>, Gabriel de Lima Borges<sup>2</sup>, Alexandre Rodrigo Mendes Fernandes<sup>1</sup>, André Luiz Julien Ferraz<sup>3</sup>, Diego Gomes Freire Guidolin<sup>4</sup>, Humberto Tonhati<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Faculdade de Ciências Agrárias (FCA), Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, MS, Brasil.

<sup>2</sup>Empresa Ultragen – U. S. Carcaça, Campo Grande, MS, Brasil.

<sup>3</sup>Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul (UEMS), Aquidauana, MS, Brasil.

<sup>4</sup>Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FAMEZ), Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, Brasil.

<sup>5</sup>Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [leonardoseno@ufgd.edu.br](mailto:leonardoseno@ufgd.edu.br)

**Resumo:** O objetivo do trabalho foi avaliar as correlações entre as medidas ultrassonográficas de carcaça com medidas tomadas após o abate e as características físicas da carne, relacionando-as com qualidade de carcaça e carne. Foram utilizados animais comerciais da raça Nelore, sendo 40 machos castrados aos 18 meses e abatidos aos 25 meses, com  $\pm 630$  kg de peso vivo. Os animais foram mantidos do nascimento ao sobreano, em pastagem de *Urochloa brizantha* cv. MG-5, com sal mineral *ad libitum* e terminados em confinamento, por 120 dias, em dietas com silagem de milho e concentrado. Os coeficientes de correlação linear simples de Pearson foram computados com significância de 5%. Foi observada correlação positiva significativa de área de olho de lombo por ultrassonografia (AOL\_US) com peso equivalente a 20-22@ (PA), peso de carcaça quente (PCQ) e rendimento de carcaça (RC) (0,38; 0,54 e 0,41, respectivamente), indicando que AOL\_US tem relação com o rendimento dos cortes comerciais. Para espessura de gordura subcutânea por ultrassonografia (EGS\_US) observamos correlação positiva com peso vivo (PV) (0,31) e negativa com RC (-0,56), indicando que animais mais pesados tendem depositar gordura, porém essa gordura excessiva é retirada na toalete, diminuindo o rendimento de carcaça. Observou-se que marmoreio (MARM) correlacionou-se negativamente com força de cisalhamento (FC) (-0,419), indicando que o aumento da gordura intramuscular reduz a força necessária para romper as fibras.

**Palavras-chave:** Cadeia da carne, Crescimento dos tecidos, Força de cisalhamento, *longissimus dorsi*.

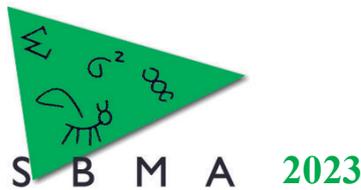
**Phenotypic correlation of ultrasonographic traits with slaughtering and meat physical characteristics of Nelore feedlot castrated steers**

**Abstract:** The aim of this study was to evaluate the correlations between the ultrasonographic carcass measurements with measures taken after slaughtering and the meat physical characteristics, relating them to carcass and meat quality. Commercial Nelore animals were used, 40 castrated steers at 18 months and slaughtered at 25 months,  $\pm 630$  kg of live weight. Steers were kept from birth to yearling, on *Urochloa brizantha* cv. MG-5, with mineral salt *ad libitum* and finished in feedlot, for 120 days, feed with corn silage and concentrate. Pearson's simple linear correlation coefficients were computed at 5% significance. A positive correlation was observed between ultrasonography ribeye area with 20-22@ equivalent weight, hot carcass weight and dressing percentage (0.38; 0.54 and 0.41, respectively), indicating that ultrasonography ribeye area is related commercial cuts yield. For ultrasound carcass backfat thickness we observed a positive correlation with live weight (0.31) and a negative correlation with dressing percentage (-0.56), indicating that heavier animals tend to deposit more fat, perhaps, this excessive fat is removed in the trimming, decreasing the dressing percentage. It was observed that marbling was negatively correlated with shear force (-0.419), indicating that the increase in intramuscular fat reduces the force required to break the fibers, thus, shear force is an objective measure of tenderness which is the most important attribute in related to consumer acceptance.

**Keywords:** *Longissimus dorsi*, Meat chain, Shear force, Tissue growth.

**Introdução**

O Brasil se consolidou como um dos líderes mundiais na produção de proteína animal, sendo um dos grandes produtores de carne bovina “commodity”. Por outro lado, observa-se um movimento de segmentação de mercado em curso, com destaque para o surgimento de nichos de consumo orientados para atributos de qualidade diferenciados, o que envolve a transformação da carne em um bem com



características e identidade própria (por exemplo, um corte especial de carne maturada, embalado a vácuo, com marca própria), capaz de quebrar essa natureza de “commodity”, agregando valor e permitindo que o produtor passe a administrar o preço de venda.

Entre os recursos e metodologias existentes para avaliação de carcaças e de características associadas à qualidade da carne, a ultrassonografia se destaca, especialmente, por possibilitar o exame *in vivo*, em tempo curto, com boa precisão a custos relativamente baixos (SUGISAWA et al. 2013). O objetivo é conhecer o potencial dos indivíduos e do rebanho como um todo, para musculosidade, precocidade de acabamento e qualidade da carne, por meio da expressão das características: área de olho-de-lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), espessura de gordura na picanha (RUMP) e grau de marmoreio (MAR).

Tem-se com este estudo o objetivo de relacionar as medidas ultrassonográficas de carcaça, avaliadas *in vivo*, e as características frigoríficas e físicas da carne de bovinos da raça Nelore.

### Material e Métodos

Para o estudo foram utilizados 40 animais machos, castrados, da raça Nelore, de um rebanho comercial localizado no município de Bela Vista, Mato Grosso do Sul, Brasil. A propriedade é formada majoritariamente de *Brachiaria brizantha* cv. MG-5, e os animais recebem sal mineral *ad libitum*.

Aos 22 meses de idade, os animais foram avaliados, com auxílio de um equipamento de -US Aloka 500 New, com transdutor linear de 18 cm, para a colheita das imagens ultrassonográficas de: área de olho-de-lombo (AOL\_US) em cm<sup>2</sup>, escore de marmoreio ou gordura intramuscular (MAR\_US) em escore e espessura de gordura subcutânea (EGS\_US) em mm.

Os animais foram terminados em confinados, por um período de, aproximadamente, 120 dias, recebendo dieta contendo silagem de milho e concentrado. Ao atingirem o peso equivalente a 20-22@ (PA) de carcaça (em média 24 meses de idade) foram enviados para o abate em um frigorífico comercial. O abate seguiu as normas do Regulamento da Inspeção Industrial e Sanitária de Produtos de Origem Animal – RIISPOA (BRASIL, 2000).

Em seguida ao processo de abate, as meias carcaças foram identificadas e tomadas as informações de peso de carcaça quente (PCQ), em kg, para o cálculo de rendimento de carcaça (RC), em %. As meias carcaças foram encaminhadas para câmara frigorífica, e mantidas sob temperatura de 0 e 4°C por 24 horas. Posteriormente, foram encaminhadas para a desossa e coleta de duas amostras do músculo contrafilé (*Longissimus dorsi*) de cada animal, entre a 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> costelas, com aproximadamente 2,5 cm de espessura.

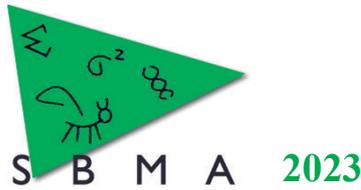
As amostras foram individualmente identificadas e acondicionadas em embalagens com alta barreira a vapor de água e gases e seladas à vácuo. As 40 amostras foram destinadas as análises quantitativas da carne referentes à área do olho do lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), pH, cor, capacidade de retenção de água (CRA), perdas por cozimento (PPC) e força de cisalhamento (FC). Essas análises foram realizadas no laboratório de Análise de Produtos Agropecuários da Faculdade de Ciências Agrárias da UFGD.

As informações frigoríficas e as medidas quantitativas da carne foram submetidas a análises de correlação simples de Pearson, considerando 5% significância, para avaliar a correspondências destas com as imagens ultrassonográficas.

### Resultados e Discussão

Para as medidas ultrassonográficas foram observadas médias de 86,81±9,37 cm<sup>2</sup>; 3,82±0,31; e 8,78±3,12 mm, para AOL\_US, MAR\_US e EGS\_US, respectivamente. Estes valores foram superiores aos observados por Silva et al. (2003a), mas é importante destacar que os autores avaliaram animais mais jovens. No abate foram observados para PA e PCQ os valores de 612,53±38,69 kg; e de 344,16±25,73 kg, que resultaram em RC de 56,20±2,75 %. Cabe ressaltar que os animais deste estudo foram abatidos com idade mais avançada do que os reportados por Silva et al. (2003a), Silva et al. (2003b) e Sugisawa et al. (2006).

Para as características laboratoriais, observamos AOL e EGS de 72,02±6,17 cm<sup>2</sup> e 9,57±3,35,mm, respectivamente. Os valores também são superiores ao disponíveis na literatura para animais da raça Nelore. O pH observado foi de 5,47±0,10, que se encontra dentro do intervalo de 5,3 a 5,7, considerados ótimos para garantir uma carne de qualidade (cor, capacidade de retenção de água (CRA), perdas por cocção (PPC),



odor e maciez). Para as características de cor observou-se valores de  $36,46 \pm 2,03$ ;  $17,77 \pm 1,54$ ; e  $7,31 \pm 1,38$ , respectivamente, para luminosidade ( $L^*$ ), intensidade da cor vermelha ( $a^*$ ) e intensidade da cor amarela ( $b^*$ ). Para as características de CRA, PPC e força de cisalhamento (FC) observou-se valores de  $7,40 \pm 3,95$  %;  $33,43 \pm 3,02$  %; e  $5,41 \pm 0,95$  kgf/cm<sup>3</sup>, respectivamente.

Como esperado, foram observadas correlações positivas entre as medidas de ultrassom e suas respectivas mensurações quantitativas em laboratório, AOL-US e AOL (0,58) e EGS\_US e EGS (0,63). Estes valores corroboram com os resultados apresentados por Silva et al. (2003), em que os autores indicaram que a correlação aumenta progressivamente à medida que o abate se aproxima.

Observamos correlação positiva significativa de AOL-US com PV, PCQ e RC (0,38; 0,54 e 0,41, respectivamente), indicando que AOL-US tem relação com o rendimento dos cortes comerciais. Para EGS-US observamos correlação positiva com PV (0,31) e negativa com RC (-0,56), indicando que animais mais pesados tendem depositar mais gordura, porém essa gordura excessiva é retirada na toalette, diminuindo o rendimento de carcaça. Observou-se aumento da PPC com o aumento de AOL\_US (0,36) e redução da PPC com o aumento de EGS-US (-0,43), indicando a importância de animais equilibrados para o abate, devido ao antagonismo entre essas características.

MARM correlacionou-se negativamente com FC (-0,419), indicando que o aumento da gordura intramuscular reduz a força necessária para romper as fibras, sendo a força de cisalhamento uma medida objetiva de maciez que é o atributo mais importante em relação à aceitação do consumidor.

### Conclusão

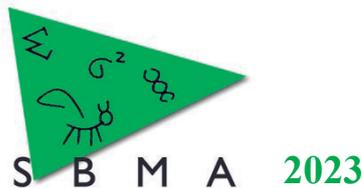
As medidas ultrassonográficas estão relacionadas as medidas frigoríficas e laboratoriais tomadas em machos castrados da raça Nelore, indicando que podem ser utilizadas como critério para classificação dos animais para mercados específicos, que bonificam qualidade.

### Agradecimentos

Agradecemos a Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul (FUNDECT) pelo apoio financeiro ao projeto de pesquisa Nº 71/032.828/2022, Edital: Chamada Fundect Nº 31/2021 - Universal 2021 - ODS.

### Literatura citada

- BRASIL. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Instrução Normativa nº. 3, de 07 de janeiro de 2000. Regulamento técnico de métodos de insensibilização para o abate humanitário de animais de açougue. S.D.A./M.A.A. Diário Oficial da União, Brasília, 2000. p.14-16.
- SILVA, S.L.; LEME, P.R.; PEREIRA, A.S.C. et al. Correlações entre características de carcaça avaliadas por ultra-som e pós-abate em novilhos Nelore, alimentados com altas proporções de concentrado. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1236-1242, 2003a.
- SILVA, S.L.; LEME, P.R.; PUTRINO, S.M. et al. Estimativa do peso e do rendimento de carcaça de tourinhos brangus e nelore, por medidas de ultra-sonografia. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1227-1235, 2003b.
- SILVA, S.L.; LEME, P.R.; PUTRINO, S.M. et al. Estimativa da gordura de cobertura ao abate, por ultrassom, em tourinhos Brangus e Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.511-517, 2004.
- SUGISAWA, L.; MATOS, B.C.; SUGISAWA, J.M. Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e de qualidade da carne. In: ROSA, A. do N., Martins EN, Menezes GRn de O, SILVA LOC da (Ed.). **Melhoramento genético aplicado em gado de corte**: Programa Genplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa, Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2013. Capítulo 9, p. 97-107
- SUGISAWA, L.; MATTOS, W.R.S.; OLIVEIRA, H.N. et al. Correlações simples entre as medidas de ultra-som e a composição da carcaça de bovinos jovens. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.169-176, 2006.



### Dias ao parto é geneticamente correlacionado com peso ao nascer?

Isabela Meirelles Cardoso Garcia<sup>1\*</sup>, Viviane Andrade Ligori<sup>2</sup>, Tainara Luana da Silva Soares<sup>2</sup>, Eula Regina Carrara<sup>3</sup>, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo<sup>1</sup>, Jessica Moraes Malheiros<sup>1</sup>, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva<sup>4</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, SP, Brasil.

<sup>2</sup>FCAV-UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, UFV, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>4</sup>FCAV-UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [isabelameirelles.zootecnia@gmail.com](mailto:isabelameirelles.zootecnia@gmail.com)

**Resumo:** O objetivo do presente estudo foi estimar os parâmetros genéticos de dias ao parto e peso ao nascer em fêmeas da raça Nelore. Foi utilizado um banco de dados com informações de peso ao nascimento (PN) e dias ao parto (DIAP) de três linhas seleção, obtidas de 1978 a 2021: NeC= linha controle, NeS= linha seleção, NeT= linha tradicional. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método REML, ajustando modelo animal single step GBLUP. As estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) direta e materna do PN foram  $0,48\pm 0,02$  e  $0,08\pm 0,01$ , e a porção da variância fenotípica devido ao efeito do ambiente materno de PN foi  $0,04\pm 0,01$ . Para DIAP, a  $h^2$  foi de baixa magnitude ( $0,11\pm 0,01$ ), o efeito de ambiente permanente correspondeu a  $0,06\pm 0,01$  da variância fenotípica, e a estimativa de repetibilidade foi  $0,18\pm 0,01$ . A correlação genética entre PN e DIAP foi positiva e de média magnitude ( $0,30\pm 0,06$ ), enquanto a correlação fenotípica foi baixa ( $0,10\pm 0,02$ ). As médias dos valores genéticos de PN no período de 1981 a 2021 aumentaram para NeS e NeT e diminuíram para NeC. Além disso, houve uma tendência de diminuição da média dos valores genéticos de DIAP ao longo dos anos para as três linhas seleção, sendo as menores médias para a linha NeC. O aumento dos valores genéticos de DIAP nas linhas selecionadas (NeS e NeT) ao longo dos anos pode ser devido ao aumento do PN decorrente da seleção para crescimento, e não da diminuição da fertilidade.

**Palavras-chave:** crescimento, fêmeas Nelore, fertilidade, parâmetros genéticos.

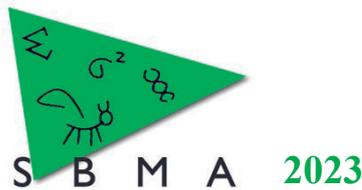
### Is days to calving genetically correlated with birth weight?

**Abstract:** The aim of this study was to estimate the genetic parameters of days to calving and birth weight in Nelore females. Birth weight (BW) and days to calving (DC) database from three selection lines, from 1978 to 2021: NeC= control line, NeS= selection line, NeT= traditional line, was analyzed. (Co)variance components were estimated by REML method fitting a two-traits single-step GBLUP animal model. Direct and maternal heritability estimates ( $h^2$ ) for BW were  $0.48\pm 0.02$  and  $0.08\pm 0.01$ , and the portion of the phenotypic variance due to maternal permanent environmental effects was  $0.04\pm 0.01$ . The  $h^2$  for DC was of low magnitude ( $0.11\pm 0.01$ ), and the permanent environmental effects was  $0.06\pm 0.01$  of the phenotypic variance. Repeatability estimate for DC was  $0.18\pm 0.01$ . Genetic correlation between BW and DC was positive and moderate ( $0.30\pm 0.06$ ), and the phenotypic correlation was positive and low ( $0.095\pm 0.02$ ). From 1981 to 2021, the breeding values means (EBV means) for BW increased in the NeS and NeT lines and decreased in the NeC line. In addition, there was a trend towards a decrease for DC EBV means over the years for the three lines, with the lowest DC EBV means for NeC line. The increase of DC EBV means in the selected lines (NeS and NeT) over the years may be due to the increase of PN, rather than a decrease in fertility.

**Keywords:** fertility, genetic parameters, growth, Nelore females.

### Introdução

Características como idade ao primeiro parto, dias ao parto, e intervalo de partos são usadas para avaliar a fertilidade de fêmeas em programas de seleção, e menores valores para estas características são desejáveis. Entretanto, a seleção para crescimento tem como resposta correlacionada o aumento do peso ao nascer dos bezerras. Será que o aumento do peso ao nascer aumenta desfavoravelmente o valor genético das fêmeas para as características de fertilidade? O presente estudo teve como objetivo estimar os



parâmetros genéticos de peso ao nascer e dias ao parto em fêmeas da raça Nelore, e avaliar os valores genéticos destas características ao longo dos anos de seleção para crescimento.

#### Material e Métodos

Registros de peso ao nascimento (PN) e dias ao parto (DIAP) são provenientes das linhas seleção da raça Nelore, estabelecidas em 1980, no Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho-SP. Linha Controle (NeC), animais selecionados para a média do peso a um ano de idade; linhas Seleção (NeS) e Tradicional (NeT), animais selecionados para maior peso a um ano. A partir de 2008, os animais NeT são selecionados para maior valor genético de peso a um ano e menor valor genético de consumo alimentar residual.

Foram analisados PN de 11.665 animais, nascidos de 1978 a 2021, sendo 585 animais fundadores, 1.973 NeC, 3.966 NeS, e 5.216 NeT; e foram analisados 15.548 registros de DIAP de 3.343 fêmeas, nascidas de 1960 a 2021, sendo 3.013 registros de fêmeas fundadoras, 2.224 de NeC, 4.845 de NeS, e 5.466 de NeT. Em média cada fêmea tinha 4,66 registros de DIAP, com mínimo de 1 e máximos de 17 registros. A característica DIAP foi obtida da diferença entre a data do parto e a data da entrada na estação de monta correspondente. Todas as fêmeas foram submetidas a monta natural, em lotes com touro único, por 90 dias. Para as fêmeas que falharam, desde que houvesse o registro de entrada na monta, um registro penalizado foi designado como sendo o maior valor observado de DIAP do grupo contemporâneo (GC: ano de monta e linha seleção) em que ela estava, somado a 21 dias (Johnston & Bunter, 1996).

No modelo de análise de PN foram incluídos os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente materno, e os efeitos fixos de GC (ano de nascimento e linha seleção), mês de nascimento, e os efeitos linear e quadrático da covariável idade da mãe. Para DIAP foram incluídos no modelo os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal, e os efeitos fixos de GC, prenhez anterior, os efeitos linear e quadrático da idade da fêmea na entrada da monta. O arquivo de genealogia continha 12.942 animais, sendo um total de 2.256 animais genotipados. Os componentes de variância e covariância foram estimados pelo método REML, ajustando modelo animal bicaracterístico e single-step GBLUP, utilizando os programas BLUPF90.

#### Resultados e Discussão

A média de PN e DIAP foram  $30,7 \pm 4,90$  kg e  $344 \pm 36,0$  dias. As estimativas de herdabilidade direta para as características PN e DIAP foram  $0,48 \pm 0,02$  e  $0,11 \pm 0,01$ , sendo de alta magnitude para PN e de baixa magnitude para DIAP (Tabela 1), como já reportado em outros estudos de características de crescimento e fertilidade em bovinos. A correlação genética entre PN e DIAP foi positiva e de média magnitude, mostrando que quanto maior o valor genético para PN maior será o valor genético para DIAP. Considerando que a característica DIAP é o período compreendido da entrada da fêmea na estação de monta até a data do parto subsequente, ela inclui o período de serviço e o período de gestação. Portanto, períodos de gestação mais longos podem aumentar o DIAP. Há relatos que maiores PN estão fenotipicamente relacionados a períodos de gestação mais longos (Coleman et al., 2021), mas também há relatos de baixa correlação genética (0,19) entre PN e duração da gestação (Chud et al., 2014). A seleção para maior peso pós-desmama tem como resposta correlacionada o aumento de todos os pesos (Araujo-Neto et al., 2011), inclusive o PN, o que pode aumentar a duração da gestação e a característica DIAP em rebanhos selecionados para crescimento, como são as linhas de seleção NeS e NeT, comparativamente com a linha NeC.

Tabela 1. Parâmetros genéticos de peso ao nascer e dias ao parto de fêmeas da raça Nelore

	PN <sup>a</sup>	DIAP <sup>b</sup>
Herdabilidade Direta	0,48±0,02	0,11±0,01
Herdabilidade Materna	0,08±0,01	
Efeito de Ambiente Permanente	0,04±0,01	0,06±0,01
Repetibilidade		0,18±0,01
Correlação genética	0,30±0,06	
Correlação fenotípica	0,10±0,02	

<sup>a</sup>PN: peso ao nascer; <sup>b</sup>DIAP: dias ao parto.

As médias dos valores genéticos das duas características (PN e DIAP) ao longo dos anos de seleção para crescimento para cada linha seleção são mostradas na Figura 1. Observa-se que a seleção para peso pós-desmama provocou ganho genético no PN nos rebanhos selecionados (NeS e NeT) ao longo dos anos. Em relação aos valores genéticos de DIAP, houve leve diminuição das médias nas duas linhas selecionadas (NeS e NeT) ao longo dos anos, mas com maior diminuição dos valores genéticos da linha NeC. A hipótese é que parte da diferença dos valores genéticos das linhas selecionadas NeS e NeT em relação aos do NeC pode ser devido ao aumento do PN com provável aumento do período de gestação. Como a monta é natural, não há registros de período de gestação nas linhas de seleção avaliadas. Entretanto, maiores valores genéticos de DIAP em NeS e NeT podem ser devidos a maiores períodos de serviço ou menores taxas de prenhez das fêmeas dos dois rebanhos selecionados, uma vez que valores de DIAP (valor máximo dentro do grupo de contemporâneo) foram designados a todas as fêmeas que foram para a monta e não pariram. Portanto, novos estudos da taxa de prenhez das três linhas seleção devem ser feitos para verificar a causa da diferença das médias dos valores genéticos de DIAP o longo dos anos de seleção para crescimento nas três linhas de seleção.

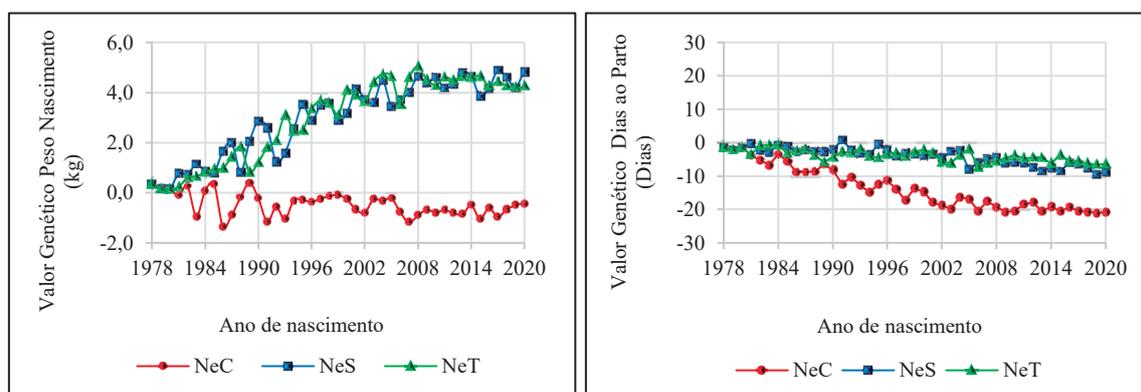


Figura 1. Valores genéticos médios para peso ao nascer e dias ao parto por linha seleção. Nelore Seleção (NeS), Nelore Tradicional (NeT), e Nelore Controle (NeC).

### Conclusão

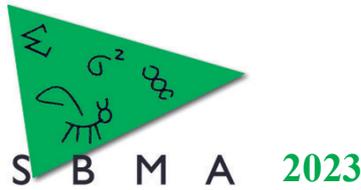
A correlação genética entre PN e DIAP, positiva e de magnitude moderada, pode ser a causa de menores (melhores) valores genéticos para DIAP dos animais da linha controle, comparativamente aos animais selecionados para crescimento. Entretanto, análises da taxa de prenhez das fêmeas das três linhas seleção são necessárias para comprovar esta hipótese.

### Agradecimentos

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Brasil (CAPES, Código de Financiamento 001).

### Literatura citada

- ARAUJO NETO, F.R., LÔBO, R.B., MOTA, M.D.S., OLIVEIRA, H.N. Genetic parameter estimates and response to selection for weight and testicular traits in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, 10:3127-3140, 2011.
- COLEMAN, L.; BACK, P.; BLAIR, H.; LÓPEZ-VILLALOBOS, N.; HICKSON, R. Sire effects on birth weight, gestation length, and pre-weaning growth of beef-cross-dairy calves: A case study in New Zealand. **Dairy**, 2:385–395, 2021.
- CHUD, T.C.S., CAETANO, S.L., BUZANSKAS, M.E., GROSSI, D.A., GUIDOLIN, D.G.F., NASCIMENTO, G.B., ROSA, J.O., LÔBO, R.B., MUNARI, D.P. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nelore beef cattle. **Livestock Science**, 170:16–21, 2014.
- JOHNSTON, D.J.; BUNTER, K.L. Days to calving in Angus cattle: genetic and environmental effects, and covariances with other traits. **Livestock Production Science**, 45:13-22, 1996.



**Efeito da seleção para peso ao sobreano e eficiência alimentar sobre as mudanças genéticas do valor de dominância em bovinos Nelore**

Júlia de Paula Soares Valente<sup>1,2\*</sup>, Tainara Luana da Silva Soares<sup>1,2</sup>, Joel Alves da Silva<sup>2</sup>, Viviane Andrade Ligori<sup>1,2</sup>, Roberta Carrilho Canesin<sup>2</sup>, Sarah Figueiredo Martins Bonilha<sup>2</sup>, Lúcia Galvão Albuquerque<sup>1</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual de Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [julia.valente@unesp.br](mailto:julia.valente@unesp.br)

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da seleção para peso ao sobreano e consumo alimentar residual sobre as mudanças genéticas do valor de dominância de bovinos Nelore. Dados de 957 novilhos pertencentes a três linhas de seleção foram utilizados no presente estudo (Controle: seleção para a média de peso do grupo contemporâneo, Seleção: seleção para maior peso e Tradicional: seleção para maior peso e menor consumo alimentar residual (CAR)). Todos os animais foram avaliados em testes de eficiência alimentar aos 282±39 dias de idade (média±DP) no início do teste. O valor de dominância foi calculado com base no total de vezes que um animal substituiu ou foi substituído no cocho em relação a todos os membros do grupo em que foi avaliado. Os valores genéticos da característica foram estimados por análise unicaracterística pelo modelo animal. As linhas Controle e Seleção apresentaram ao longo dos anos uma tendência constante e próxima a zero. Para a linha Tradicional os valores genéticos apresentaram uma tendência positiva, sugerindo que a seleção para menor CAR pode ter influência na relação social dos animais. Conclui-se que a seleção para peso não afetou o modo como os animais se relacionam entre si. No entanto, a seleção de animais mais eficientes pode ter impacto no temperamento dos animais, tornando-os mais reativos.

**Palavras-chave:** hierarquia social, novilhos, valor genético.

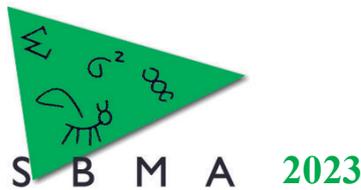
**Effect of selection for yearling weight and feed efficiency on genetic changes in dominance value in Nellore cattle**

**Abstract:** The aim of this study was to evaluate the effects of selection for yearling weight and residual feed intake on genetic changes in the dominance value of Nellore cattle. Data from 957 young bulls belonging to three selection lines were used in the present study (Control: selection for the average weight of the contemporary group, Selection: selection for higher weight, and Traditional: selection for higher weight and lower residual feed intake (RFI)). All animals were evaluated during feed efficiency tests at 282±39 days of age (mean±SD) at the beginning of the test. The dominance value was calculated based on the total number of times an animal replaced or was replaced in the feeder in relation to all members of the group. Breeding values of the trait were estimated by single-trait analysis fitting an animal model. The Control and Selection lines showed through the years a trend close to zero. For the Traditional line, the breeding values showed a positive trend, suggesting the selection for lower RFI may influence the social relationships of the animals. In conclusion, the selection for weight did not affect the way in which the animals relate to each other. However, the selection of more efficient animals can have an impact on the animals' temperament, making them more reactive.

**Keywords:** social hierarchy, young bulls, breeding values

**Introdução**

Os bovinos são animais sociais que vivem em grupos hierarquicamente organizados. Na hierarquia social a dominância refere-se à capacidade que um animal tem de impor sua vontade sobre outro animal de menor posição social dentro do grupo. Isso quer dizer que em geral animais dominantes têm acesso prioritário aos recursos como alimento, água e sombra (Deniz et al., 2021). Tal prioridade de acesso tem impacto direto sobre a forma como os animais expressam seu potencial produtivo. Apesar disso, a



dominância social é pouco considerada no melhoramento genético animal, que tem como foco principalmente selecionar animais mais pesados e eficientes. Até o momento pouco se sabe como a seleção para características de peso e eficiência alimentar podem afetar a dominância social e vice-versa. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o efeito da seleção para peso ao sobreano e consumo alimentar residual sobre a dominância social de bovinos Nelore.

### Material e Métodos

Dados de 957 novilhos Nelore pertencentes a três linhas de seleção, estabelecidas em 1980, foram utilizados no presente estudo. Na linha Controle (NeC), os animais foram selecionados para o peso ao sobreano médio do grupo contemporâneo, com diferencial de seleção igual a zero. Na linha Seleção (NeS) os animais foram selecionados para maior peso com base no desempenho próprio, e na linha Tradicional (NeT) os animais foram selecionados para maior peso e menor consumo alimentar residual (CAR) com base no valor genético das características. O peso ao sobreano é o peso ajustado aos 378 dias de idade obtido em provas de ganho de peso. Além disso, para estimar o CAR, todos os animais foram avaliados em testes de eficiência alimentar (TEAs) aos 282±39 dias de idade (média±DP) no início do teste. As linhas de seleção NeC (n = 144) e NeS (n = 260) foram avaliadas no mesmo grupo de TEA nos anos de 2015 a 2021, enquanto a linha NeT (n = 553) foi testada separadamente nos anos de 2013 a 2021. Os TEAs tiveram duração média de 84±12 dias. Os animais foram alojados em piquetes coletivos, equipados com alimentadores eletrônicos (GrowSafe e Intergado) e um bebedouro de cimento.

Para estimar a dominância social dos animais, utilizou-se a variável valor de dominância, que foi determinada a partir de informações de substituição no cocho. Uma substituição foi considerada quando um animal assumiu a posição de outro animal no cocho em um intervalo menor ou igual a 10s. O valor de dominância foi calculado com base no total de vezes que um animal substituiu ou foi substituído em relação a todos os membros do grupo em que foi avaliado. Deste modo, os animais dominantes receberam valores positivos e extremos, animais intermediários receberam valores positivos, iguais a zero ou negativos e animais subordinados receberam valores negativos e extremos (Kondo & Hurnik, 1990).

Os valores genéticos da característica foram estimados por análise unicaracterística pelo software BLUPF90 (Misztal et al., 2002). O modelo utilizado na análise pode ser escrito em forma matricial da seguinte maneira:  $y = X\beta + Za + e$ , onde  $y$  é o vetor da característica estudada;  $\beta$  é o vetor de efeitos fixos (como classes: grupo de teste de eficiência alimentar, e como covariáveis: o efeito linear da idade do animal no início do teste e os efeitos linear e quadrático da idade da vaca);  $a$  é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;  $X$  e  $Z$  são matrizes de incidência para os efeitos fixos e aleatórios, respectivamente, e  $e$  é o vetor dos efeitos aleatórios residuais. Assumiu-se que  $E(y) = X\beta$ ,  $E(a) = 0$ ,  $E(e) = 0$  e  $Var(a) = A \otimes S_a$  e  $Var(e) = I \otimes S_e$ , onde  $S_a$  é a matriz de (co)variância;  $S_e$  é a matriz de (co)variância residual,  $A$  é a matriz de parentesco baseada no pedigree (2.219 animais) e  $I$  é a matriz identidade.

### Resultados e Discussão

As médias fenotípicas ajustadas para a característica valor de dominância para as três linhas de seleção foram próximas a zero e não apresentaram diferença estatística entre si (Tabela 1). Os valores encontrados eram esperados já que a metodologia para calcular o valor de dominância são desvios do valor central zero.

Tabela 1. Médias ajustadas do valor de dominância para o efeito de linha de seleção em novilhos Nelore

Linha de seleção	N	Média ± EP	Intervalo de confiança*	
			Inferior	Superior
NeC	144	-0,257 ± 1,318	-2,84	2,33
NeS	260	0,186 ± 1,225	-2,22	2,59
NeT	553	-0,147 ± 0,792	-1,70	1,41

NeC: linha controle, NeS: linha seleção; NeT: linha tradicional; N: número de animais; EP: erro padrão.

\*Nível de confiança: 0,95.

Quanto aos valores genéticos estimados para a característica valor de dominância, as tendências ao longo dos anos de nascimento dos animais foram diferentes para as três linhas de seleção (Figura 1). As

linhas NeC e NeS apresentaram uma tendência constante e próxima a zero. Esta constância pode indicar que a seleção para peso ao sobreano não teve efeito sobre a expressão do comportamento social dos animais. Deve-se ressaltar que os dois rebanhos foram avaliados juntos, de maneira que em um mesmo grupo de TEA existiam animais NeC e NeS, o que pode ter mascarado o modo como os valores de dominância foram expressos. Já para a linha NeT os valores genéticos apresentaram uma tendência positiva ao longo dos anos de nascimento dos animais. Tal tendência pode ser um indicativo de que ao selecionar animais para consumo alimentar residual haverá um aumento nas disputas por alimento, uma vez que a escala de dominância social do presente trabalho foi calculada a partir de substituições no cocho. Em estudo prévio Aldrighi et al. (2019) identificaram que animais com baixo CAR são mais reativos quando comparados aos animais de alto CAR, o que reforça as evidências de que animais mais eficientes podem ser mais temperamentais.

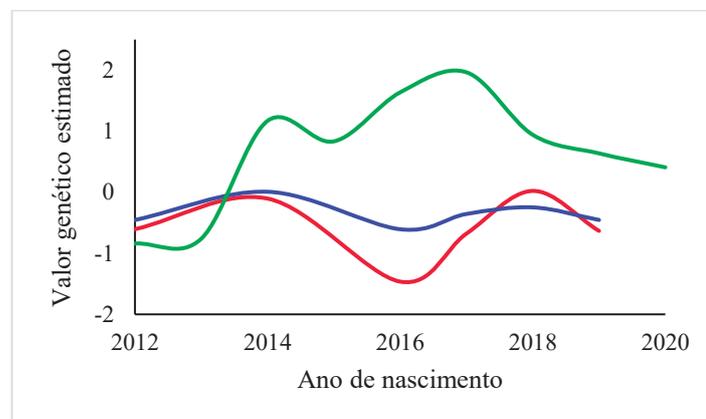


Figura 1. Valores genéticos médios para valor de dominância das linhas de seleção NeC (-), NeS (-), NeT (-), ao longo dos anos de nascimento

### Conclusão

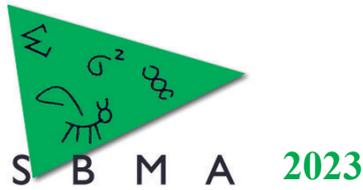
Conclui-se que a seleção para peso ao sobreano não afetou o modo como os animais se relacionam entre si. No entanto, a seleção de animais de melhor eficiência alimentar pode ter impacto no temperamento dos animais, tornando-os mais dominantes.

### Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, Proc. 2017/10630-2 e Proc. 2017/50339-5) pelo suporte financeiro para realizar os experimentos no Instituto de Zootecnia. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Código de Financiamento 001), pela bolsa de estudo de JPSV, JAS e TLSS. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Proc. 303031/2021-2) pela bolsa de pesquisa de MEZM.

### Literatura citada

- Aldrighi, J. et al. 2019. Ingestive behavior and temperament of Nellore cattle classified for residual feed intake. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 40, n. 1, p. 457-468.
- Deniz, M., de Sousa, K. T., Moro, M. F., do Vale, M. M., Dittrich, J. R., Filho, L. C. P. M., & Hötzel, M. J. 2021. Social hierarchy influences dairy cows' use of shade in a silvopastoral system under intensive rotational grazing. **Applied Animal Behaviour Science**, 244, 105467.
- Kondo, S., & Hurnik, J. F. 1990. Stabilization of social hierarchy in dairy cows. **Applied Animal Behaviour Science**, 27(4), 287-297. [https://doi.org/10.1016/0168-1591\(90\)90125-W](https://doi.org/10.1016/0168-1591(90)90125-W)
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenço, D. A. L., Aguilar, I., & Legarra, A. 2021. **Manual BLUPF90 family of programs**. [http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90\\_all2.pdf](http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf)



### Efeito da variável reposta na predição genômica de características relacionadas à emissão de metano em bovinos Nelore

Tainara Luana da Silva Soares<sup>1\*</sup>, Lúcio Flávio Macedo Mota<sup>1</sup>, Sarah Bernardes Gianvecchio<sup>1</sup>, Julia de Paula Soares<sup>1</sup>, Joel Alves da Silva<sup>2</sup>, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo<sup>2</sup>, Marcelo Sant'ana Borges<sup>1</sup>, Lúcia Galvão Albuquerque<sup>1</sup>, Melissa Baccan<sup>3</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup>Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

<sup>3</sup>Embrapa Meio Ambiente, Jaguariúna, SP

\*Autor correspondente: [tainara.soares@unesp.br](mailto:tainara.soares@unesp.br)

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi avaliar a acurácia de predição genômica e ajuste dos modelos utilizando o valor genético tradicional e o fenótipo corrigido como variável resposta para características de emissão de metano em bovinos Nelore. As características avaliadas foram emissão de metano diário (CH<sub>4</sub>; g/dia), emissão de metano por kg de matéria seca consumida (CH<sub>4</sub>CMS; g/dia:kg), emissão de metano por unidade de peso vivo médio (CH<sub>4</sub>PV; g/dia:kg) e emissão de metano residual (CH<sub>4</sub>RES; g/dia). Os modelos avaliados foram GBLUP, Bayes A, Bayes B e BLASSO e as variáveis respostas testadas foram o valor genético estimado (EBV) e fenótipo corrigido para os efeitos fixos (y\*), usando uma validação cruzada em 5-folds. A correlação de Pearson (r) entre a variável resposta e o GEBV foi realizada para obter a acurácia de predição e o quadrado médio do erro foi calculado para testar o ajuste do modelo aos dados. O EBV apresentou maiores acurácias de predição e melhor ajuste dos modelos aos dados, demonstrando sua superioridade em relação ao y\* em prever valores genéticos mais próximos do real para características de emissão de metano em bovinos Nelore.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, modelos bayesianos, pseudo-fenótipo, valor genético estimado.

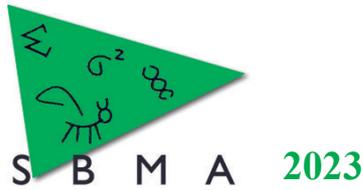
### Genomic prediction ability for methane emission traits of Nelore cattle

**Abstract:** The aim of this study was to evaluate the genomic prediction accuracy and adjust the models using the traditional genetic value and the corrected phenotype as a response variable for methane emission traits in Nelore cattle. The traits used were daily methane emission (CH<sub>4</sub>, g/day), methane emission per kg of dry matter intake (CH<sub>4</sub>DMI, g/day;kg), methane emission per unit of average body weight (CH<sub>4</sub>BW, g/day;kg) and residual methane emission (CH<sub>4</sub>RES, g/day). The evaluated models were GBLUP, Bayes A, Bayes B and BLASSO and the test response variables were the estimated breeding value (EBV) and phenotype corrected for fixed effects (y\*) using 5-folds cross-validation. Pearson's correlation (r) between the response variable and the GEBV was performed to obtain the prediction accuracy and the mean square error was calculated to test the fit of the model to the data. The EBV showed higher prediction accuracy and better fit of the models to the data, demonstrating its superiority in relation to y\* in predicting genetic values closer to the real for methane emission traits in Nelore cattle.

**Keywords:** beef cattle, bayesian models, estimated breeding value, pseudo-phenotype.

### Introdução

Um grande entrave no melhoramento genético animal é determinar o valor genético para animais que expressam a característica em idade mais avançada ou a característica avaliada é de difícil mensuração. Nesse sentido, o surgimento da genômica representou grandes avanços para os programas de melhoramento genético, pois é possível obter valores genéticos acurados, mesmo que o animal não tenha informações fenotípicas. Porém, vários fatores podem influenciar na predição genômica, entre eles encontra-se a variável resposta e o modelo utilizado para a predição genômica. A variável resposta é usada como pseudo-fenótipo, sendo as mais utilizadas o valor genético tradicional (EBV), valor genético desregredido, fenótipo ajustado para os efeitos fixos, e desvio de produção das filhas. Os diferentes pseudo-fenótipos apresentam distintas razões entre sinal e ruído genético que influenciam diretamente na confiabilidade da predição dos valores



genéticos genômicos. Sendo assim, além de avaliar os modelos estatísticos, é necessário também determinar a variável resposta que melhor se adequa aos dados e características avaliadas. Com isso, o objetivo deste estudo foi verificar a acurácia de predição e ajuste dos modelos utilizando o valor genético e o fenótipo corrigido para os efeitos fixos como variável resposta para características relacionadas à emissão de metano em bovinos da raça Nelore.

### Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas e genômicas de 761 animais pertencentes ao Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de P&D de Bovinos de Corte, nascidos nos anos de 2011, 2012 e 2018 a 2021. As características avaliadas foram: emissão de metano (CH<sub>4</sub>; g/dia), emissão de metano por kg de matéria seca consumida (CH<sub>4</sub>CMS; g/dia:kg), emissão de metano por unidade de peso vivo médio (CH<sub>4</sub>PV; g/dia:kg) e emissão de metano residual (CH<sub>4</sub>RES; g/dia). Ao longo dos anos, os animais foram genotipados com o painel de alta densidade (HD; 777K SNPs) e média densidade (50 e 75K), sendo estes últimos imputados para o HD utilizando o programa FImpute v2 (SARGOLZAEI et al., 2014). Para predizer o valor genético estimado (EBV) foi utilizado um modelo animal considerando os efeitos fixo, aleatório genético aditivo e residual. Os grupos de contemporâneos, compostos por animais do mesmo rebanho, ano de nascimento e grupo de coleta de metano, foram considerados como efeito fixo. As variáveis respostas (EBV e fenótipo corrigido) foram preditas utilizando os modelos GBLUP, Bayes A, Bayes B e BLASSO. O modelo geral para as predições genômicas é dado por:  $y^* = \mu + Zg + e$ , em que:  $\mu$  é a média geral;  $g$  é o vetor dos efeitos genéticos aleatório dos marcadores;  $Z$  é a matriz de incidência sobre  $g$ ; e  $e$  é o vetor de efeitos residuais. O GBLUP foi ajustado utilizando o programa BLUPF90+ (MISZTAL et al., 2022) e os métodos bayesianos foram ajustados utilizando o pacote BGLR disponível no software R (PÉREZ & CAMPOS, 2014). A validação foi realizada utilizando o método de validação cruzada aleatória em que os animais foram divididos em cinco subconjuntos aleatórios com aproximadamente o mesmo número de indivíduos. Foram utilizadas duas variáveis respostas: o EBV e o fenótipo corrigido para os efeitos fixos ( $y^*$ ). A acurácia de predição dos modelos foi avaliada pela correlação de Pearson entre a variável resposta e o GEBV. O quadrado médio do erro de predição foi utilizado para avaliar o ajuste dos modelos aos dados, sendo que, modelos mais ajustados apresentam menores valores de MSE.

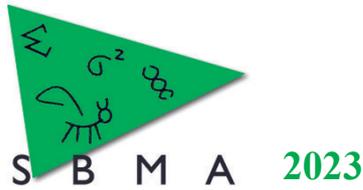
### Resultados e Discussão

Os valores da acurácia da predição genômica para os diferentes modelos e variáveis respostas avaliadas e os valores de MSE constam na tabela 1 e 2, respectivamente.

Tabela 1. Acurácia da predição genômica obtidas por diferentes modelos e duas variáveis respostas para características de emissão de metano em bovinos Nelore

<sup>1</sup> Característica	<sup>2</sup> Variável resposta	<sup>3</sup> r(y <sub>i</sub> ,GEBV) ± DP			
		GBLUP	BayesA	BayesB	BLASSO
CH <sub>4</sub>	y*	0,53±0,051	0,53±0,049	0,53±0,049	0,53±0,050
	EBV	0,68±0,011	0,68±0,011	0,68±0,011	0,68±0,010
CH <sub>4</sub> CMS	y*	0,38±0,061	0,39±0,064	0,39±0,063	0,39±0,061
	EBV	0,51±0,031	0,52±0,036	0,52±0,036	0,52±0,034
CH <sub>4</sub> PVM	y*	0,32±0,093	0,33±0,095	0,33±0,095	0,32±0,093
	EBV	0,5±0,027	0,5±0,028	0,5±0,029	0,5±0,028
CH <sub>4</sub> RES	y*	0,36±0,052	0,37±0,057	0,37±0,056	0,37±0,053
	EBV	0,54±0,029	0,54±0,032	0,54±0,032	0,54±0,031

<sup>1</sup>CH<sub>4</sub>: emissão de metano diário; CH<sub>4</sub>CMS: emissão de metano por kg de matéria seca consumida; CH<sub>4</sub>GMD: emissão de metano por unidade de ganho médio diário; emissão de metano por unidade de peso vivo médio; CH<sub>4</sub>RES: emissão de metano residual; <sup>2</sup>y\*: fenótipo corrigido para os efeitos fixos; EBV: valor genético estimado; <sup>3</sup>r: correlação de Pearson; GEBV: valor genético genômico; DP: desvio padrão.



Foram observados maiores valores de acurácia e melhor ajuste dos modelos aos dados quando utilizou o EBV como variável resposta, evidenciando a superioridade de se utilizar esse pseudo-fenótipo como variável resposta em detrimento do  $y^*$  para as características avaliadas. De acordo com Fernandes Jr. et al. (2016) a variável resposta que resulta em maiores acurácias depende dos dados analisados e características avaliadas. O fenótipo corrigido apresenta melhores resultados quando as características são de alta herdabilidade, já o EBV é recomendado para características de baixa herdabilidade. Neste estudo, foram observadas estimativas de herdabilidade com valores de 0,30, 0,25, 0,15 e 0,18 para CH4, CH4CMS, CH4PVM e CH4RES, respectivamente. Os valores de herdabilidade variando de baixa a moderada explica a superioridade do EBV como variável resposta. Outro fator que contribui para confiabilidade do EBV é que, teoricamente, o EBV é um preditor que representa o verdadeiro mérito genético do animal. Dessa forma, é possível afirmar que o EBV como variável resposta resulta em valores de GEBV mais próximos dos valores genéticos reais dos animais.

Tabela 2. Quadrado médio do erro de predição (MSE) de diferentes modelos e duas variáveis respostas para características de emissão de metano em bovinos Nelore

<sup>1</sup> Característica	<sup>2</sup> Variável resposta	<sup>3</sup> MSE ± DP			
		GBLUP	BayesA	BayesB	BLASSO
CH4	$y^*$	51,130±6,546	50,890±6,983	50,930±6,195	51,070±6,443
	EBV	33,616±4,098	33,213±4,130	33,343±4,081	33,469±4,074
CH4CMS	$y^*$	6,900±1,494	6,850±1,484	6,860±1,48	6,890±1,492
	EBV	2,428±0,078	2,371±0,082	2,358±0,082	2,363±0,08
CH4PVM	$y^*$	0,0044±0,001	0,0044±0,001	0,0044±0,001	0,0044±0,001
	EBV	0,00035±0,000	0,00035±0,000	0,00035±0,000	0,00035±0,000
CH4RES	$y^*$	37,900±6,221	37,670±6,217	37,370±6,172	37,480±6,238
	EBV	23,721±1,878	23,281±1,984	23,295±1,966	23,299±1,914

<sup>1</sup>CH4: emissão de metano diário; CH4CMS: emissão de metano por kg de matéria seca consumida; CH4GMD: emissão de metano por unidade de ganho médio diário; emissão de metano por unidade de peso vivo médio; CH4RES: emissão de metano residual; <sup>2</sup> $y^*$ : fenótipo corrigido para os efeitos fixos; EBV: valor genético estimado; <sup>3</sup>MSE: quadrado médio do erro; DP: desvio padrão.

### Conclusão

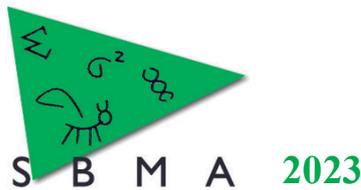
As maiores acurácias de predição e os melhores ajustes dos modelos aos dados foi observado quando o EBV foi utilizado como variável resposta, demonstrando que para características de emissão de metano em bovinos da raça Nelore, esse preditor é o mais adequado.

### Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, Proc. 2017/10630-2 e Proc. 2017/50339-5) pelo suporte financeiro para realizar os experimentos no Instituto de Zootecnia. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Código de Financiamento 001), pela bolsa de estudo de TLSS, SBG, JPS, JAS e MSB. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Proc. 303031/2021-2) pela bolsa de pesquisa de MEZM.

### Literatura citada

Fernandes Júnior, G.A. et al. Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nellore cattle. 2016. *Genetics Selection Evolution*, 48, 1-8.  
 Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. 2022. United State: University of Georgia, 149 p.  
 Pérez, P., Campos, G. 2014. Genome-wide regression and prediction with the BGLR statistical package. *Genetics*, 198:483–95.  
 SARGOLZAEI, M.; CHESNAIS, J.P.; SCHENKEL, F.S. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. *BMC genomics*, 15, 1-12.



### Efeito de 43 anos de seleção para peso ao sobreano sobre características de carcaça em bovinos da raça Caracu

Viviane Andrade Ligori<sup>1\*</sup>, Eula Regina Carrara<sup>2</sup>, Jessica Moraes Malheiros<sup>3</sup>, Tainara Luana da Silva Soares<sup>1</sup>, Julia de Paula Soares Valente<sup>1</sup>, Isabela Meirelles Cardoso Garcia<sup>3</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>1,3</sup>, Lenira El Faro Zadra<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>FCAV-UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, UFV, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>3</sup>Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [vivianeligori@hotmail.com.br](mailto:vivianeligori@hotmail.com.br)

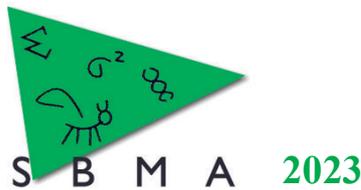
**Resumo:** As características de carcaça têm sido cada vez mais valorizadas nos programas de seleção, pois estão intimamente relacionadas com o valor da carcaça e com a qualidade da carne. A raça taurina Caracu possui mais de 500 anos de seleção natural, é adaptada às condições climáticas do Brasil e está inserida no sistema produtivo brasileiro. O Instituto de Zootecnia possui rebanho selecionado há mais de 40 anos e mantém em seu banco de dados, informações de desempenho de várias gerações. O objetivo do presente estudo foi avaliar o efeito da seleção para peso ao sobreano sobre características de carcaça em bovinos da raça Caracu. Foi utilizado um banco de dados com informações de peso ao sobreano (PS) e características de carcaça, como área de olho de lombo (AOL), relação entre altura e largura do lombo (RATIO) e espessura de gordura no lombo (EGL) e na garupa (EGG), obtidas de 1979 a 2021. Os componentes de (co)variâncias foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) em análises bicaracterísticas, ajustando modelo animal single step GBLUP. As estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) para todas as características foram de baixa à média magnitude. As correlações genéticas (rg) de PS com AOL e RATIO foram positivas e de média magnitude ( $0,43 \pm 0,13$ ;  $0,39 \pm 0,24$ ), enquanto que as rg de PS com EGL e EGG foram positivas porém de baixa magnitude ( $0,05 \pm 0,23$ ;  $0,29 \pm 0,43$ ). As correlações fenotípicas foram consistentes com as rg. Portanto, a seleção para maior peso ao sobreano na raça Caracu pode influenciar positivamente as características de carcaça, levando ao aumento da AOL e RATIO, sem diminuir a espessura de gordura subcutânea.

**Palavras-chave:** peso ao sobreano, área de olho de lombo, ratio, espessura de gordura subcutânea, parâmetros genéticos.

#### Effect of 43 years of selection for weight on carcass traits in Caracu cattle

**Abstract:** Carcass traits have been increasingly valued in selection programs, because they are closely related to carcass value and meat quality. The taurine Caracu breed has more than 500 years of natural selection, is adapted to the climatic conditions of Brazil and is part of the Brazilian production system. The Instituto of Animal Science, Beef Cattle Research Center, Sertãozinho, SP, has selected Caracu animals for body weight for over 40 years and maintains performance information from several generations in its database. The aim of the present study was to evaluate the effect of selection for yearling weight on carcass traits in Caracu cattle. A database was used with information on weight at selection (YW) and carcass traits, such as ribeye area (REA), loin height-to-width ratio (RATIO) and subcutaneous backfat (BFT) and rump (RFT) thickness, from 1979 to 2021. The (co)variances components were estimated by the restricted maximum likelihood method (REML) in two-trait analyses, adjusting the single step animal model GBLUP. The heritability estimates ( $h^2$ ) for all traits were low to moderate magnitude. The genetic correlations (rg) of PS and REA and RATIO were moderate and positive ( $0,43 \pm 0,13$ ;  $0,39 \pm 0,24$ ), while rg of YW and BFT and RFT were of low magnitude and positive ( $0,05 \pm 0,23$ ;  $0,29 \pm 0,43$ ). Phenotypic correlations were consistent with rg. Therefore, selection for higher yearling weight can positively influence carcass traits, leading to an increase in REA and RATIO, without decreasing subcutaneous fat thickness.

**Keywords:** yearling weight, ribeye area, ratio, backfat thickness, genetic parameters.



### Introdução

A raça Caracu foi originada a partir dos primeiros animais introduzidos no Brasil pelos portugueses, que passaram por um intenso processo de seleção. Em 1900, essa raça se tornou destaque na pecuária brasileira devido as suas qualidades como produtora de carne, leite e tração. Em 1909, o Instituto de Zootecnia (IZ) criou o primeiro posto de seleção oficial da raça, e em 1916 foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Caracu (ABCC), os quais colaboraram para o melhoramento considerável. Porém, na década de 60, com o aumento do número de animais de origem zebuína no Brasil, o interesse pela raça diminuiu. O IZ, preocupado com a conservação deste material genético autóctone, reativou o programa de seleção para a raça Caracu em 1976, o qual havia sido desativada há alguns anos, dando origem ao rebanho atual da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho (Lima et al., 1992), responsável pela seleção para peso ao sobreano da raça até os dias atuais.

Nos sistemas de produção de bovinos de corte, quanto maior o peso e melhor qualidade de carcaça, maior a possibilidade de um retorno econômico (Hoffmann, 2020). Portanto, além das características de crescimento, as características de carcaça têm sido cada vez mais valorizadas nos programas de seleção, pois estão intimamente relacionadas com o valor da carcaça e com a qualidade da carne.

Além das mensurações de peso, o Instituto de Zootecnia iniciou em 2004 a mensuração de características de carcaça na raça Caracu. Desse modo, o objetivo do presente estudo foi avaliar o efeito da seleção para peso ao sobreano sobre características de carcaça em bovinos da raça Caracu.

### Material e Métodos

Para a estimação dos parâmetros genéticos foram analisados 3.621 registros de peso ao sobreano (PS), 1.210 registros de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura no lombo (EGL) e na garupa (EGG), e 660 registros da relação entre altura e largura do lombo (RATIO) de animais da raça Caracu nascidos de 1979 a 2021. Os dados foram provenientes da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho (EEZS), 21°10' latitude sul, 48°5' longitude oeste, Estado de São Paulo.

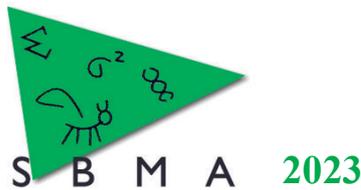
Até o desmame, os animais foram criados a pasto e, após o desmame, os machos foram testados quanto ao desempenho em confinamento até 378 dias ( $380 \pm 27$  dias) de idade, e as fêmeas permaneceram a pasto até 550 dias ( $586 \pm 33$  dias) de idade. Para medição de AOL e EGL, o transdutor foi colocado perpendicularmente à coluna entre a 12ª e 13ª costelas do lado esquerdo do animal usando uma almofada de apoio. Para medição de EGG, o transdutor foi colocado na interseção entre os músculos glúteo médio e bíceps femoral, entre os ossos gancho e pino. As imagens foram obtidas e registradas com um aparelho de ultrassom Pie Medical 401347-Aquila (Esaote Europe B.V.), sonda linear de 18 cm, 3,5 MHz e posteriormente medidas usando o programa Echo Image Viewer 1.0 (Pie Medical Equipment B.V., 1996).

No modelo de análise de todas as características analisadas foram incluídos como aleatório os efeitos genético aditivo direto e resíduo. Os efeitos fixos foram grupos de contemporâneos (ano de nascimento e sexo), mês de nascimento, e as covariáveis idade da vaca (efeito linear e quadrático), idade do animal à pesagem (efeito linear) e idade na mensuração da carcaça por ultrassonografia (efeito linear). O arquivo de genealogia continha 4.741 animais, sendo um total de 213 animais genotipados com GGP Bovine 100K SNP (NEOGEN, Lincoln, NE, USA).

As variâncias e covariâncias genéticas aditivas e residuais foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) em análises bicaracterísticas, realizadas com o peso ao sobreano (PS) e as características de carcaça (AOL, RATIO, EGL, EGG), ajustando o modelo animal e single-step GBLUP, utilizando os programas BLUPF90<sup>+</sup> (Misztal, 2022).

### Resultados e Discussão

No presente estudo as médias observadas para PS, AOL, RATIO, EGS e EGG foram  $315 \pm 61,7$  kg,  $49,19 \pm 11,31$  cm<sup>2</sup>,  $0,42 \pm 0,06$ ,  $1,10 \pm 0,86$  mm e  $3,67 \pm 2,24$  mm, respectivamente. De acordo com Falconer e Mackay (1996), as herdabilidades superiores a 0,4 são consideradas altas, entre 0,2 e 0,4 médias e abaixo de 0,2 baixas. Desse modo, as herdabilidades ( $h^2$ ) das características observadas nos bovinos da raça Caracu podem ser classificadas de baixa à média (Tabela 1). O resultado para PS foi diferente de alguns estudos em outras raças bovinas de corte, cujas estimativas de  $h^2$  variam de 0,33 a 0,45. No entanto, para AOL o resultado da  $h^2$  foi semelhante aos encontrados na literatura (0,25 a 0,64). A  $h^2$  para EGL e EGG relatadas



na literatura são superiores às obtidas no presente estudo, variando de 0,21 a 0,37 e de 0,28 a 0,55, respectivamente. Em relação ao RATIO, o presente estudo relata pela primeira vez a  $h^2$  para a raça Caracu.

A correlação genética ( $r_g$ ) entre PS e AOL, e PS e RATIO foram positivas e de média magnitude, mostrando que quanto maior o valor genético para PS maior será o valor genético para AOL e RATIO. Esses resultados indicam que a seleção para maior peso ao sobreano pode beneficiar essas características de qualidade de carcaça. No entanto, a EGL e EGG tem menos impacto com a seleção para maior peso ao sobreano uma vez que a correlação genética entre PS e EGL, e PS e EGG foram positivas, porém de baixa magnitude. Os erros padrão das estimativas de correlação genética foram altos, indicando que esses valores estimados podem variar se adicionados mais animais. Além disso, esses altos erros padrões podem ser explicados pela pele e pelagem mais espessas da raça Caracu e menor espessura de gordura, quando comparados com animais *Bos indicus*, o que gera uma imagem de ultrassom com muitos artefatos, dificultando a leitura das imagens, gerando erros de medição.

A correlação fenotípica entre PS e AOL foi positiva e média magnitude e entre PS e RATIO, EGL e EGG foram positivas, porém de baixa magnitude. Desse modo, é possível observar uma consistência entre as correlações genéticas e fenotípicas, exceto para RATIO, a qual a correlação fenotípica apresentou um valor relativamente inferior à correlação genética.

**Tabela 1.** Estimativas de herdabilidades (diagonal), correlações genéticas ( $r_g$ ) (acima da diagonal), e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) de peso ao sobreano e características de carcaça

	PS	AOL	RATIO	EGL	EGG
PS	0,26 ± 0,03	0,43 ± 0,13	0,39 ± 0,24	0,05 ± 0,23	0,29 ± 0,43
AOL	0,55 ± 0,02	0,23 ± 0,05			
RATIO	0,23 ± 0,04		0,36 ± 0,09		
EGL	0,21 ± 0,03			0,15 ± 0,05	
EGG	0,14 ± 0,03				0,09 ± 0,05

PS: Peso ao sobreano, AOL: Área de olho de lombo; RATIO: Relação entre altura e largura do lombo; EGL: Espessura de gordura no lombo; EGG: Espessura de gordura na garupa.

#### Conclusão

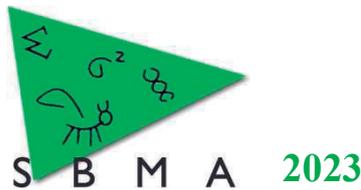
A correlação genética entre PS e as características de carcaça AOL e RATIO, indicam ganho genético dessas características com a seleção para maior peso ao sobreano na raça Caracu. Além disso, as características de carcaça EGL e EGG, não serão afetadas negativamente com a seleção para maior peso. No entanto, mais estudos são necessários a fim de confirmar as correlações genéticas.

#### Agradecimentos

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Brasil (CAPES, Código de Financiamento 001) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo FAPESP (Proc. 2017/50339-5 e Proc. 2022/07653-9).

#### Literatura citada

- Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. Harlow: Pearson Education Limited.
- Lima, M.L.P.; Bonilha Neto, L.M.; Figueiredo, L.A. & Razook, A.G. 1992. Os bovinos da raça Caracu. **Zootecnia**. 30, 1-12.
- Misztal, I. 2022. BLUPF90+ family of programs. Athens, Georgia: University of Georgia.
- Nichele, E.M.; MORAES, E.H.B.K.de; ARAÚJO, C. V. de; PINA, D. S.; MORAES, K.A.K. & Hoffmann, A. 2015. Eficiência bioeconômica de bovinos de corte em confinamento. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, 16, 699-711.



Jataí, GO – 24 e 25 de julho de 2023

### Estimativa de coeficiente de endogamia para bovinos da raça Nelore na Amazônia Legal

Brena Nunes da Silva<sup>1\*</sup>, Kelton Henrique Alves Guimarães<sup>1</sup>, Alexandre Costa Glines<sup>1</sup>, Eleanatan Syanne da Cruz Ribeiro<sup>2</sup>, Marcela Cristina Flexa do Amaral<sup>3</sup>, Kaio Diego das Neves Barros<sup>4</sup>, Henrique Torres Ventura<sup>5</sup>, Thiago Carvalho da Silva<sup>6</sup>, Lais Costa Brito<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural da Amazônia, Capanema, Pará, Brasil.

<sup>2</sup>PPGSPAA, UFRA, Belém, Pará, Brasil.

<sup>3</sup>PPGPAA, UFRA, Parauapebas, Pará, Brasil.

<sup>4</sup>Inaqua Consultoria, Capanema, Pará, Brasil.

<sup>5</sup>Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, Uberaba, Minas Gerais, Brasil.

<sup>6</sup>Instituto da Saúde e da Produção Animal, UFRA, Belém, Pará, Brasil.

\*Autor correspondente: [brenanunes1@gmail.com](mailto:brenanunes1@gmail.com)

**Resumo:** A raça de bovinos Nelore possui grande quantitativo de animais ao longo do território nacional e vem exigindo a implementação de pesquisas quanto a estrutura populacional e dos parâmetros genéticos e fenotípicos. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi avaliar os níveis de endogamia da raça Nelore criados na Amazônia Legal. Foram avaliados dados de pedigree de mais de 2 milhões de animais nascidos entre 1980 e 2019. Em seguida, foram estimados o grau de parentesco (coeficiente de endogamia) entre os indivíduos usando os softwares R e programas da Família F90. A maior quantidade de animais foi observada na classe de endogamia no intervalo 0.00 e 25.00, indicando que há uma diversidade genética na população. Ademais, a endogamia pode variar dependendo das épocas e atividades exercidas. O período entre 2000 e 2001 expressaram o menor coeficiente de endogamia ao longo desses 39 anos, possivelmente pelo cruzamento de animais não aparentados ou que não se conhecia a genealogia. Por fim, a caracterização da diversidade genética como ferramenta de implementação de estratégias para reduzir os níveis de endogamia podem ajudar a preservar e manter a vitalidade das populações de bovinos no futuro.

**Palavras-chave:** diversidade, parentesco, pedigree.

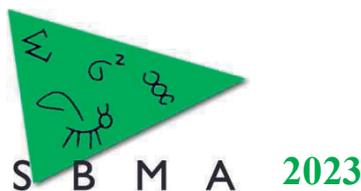
### Estimation of inbreeding coefficient for Nelore cattle in the Legal Amazon

**Abstract:** The Nelore breed has a large number of animals throughout the national territory and has required the implementation of research on population structure and genetic and phenotypic parameters. Thus, the objective of this study was to evaluate the levels of inbreeding in the Nelore breed raised in the Legal Amazon. Nelore pedigree data of over 1 million animals born between 1980 and 2019 were evaluated. Then, the degree of relatedness (inbreeding coefficient) between individuals were estimated using R and F90 family software. The highest amount of animals was observed in the inbreeding class of 0.00 and 25.00, indicating that there is a genetic diversity in the population. Moreover, inbreeding may vary depending on the time and activities performed. The period between 2000 and 2001 expressed the lowest inbreeding coefficient over these 39 years, possibly by crossing unrelated animals or that the genealogy was not known. Finally, the characterization of genetic diversity as a tool for implementing strategies to reduce the levels of inbreeding can help preserve and maintain the vitality of cattle populations in the future.

**Keywords:** diversity, kinship, pedigree.

### Introdução

Desde a introdução dos primeiros exemplares genéticos no século XIX até meados do século XX, a genética zebuína deteve uma ampla disseminação nacional e um crescimento exponencial do rebanho efetivo, com destaque para a raça Nelore que hoje corresponde com cerca de 80% do rebanho nacional contemplando indivíduos puros de origem e cruzados (KOURY FILHO et al., 2015; SANTANA et al., 2016). Apesar dos ganhos genéticos e fenotípicos da raça, a elevada densidade populacional confere maior pressão de seleção que vem causando o aumento da taxa de endogamia nas populações de animais, que se traduz em maior homoziguidade e na frequência de alelos recessivos deletérios, trazendo efeito antagônico ao desempenho produtivo que essa genética agrega (CAÑAS ÁLVAREZ et al., 2014; ZHANG et al., 2015; SANTANA et al., 2016). Desse modo, o objetivo deste estudo foi avaliar os níveis de endogamia da raça Nelore criados na Amazônia Legal.



Jataí, GO – 24 e 25 de julho de 2023

### Material e Métodos

O banco de dados utilizado neste estudo foi obtido a partir do arquivo geral da ABCZ (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu), pertencentes aos estados da Amazônia Legal (estados da região norte, Mato Grosso e Maranhão). Foram analisados mais de 2 milhões de animais da raça Nelore, filhos de 51.350 touros e 1.244.663 vacas, nascidos entre o período de 1980 a 2019 de 10.450 rebanhos. Foram considerados todos os indivíduos que tivessem parentesco com animais que possuíam dados fenotípicos (pesagens e partos) e que foram criados na Amazônia Legal.

Utilizando o software R foi criado um arquivo de entrada contendo as informações dos animais, incluindo seus identificadores individuais e os identificadores de seus pais.

Esse arquivo de pedigree foi então lido pelo software Inbugf90 para dar continuidade à análise. O método proposto para calcular o coeficiente de endogamia utiliza uma fórmula que considera todas as gerações e a variabilidade no pedigree dos animais (WRIGHT, 1922). O coeficiente de endogamia (F) foi calculado conforme segue:

$$F = (\Sigma [0.5^{(n_i)}]) - 1$$

em que  $\Sigma$  é a soma de todos os valores de 0.5 elevados ao número de gerações ( $n_i$ ) entre o indivíduo em questão e seus ancestrais comuns. Este método proposto para calcular o coeficiente de endogamia considera a probabilidade de homozigose por descendência e a variabilidade no pedigree.

### Resultados e Discussão

O coeficiente de endogamia é uma medida que indica a probabilidade de um indivíduo apresentar alelos idênticos por descendência em um *locus* específico devido a parentesco consanguíneo. Existem diversos métodos de visualização clara da distribuição de endogamia na população utilizados para identificar rebanhos em que a diversidade genética diminui. As classes de endogamia podem ser divididas em animais: 1- não relacionados (0% de endogamia); 2- de primeiro grau (26% de endogamia); 3- de segundo grau (12,5% de endogamia) e; 4- animais de terceiro grau (6,25% de endogamia). De acordo com os resultados, a maioria dos animais estão incluídos em animais não relacionados, com a classe de endogamia igual a 0.00 (Tabela 1). Isso pode ser uma vantagem em questão de aumentar a diversidade genética na população, pois pode-se selecionar indivíduos não relacionados para reprodução e evitar a endogamia excessiva.

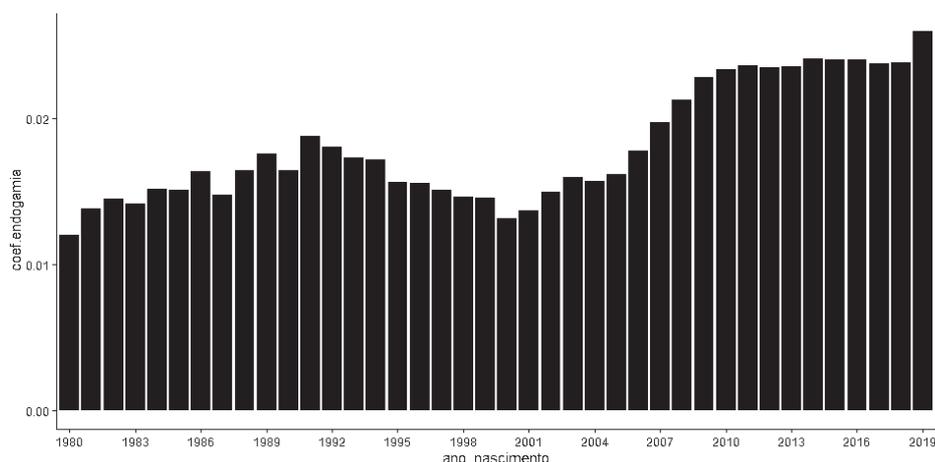
**Tabela 1:** Número de animais pela classificação do coeficiente de endogamia.

Classes Endogamia (%)	Observações	%
0.00 – 6.25	2583374	60.39
6.25 – 12.50	167029	3.90
12.25 – 18.75	30413	0.71
18.75 – 25.00	3737	0.09
> 25.00	10838	0.25

O monitoramento da diversidade genética, mediante o controle de acasalamentos entre indivíduos aparentados e o uso de maior número de reprodutores de diferentes origens, evita que, no futuro, o progresso genético quanto a características de importância econômica seja comprometido pela perda de variabilidade genética (FARIA et al., 2010). Manter o controle da endogamia é uma estratégia importante para garantir que a seleção genética possa continuar produzindo animais com melhores características, sem que isso leve a uma redução da variabilidade genética. Por outro lado, se o objetivo é fixar características desejáveis em uma população, a endogamia controlada pode ser usada de forma estratégica.

O valor do coeficiente de endogamia varia em função dos anos de nascimento, pois a endogamia pode aumentar ou diminuir dependendo das práticas e em diferentes épocas e atividades (Figura 1). Entre os períodos de 2000 e 2001, os animais apresentaram valores de coeficiente de endogamia abaixo da média (0.0194). Esse fato, pode ter sido consequência de acasalamentos de animais não aparentados ou que não se conhecia a genealogia do mesmo, principalmente nos primeiros anos, pois, para que um animal seja registrado, ambos os pais devem ser registrados e esse menor registro de machos pode ter limitado o cálculo do coeficiente.

**Figura 1:** Coeficiente de endogamia em função dos anos de nascimento de bovinos da raça Nelore criados na Amazônia Legal.



Ao longo do tempo, o passar do ano apresenta impacto no coeficiente de endogamia de uma população, em decorrência de vários fatores, como mudanças na estrutura populacional, tamanho da população e nos padrões de acasalamento. Com isso, sugere-se monitorar os níveis de endogamia de uma população para garantir a diversidade genética e minimizar os efeitos maléficos de níveis altos de endogamia.

### Conclusão

A conscientização sobre a importância da diversidade genética e a implementação de estratégias para reduzir os níveis de endogamia podem ajudar a preservar e manter a vitalidade das populações de bovinos no futuro. Portanto, mesmo que a endogamia seja desejável em algumas situações, como na fixação de características desejáveis em animais de raça pura, é importante que os criadores continuem a monitorar e controlar em suas linhagens de Nelore.

### Agradecimentos

À ABCZ pela concessão dos dados e à UFRA/PROEX e à Função Amazônia de Amparo a Estudos e Pesquisas (Fapespa) pela concessão de bolsas.

### Literatura citada

Associação Brasileira de Criadores de Zebu. Disponível em: <https://www.abcz.org.br/>. Acesso em: 01 jun. 2023.

CAÑAS-ÁLVAREZ, J. J. et al. **Monitoring changes in the demographic and genealogical structure of the main Spanish local beef breeds.** Journal of Animal Science, v.92, p.4364-4374, 2014.

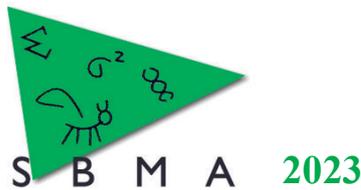
FARIA, L. C et al. **Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 45, p. 1133-1140, 2010.

KOURY FILHO, W. et al. **Genetic parameters estimates for visual scores and their association with body weight in beef cattle.** Revista Brasileira de Zootecnia, v. 39, n. 5, p. 1015-1022, 2010.

SANTANA, J. M. L. et al. **Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu breeds assessed by pedigree analysis.** Livestock Science, v.187, p.6-15, 2016.

WRIGHT, S. **Coefficients of inbreeding and relationship.** American Naturalist, v.56, p.330-338, 1922.

ZHANG, Q. et al. **Runs of homozygosity and distribution of functional variants in the cattle genome.** BMC Genomics, v.16, 2015



### **Estudo de associação genômica ampla para características de qualidade da carne em bovinos Nelore**

Leonardo M. Arikawa<sup>1\*</sup>, Lucio F. M. Mota<sup>1</sup>, Patrícia I. Schmidt<sup>1</sup>, Gabriela B. Frezarim<sup>1</sup>, Bruna M. Salatta<sup>1</sup>, Larissa F. S. Fonseca<sup>1</sup>, Ana Fabrícia B. Magalhães<sup>2</sup>, Luis A. L. Chardulo<sup>1,3</sup>, Lucia G. de Albuquerque<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV - UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha (UFVJM), Diamantina, MG, Brasil.

<sup>3</sup>Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

\*Autor correspondente: [leoarikawa@gmail.com.br](mailto:leoarikawa@gmail.com.br)

**Resumo:** Os estudos de associação genômica ampla (GWAS) fornecem conhecimento sobre a arquitetura genética de características complexas permitindo vincular o fenótipo alvo à informação genômica auxiliando na decisão de melhoramento. Assim, o presente estudo tem como objetivo desvendar o mecanismo genético envolvido na maciez (MAC) e no escore de marmoreio (MARM) em bovinos Nelore. Para isso, 6.295 novilhos foram fenotipados para MAC e MARM, e 23.859 genótipos foram utilizados para realizar a abordagem single-step GBLUP ponderado (WssGBLUP), considerando duas iterações. As 10 principais regiões genômicas explicaram uma grande proporção da variância genética total para MAC (14,95%) e MARM (17,56%), abrigando 92 e 155 genes candidatos, respectivamente. Os principais genes candidatos associados a MAC e MARM foram relacionados a diversas vias de sinalização, como a síntese de fatores de crescimento mediando o processo de fibrogênese (TGF- $\beta$ ) e mecanismos biológicos relacionados ao metabolismo lipídico e adiposo (mTOR). Além de estarem associados a processos biológicos como proteólise, atividade catalítica e processos relacionados à actina. A combinação dos resultados GWAS e da análise de enriquecimento funcional fornece informações sobre os processos biológicos associados à complexidade das características relacionadas à qualidade da carne Nelore, contribuindo para o desenvolvimento de estratégias de seleção.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, GWAS, maciez, marmoreio, qualidade da carne.

#### **Genome-wide association study for meat quality traits in Nellore cattle**

**Abstract:** Genomic-wide association studies (GWAS) provide knowledge about the genetic architecture of complex traits, allowing linking the target phenotype to genomic information, helping in the breeding decision. Thus, the present study aimed to unravel the genetic mechanism involved in shear-force tenderness (SF) and marbling score (MARB) in Nellore cattle. For this, 6,295 steers were phenotyped for SF and MARB, and 23,859 genotypes were used to perform the single-step weighted GBLUP (WssGBLUP) approach, considering two iterations. The top 10 genomic regions explained a large proportion of the total genetic variance for SF (14.95%) and MARB (17.56%), harboring 92 and 155 candidate genes, respectively. The main candidate genes associated with SF and MARB were related to several signaling pathways, such as the synthesis of growth factors mediating the fibrogenesis process (TGF- $\beta$ ) and biological mechanisms related to lipid and adipose metabolism (mTOR). In addition to being associated with biological processes such as proteolysis, catalytic activity, and processes related to actin. The combination of GWAS results and the functional enrichment analysis provides information about the biological processes associated with the complexity of characteristics related to the quality of Nellore meat, contributing to the development of selection strategies.

**Keywords:** beef cattle, GWAS, marbling, meat quality, shear-force tenderness.

#### **Introdução**

O conceito de “carne de qualidade” mais exigido pelos compradores, inclui uma série de fatores sensoriais como maciez, suculência e sabor, que contribuem para uma melhor palatabilidade da carne. No entanto, a aplicação da seleção tradicional para melhorar características associadas à qualidade da carne é desafiadora, uma vez que são medidas obtidas no *post-mortem*. Assim, o uso de abordagens genômicas

torna-se uma alternativa para contornar esses desafios. Nesse sentido, os estudos de associação genômica ampla (GWAS) são ferramentas poderosas para investigar a arquitetura genética e identificar genes que controlam a expressão de características economicamente importantes. Assim, o presente estudo visa identificar regiões genômicas responsáveis pela maciez e marmoreio da carne usando como referência o mapa ARS-UCD1.2, para buscar potenciais genes candidatos associados a processos biológicos e vias metabólicas que afetam a qualidade da carne em bovinos Nelore.

### Material e Métodos

Foram utilizados fenótipos de 6.295 novilhos para maciez (MAC) e 6.276 novilhos para marmoreio (MARM), nascidos entre 2008 e 2019, pertencentes a rebanhos comerciais que integram os programas de melhoramento da DeltaGen (Cia do Melhoramento, Paint CRV Lagoa e Nelore Qualitas). A MAC foi determinada usando o equipamento Salter Warner-Bratzler Shear Force e a média fenotípica foi de  $6,22 \pm 1,93$  (kgf). O MARM foi definido por meio de uma escala de graduação visual baseada no USDA – Quality and Yield Grade, atribuindo notas de 1 a 10 de acordo com o nível de marmoreio com média de  $2,76 \pm 0,58$ . É importante ressaltar que as carcaças não passaram por um processo de maturação, pois esse é um procedimento rotineiro no Brasil.

O arquivo de genótipos continha 23.859 animais genotipados com painéis de diferentes densidades e aqueles genotipados com painéis de menor densidade foram imputados ao Illumina Bovine HD Beadchip usando o software FImpute v3, considerando o mapa de referência ARS-UCD1.2. Na análise GWAS, o modelo animal incluiu como efeito aleatório: o efeito genético aditivo e residual; como efeitos fixos: grupos de contemporâneos (definidos pela combinação: safra e estação de nascimento, fazenda do nascimento ao sobreano e data de abate do animal) e data de análise; e, como covariável: o efeito linear da idade ao abate para ambas as características. Os efeitos dos marcadores SNPs foram estimados com base na abordagem single-step GBLUP ponderado (WssGBLUP), onde duas iterações foram realizadas, através do software POSTGSF90. Manhattan plots contendo a variância genética explicada por janelas de 1 Mb foram construídos para identificar as top 10 regiões cromossômicas com maior contribuição para a variância genética das características. Os genes candidatos nessas regiões foram identificados usando o banco de dados NCBI BioSystems para *Bos taurus* (ARS-UCD1.2) e, posteriormente, foram submetidos à análise de enriquecimento funcional usando DAVID 6.8 Functional Annotation Tools.

### Resultados e Discussão

As 10 janelas de maior efeito para MAC e MARM (Figura 1) explicaram 14,95 e 17,56% da variância genética aditiva, respectivamente. Essas janelas estão localizadas nos cromossomos BTA 1, 2, 5, 7, 9, 10, 19 e 25 para MAC e em BTA 4, 7, 10, 11, 12, 13, 15 e 20 para MARM, totalizando 92 e 155 genes candidatos, respectivamente.

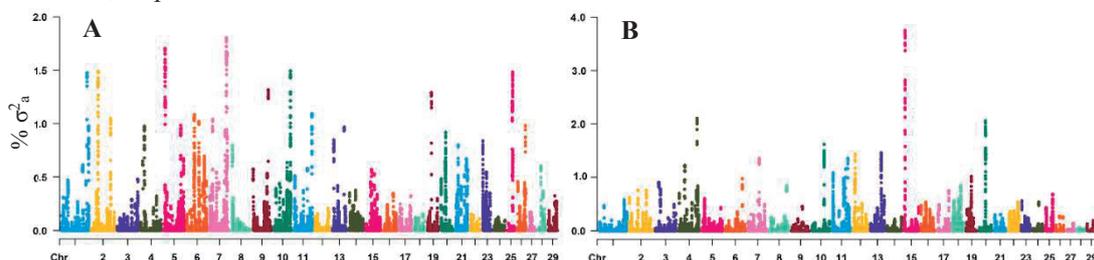
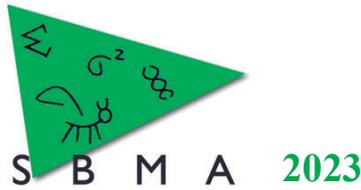


Figura 1. Manhattan plot apresentando a proporção da variância genética aditiva explicada por janelas de 1Mb para as características de qualidade da carne: (A) MAC e (B) MARM.

A análise de enriquecimento para MAC revelou potenciais genes candidatos envolvidos na regulação da atividade catalítica (GO:0050790), processo metabólico de proteínas (GO:0019538), regulação do processo de modificação de proteínas (GO:0031399), organização de fibras supramoleculares (GO:0097435), processos associados à actina (GO:0030036, GO:0030029), bem como um agrupamento de genes envolvidos no processo de proteólise (GO:0006508), que é o principal mediador da maciez da carne. A actina é uma proteína muscular que está relacionada à geração de força e hipertrofia muscular (Goldspink et al., 1991), o que pode resultar na dureza da carne zebuína. O gene *CAST*, encontrado neste estudo e



anotado com o termo GO da proteólise, inibe a calpaína e está associado à maciez da carne bovina, podendo ser um excelente candidato devido às suas funções biológicas e associação com a maciez da carne bovina. Vários estudos anteriores também encontraram associações entre o gene *CAST* e a maciez da carne (Leal-Gutiérrez et al., 2018; Magalhães et al., 2016).

Para o MARB, a análise funcional revelou genes que atuam nas vias de sinalização mTOR (bta04150), TGF- $\beta$  (bta04350), termogênese (bta04714), regulação do citoesqueleto de actina (bta04810), além de regular processos biológicos envolvidos no processo metabólico de lipídios (GO:0006629), desenvolvimento de fibras musculares esqueléticas (GO:0048741) e regulação do deslizamento de filamentos musculares (GO:0032971). Os resultados sugerem uma relação entre o metabolismo muscular e lipídico na deposição de gordura intramuscular em bovinos Nelore. Segundo Silva et al. (2020), a variação no conteúdo de MARM pode ser devido aos processos de absorção, síntese e degradação de lipídios intra e extramiocelulares, que envolvem as vias metabólicas de miofibras. A sinalização mTOR é crítica para a ativação de genes lipogênicos em resposta à ingestão de nutrientes (Caron et al., 2015), além de ser um mediador crítico das ações lipogênicas pela ativação do PPAR $\gamma$  (Blanchard et al., 2012), um receptor chave no desenvolvimento do tecido adiposo e no metabolismo lipídico, elucidando o importante papel da via de sinalização mTOR na deposição de gordura intramuscular.

#### Conclusão

O estudo de associação genômica ampla (GWAS) indicou regiões de grande efeito em diferentes cromossomos que abrigam genes candidatos com funções biológicas associadas à expressão de características de carne na raça Nelore. Em geral, os potenciais genes candidatos encontrados estão envolvidos a diversas vias de sinalização, como a síntese de fatores de crescimento mediando o processo de fibrogênese (TGF- $\beta$ ) e mecanismos biológicos relacionados ao metabolismo lipídico e adiposo (mTOR), além de também estarem associados a processos biológicos como proteólise, atividade catalítica e processos relacionados à actina. A combinação dos resultados GWAS e da análise de enriquecimento funcional fornece informações relevantes sobre os processos biológicos associados à complexidade das características relacionadas à qualidade da carne Nelore, contribuindo para o desenvolvimento de estratégias de seleção.

#### Agradecimentos

Agradecemos o apoio financeiro da FAPESP (Processos nº: 2017/10630-2 e 2018/20026-8). O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

#### Literatura citada

Goldspink, G. et al. 1991. Stretch and force generation induce rapid hypertrophy and myosin isoform gene switching in adult skeletal muscle. **Biochemical Society Transactions**, 19(2), 368-373.

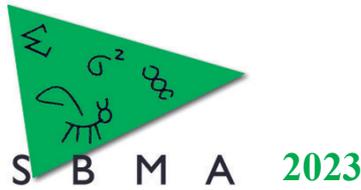
Leal-Gutiérrez, J. D. et al. 2018. Association of  $\mu$ -calpain and calpastatin polymorphisms with meat tenderness in a brahman–angus population. **Frontiers in genetics**, 9, 56.

Magalhães, A. F. et al. 2016. Genome-wide association study of meat quality traits in Nelore cattle. **PLoS One**, 11(6), e0157845.

Caron, A. et al. 2015. The roles of mTOR complexes in lipid metabolism. **Annual review of nutrition**, 35, 321-348.

Blanchard, P. G. et al. 2012. Major involvement of mTOR in the PPAR $\gamma$ -induced stimulation of adipose tissue lipid uptake and fat accretion [S]. **Journal of lipid research**, 53(6), 1117-1125.

Silva, D. B. et al. 2020. Spliced genes in muscle from Nelore Cattle and their association with carcass and meat quality. **Scientific reports**, 10(1), 14701.



**Estudo de associação genômica ampla ponderada para características relacionadas a eficiência alimentar em bovinos Nelore**

Cláudio Ulhoa Magnabosco<sup>1\*</sup>, Fernando Baldi<sup>2</sup>, Fernando Brito Lopes<sup>3</sup>, Marcos Fernando Oliveira e Costa<sup>1</sup>, Eduardo da Costa Eifert<sup>1</sup>, Raysildo Barbosa Lobo<sup>4</sup>, Ludmilla Costa Brunes<sup>1,5</sup>

<sup>1</sup>Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Cobb-Vantress, Siloam Springs, Arkansas, Estados Unidos.

<sup>4</sup>Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

<sup>5</sup>Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

\*Autor correspondente: [claudio.magnabosco@embrapa.br](mailto:claudio.magnabosco@embrapa.br)

**Resumo:** Objetivou-se realizar um estudo de associação genômica ampla ponderado para detectar regiões associadas a características relacionadas a eficiência alimentar em população comercial de bovinos Nelore. Foram utilizadas informações de 4.329 animais para consumo alimentar residual (CAR) e ganho em peso residual (GPR) fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. A análise de associação genômica foi realizada utilizando método de passo único ponderado (WssGWAS). Os resultados foram apresentados em janelas de 10 SNPs adjacentes. Um total de 14 e 26 regiões genômicas explicaram mais de 0,5% da variância genética aditiva e abrigaram marcadores associados ao CAR e GPR, respectivamente. Foram observadas várias regiões genômicas encontradas nos cromossomos 11, 14, 16, 19, 24 e 29 explicando mais de 0,5% da variância genética aditiva para mais de uma característica avaliada. Assim, várias regiões genômicas de pequeno efeito contribuem para as diferenças fenotípicas de características relacionadas a eficiência alimentar, além de refletir o efeito pleiotrópico. Os novos achados podem indicar que a eficiência alimentar pode ser regulada por diferentes mecanismos em função da espécie bovina. A arquitetura genética de características relacionadas à eficiência alimentar apresenta herança poligênica. Esses resultados podem ser utilizados para seleção dessas características, como o desenvolvimento de modelos genômicos incorporando variações causais.

**Palavras-chave:** *Bos indicus*, consumo alimentar residual, consumo e ganho residual, ganho em peso residual, WssGWAS.

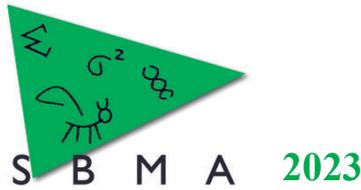
**Weighted genome-wide association study for feed efficiency related-traits in Nelore cattle**

**Abstract:** The aim was to carry out a weighted genomic association study to detect regions associated with feed efficiency related-traits in a commercial population of Nelore beef cattle. Information from 4,329 animals was used for residual feed intake (RFI) and residual body weight gain (RG) provided by the National Association of Breeders and Researchers. Genomic association analysis was performed using single-step weighted method (WssGWAS). The results were presented in windows of 10 adjacent SNPs. A total of 14 and 26 genomic regions explained more than 0.5% of the additive genetic variance and harbored markers associated with RFI and RG, respectively. Several genomic regions found on chromosomes 11, 14, 16, 19, 24 and 29 were observed, explaining more than 0.5% of the additive genetic variance for more than one trait evaluated. Thus, several genomic regions of small effect contribute to phenotypic differences feed efficiency related-traits, and reflecting the pleiotropic effect. The new findings may indicate that feed efficiency can be regulated by different mechanisms depending on the bovine species. The genetic architecture of feed efficiency related-traits presents polygenic inheritance. These results can be used for selection of these traits, such as the development of genomic models incorporating causal variations.

**Keywords:** *Bos indicus*, residual body weight gain, residual feed intake, residual intake and body weight gain, WssGWAS.

**Introdução**

O principal componente do custo de produção em bovinos de corte é a alimentação. Assim, a seleção de animais com maior eficiência quanto ao aproveitamento do alimento é estratégica para aumentar a rentabilidade dos sistemas. A natureza complexa dessas características limita a sua utilização como critério



de seleção. A informação genômica pode ser aplicada em estudos de associação genômica (GWAS), permitindo a identificação de regiões genômicas associadas e que explicam parte da variância genética das características avaliadas. Em sua maioria, os estudos de GWAS para características relacionadas a eficiência alimentar foram realizados com populações experimentais e de pequeno tamanho amostral. Assim, estudos adicionais com maior número de observações e diferentes condições de criação são necessários para aumentar o conhecimento sobre a arquitetura genética dessas características. Objetivou-se realizar um estudo de associação genômica ampla ponderado para detectar regiões associadas a características relacionadas a eficiência alimentar em população comercial de bovinos Nelore.

#### Material e Métodos

Foram utilizadas informações genótípicas de 3.594 animais e fenotípicas de 4.329 animais testados para eficiência alimentar nas regiões Centro-oeste e Sudeste do Brasil. Os testes de eficiência alimentar foram realizados utilizando o mesmo protocolo (Mendes et al., 2020) e sistemas automatizados de mensuração do consumo de matéria seca (CMS). As informações fenotípicas, genômicas e de genealogia foram fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, SP). Os animais foram genotipados em painel de baixa densidade (CLARIFIDE® 3.1), contendo aproximadamente 29.000 marcadores do tipo polimorfismo de nucleotídeo único (SNP). Não foi realizada imputação. As características avaliadas foram o consumo alimentar residual (CAR) e o ganho em peso residual (GPR). O grupo contemporâneo (GC) foi composto por animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo. Registros acima ou abaixo de 3,5 desvios-padrão da média do GC e grupos com menos de quatro animais foram excluídos. SNPs com menor frequência alélica, taxa de genotipagem e valor de p para o teste de equilíbrio de Hardy-Weinberg menores que 0,02; 0,95 e 0,15, respectivamente, e amostras com taxa de genotipagem abaixo de 0,95 foram removidos, restando 19.602 SNPs. A análise de associação genômica foi realizada utilizando método de passo único ponderado (WssGWAS) (Wang et al., 2012), com auxílio da família de programas BLUPF90. O modelo incluiu os efeitos genéticos aditivos diretos e residual como aleatórios, o GC como efeito fixo e a idade do animal como co-variável linear. Os resultados foram apresentados em janelas de 10 SNPs adjacentes. A porcentagem da variância genética explicada por cada janela foi obtida como a razão entre a variância genética aditiva de cada janela e a variância genética aditiva total.

#### Resultados e Discussão

Regiões genômicas presentes nos cromossomos 2, 3, 5, 6, 11, 16, 19, 20, 21 e 24 e nos cromossomos 7, 9, 11, 14, 16, 17, 18, 24 e 29 explicaram mais de 0,5% da variância genética aditiva para CAR e GPR, respectivamente. Os gráficos do tipo Manhattan (Figura 1) apresentam essas regiões. Essas regiões genômicas de pequeno efeito contribuem para as diferenças fenotípicas de características relacionadas a eficiência alimentar, conformando a herança poligênica, sendo controladas por muitas regiões de pequeno efeito. Além disso, regiões presentes nos cromossomos 11, 16 e 24 foram identificadas para mais de uma característica refletindo efeito pleiotrópico e que alguns mecanismos genéticos que influenciam a expressão fenotípica do CAR podem também influenciar o GPR e vice-versa. Embora algumas regiões genômicas obtidas nesse estudo também tenham sido relatadas na literatura, outras regiões (cromossomos 3, 5, 6 e 21 para CAR e 7 e 9 para GPR) não haviam sido relatadas, tendo os estudos anteriores sido realizados, em sua maioria, com taurinos (Olivieri et al., 2016; Seabury et al., 2017). Esses novos achados podem indicar que a eficiência alimentar pode ser regulada por diferentes mecanismos em função da espécie bovina. Um dos pontos-chaves da eficiência alimentar é a exigência de manutenção e produção e uso de energia, que varia entre zebuínos e taurinos (Sainz et al., 2006). Esses resultados também podem ser justificados pela variação na frequência alélica, diferenças no desequilíbrio de ligação entre marcadores e regiões genômicas entre zebuínos e taurinos e constituição genética da população.

#### Conclusão

A arquitetura genética de características relacionadas à eficiência alimentar apresenta herança poligênica. Esses resultados podem ser utilizados para seleção dessas características, como o desenvolvimento de modelos genômicos incorporando e ponderando variações causais ou os SNPs associados em métodos de predição genômica.

Literatura citada

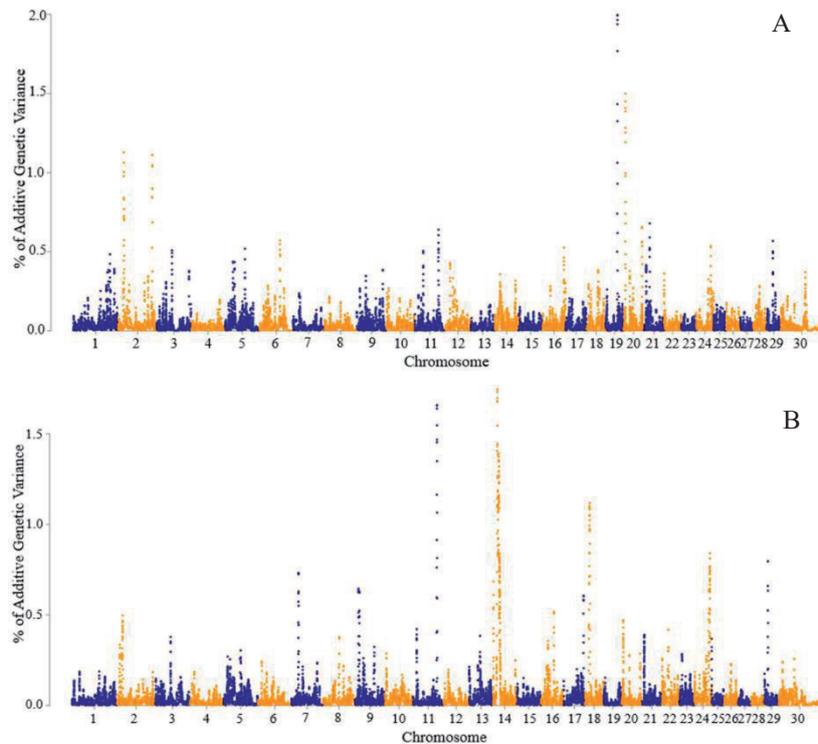


Figura 1. Proporção da variância genética aditiva explicada por janelas de 10 SNPs adjacentes para consumo alimentar residual (CAR - A) e ganho de peso residual (RG - B) em bovinos Nelore.

Mendes E.D.M., de Faria C.U, Sainz R.D., Silveira A.C.L., Magnabosco C.U., Eifert, E.C., Baldi F., Ventura H.T., Castro L.M., Ribeiro L.B., Cavalcanti L.F.L., Josahkian L.A., Silva L.O.C., Mercadante M. E.Z., Ribas M.N., Lobo R.B., Arnandes R.H.B., Gomes R.C., & Farjalla Y.B. 2020. **Procedimentos para mensuração de consumo individual de alimento em bovinos de corte**. Ribeirão Preto: ANCP.

Olivieri B.F., Mercadante M.E.Z., Cyrillo J.N.D.S.G., Branco R.H., Bonilha S.F.M., de Albuquerque L.G., Silva R.M.O., & Baldi F. 2016. Genomic regions associated with feed efficiency indicator traits in an experimental Nellore cattle population. **PLoS One**, 11(10), 1–19.

Sainz R.D., Barioni L.G., Paulino P.V.R., Valadares Filho S.C., & Oltjen, J.W. 2006. **Growth patterns of Nelore vs. British beef cattle breeds assessed using a dynamic, mechanistic model of cattle growth and composition**. In Kebreab E., Dijkstra J., Bannink A., Gerrits W.J.J., & France J. (Eds.), *Nutrient digestion and utilization in farm animals: modelling approaches*. 1ed. (pp. 160–170), Cambridge, UK: CAB International.

Seabury C.M., Oldeschulte D.L., Saatchi M., Beever J.E., Decker J.E., Halley Y.A., Bhattarai E.K., Molaei M., Freetly H.C., Hansen S.L., Yampara-Iquise H., Johnson K.A., Kerley M.S., Kim J., Loy D.D., Marques R., Neiberghs H.L., Schnabel R.D., Shike D.W., Spangler M.L., Weaber R.L., Garrick D.J., & Taylor J.F. 2017. Genome-wide association study for feed efficiency and growth traits in U.S. beef cattle. **BMC Genomics**, 18(1), 336.

Wang H., Misztal I., Aguilar I., Legarra A., & Muir W. 2012. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. **Genetics Research**, 94, 73–83.



**Estudo de associação genômica ampla via modelos de norma de reação para características de eficiência reprodutiva em novilhas Nelore**

Lucio Flavio Macedo Mota<sup>1\*</sup>, Leonardo Machestropa Arikawa<sup>1</sup>, Patrícia Iana Schmidt<sup>1</sup>, Gabriela Bonfá Frezarin<sup>1</sup>, Bruna Maria Salatta<sup>1</sup>, Larissa Fernanda Simielli Fonseca<sup>1</sup>, Henrique Nunes de Oliveira<sup>1</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP/FCAV), Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

\*Autor correspondente: [flaviommota.zoo@gmail.com](mailto:flaviommota.zoo@gmail.com)

**Resumo:** O estudo objetiva realizar a análise de meta-análise multi-característica para os resultados do estudo de associação genômica (GWAS) via norma de reação (NR) realizado para identificar regiões genômicas candidatas que afetam características reprodutivas em novilhas Nelore criadas em diferentes condições ambientais (GA) para prenhez precoce (PP) e reconcepção de novilhas (Rec). Para avaliar a interação genótipo x ambiente (GxE) foi utilizado um modelo de norma de reação via BLUP genômico de passo único para estimar os parâmetros genéticos, seguido pela análise de GWAS para o efeito do intercepto e inclinação. Os resultados do GWAS foram combinados utilizando o teste estatístico de meta-análise multicaracterística. Como evidência da ocorrência da interação GxE, foram observadas correlações genéticas entre ambientes menores que 0,80 para as características reprodutivas (PP e Rec), com um maior efeito da interação GxE para a reconcepção de novilhas. As regiões compartilhadas entre HP e HR para a interceptação e inclinação de RN abrigavam genes candidatos relacionados ao porteiro significativo para o início da puberdade precoce e vias de energia controlando aspectos metabólicos relacionados à homeostase, reprodução e crescimento com efeito direto na precocidade sexual e taxa de reconcepção. Os resultados destacaram diferenças nos processos fisiológicos que suportam interações complexas entre os eixos gonadotrópicos, aspectos de crescimento e precocidade sexual em novilhas Nelore, fornecendo informações úteis para o melhoramento genético e estratégias de manejo.

**Palavras-chave:** desempenho reprodutivo, GWAS, interação genótipo x ambiente, vias biológicas.

**Genome-wide association study via reaction norm models for reproductive efficiency traits in Nellore heifers**

**Abstract:** The study aimed to perform a multi-trait meta-analysis for the results of the genomic association study (GWAS) via reaction norm (NR) performed to identify candidate genomic regions that affect reproductive traits in Nellore heifers reared under different environmental conditions (EG) for heifer early pregnancy (HP) and heifer rebreeding (HR). To evaluate the genotype x environment (GxE) interaction, a two-step reaction norm model via single-step genomic BLUP was used to estimate the genetic parameters, followed by the GWAS analysis for the intercept and slope effect. GWAS results were combined using the multi-trait meta-analysis statistical test. As evidence of the occurrence of the GxE interaction, genetic correlations between environments lower than 0.80 were observed for the reproductive traits (HP and HR), with a more significant effect of the GxE interaction for HR. The shared regions between HP and HR for the intercept and slope of RN harbored candidate genes related to the significant gatekeeper for early puberty onset and energy pathways by controlling metabolic aspects related to homeostasis, reproduction, and growth with a direct effect on sexual precocity and reconception rate. The results highlighted differences in physiological processes that support complex interactions between the gonadotropic axes, growth aspects, and sexual precocity in Nellore heifers, providing helpful information for genetic improvement and management strategies.

**Keywords:** biological pathways, genotype x environment interaction, GWAS, reproductive performance.

**Introdução**

O desempenho reprodutivo de novilhas Nelore é uma característica importante para garantir a lucratividade e sustentabilidade do sistema de produção de bovinos de corte, devido aumentar o número de novilhas expostas à estação de monta e bezeros desmamados ao longo da vida produtiva da fêmea. No Brasil, novilhas Nelore são criadas em sistemas de produção altamente heterogêneos, muitas vezes enfrentando

desafios como má nutrição, altas temperaturas e umidade. Tais condições ambientais pode resultar em uma interação genótipo-ambiente (GxA), afetando a eficiência reprodutiva de novilhas Nelore (Fernandes Júnior et al., 2022). A integração de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) em modelos de norma de reação representa uma abordagem poderosa para identificar SNPs ligados a aspectos metabólicos que ocasionam uma maior robustez ou sensibilidade às condições ambientais mais desafiadoras. Assim, o objetivo do trabalho foi identificar regiões genômicas que têm efeitos sobre o modelo RN de interceptação e inclinação; e avaliar os mecanismos biológicos de genes candidatos envolvidos no desempenho reprodutivo de novilhas Nelore.

### Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas de 200447 novilhas Nelore provenientes de três programas de melhoramento: DeltaGen, Paint e Cia de Melhoramento, para prenhez precoce (PP) e reconcepção de primíparas (Rec). A PP obtida atribuindo o valor 1 (sucesso) para novilhas que tiveram o primeiro parto até 27 meses de idade e 0 (falha) caso contrário. A Rec foi calculada atribuindo-se o valor 1 (sucesso) para as novilhas que apresentaram um segundo parto ou 0 (falha) caso não apresentasse. Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos por animais nascidos no mesmo ano e estação estação de nascimento, criados na mesma fazenda (nascimento, desmama e sobreano) e pertencentes ao mesmo grupo de manejo (nascimento, desmama e sobreano). Para Rec, o efeito sistemático do sexo do bezerro foram incluídos no GC. Informações fenotípicas para GC que apresentaram a mesma resposta binária (0 ou 1) e GC que apresentaram menos de dez registros fenotípicos foram excluídos.

Informações genotípicas provenientes de 24042 novilhas 1032 reprodutores com informação genômica para 380.443 marcadores SNPs após o controle de qualidade para  $MAF < 0,05$ , desvio significativo para o equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $P \leq 10^{-5}$ ) e call-rate menor que 0,90 para marcador e amostra foram utilizadas para as análises posteriores. O modelo de norma de reação em duas etapas foi aplicado para avaliação da interação GxE, considerando como gradientes ambientais (GA), as soluções do GC para ganho médio diário (ADG). Na segunda etapa o modelo de NR considerando método BLUP genômico de passo único foi aplicado aos dados considerando o efeito fixo de GC, o efeito genético aditivo regredido sobre o GA, e o resíduo. As análises foram realizadas utilizando os programas da família BLUPF90 (Miszta et al., 2002). A correlação genética para PP e Rec entre ambientes distintos foi estimada para detectar a presença da interação GxE. A significância dos efeitos dos marcadores para o intercepto e inclinação das normas de reação foram estimados como descrito em Mota et al. (2020) e combinados utilizando o teste estatístico de meta-análise multivariada para o intercepto e inclinação obtidos para PP e Rec. Os marcadores SNP apresentando um valor para o  $-\log_{10}(p\text{-valor}) > 5$  foram consideradas como potencialmente associadas ao nível e à resposta do desempenho reprodutivo dos animais às mudanças no ambiente.

### Resultados e Discussão

As estimativas da correlação genética para PP e Rec para os ambiente baixo médio e alto entre os diferentes GA alcançaram valores inferiores a 0.80 (Figura 1). Essas estimativas indicam que o desempenho reprodutivo é afetado em condições ambientais que proporcionam um menor ADG. Estudos anteriores sugerem que uma baixa correlação genética entre ambientes indica reclassificação de animais com um impacto na seleção de reprodutores com maior potencial genético para eficiência reprodutiva (Mota et al., 2020). Estimativas negativas para correlação genética foi observada para REC indicando que a reconcepção de primíparas tem maior sensibilidade sob diferentes GA.

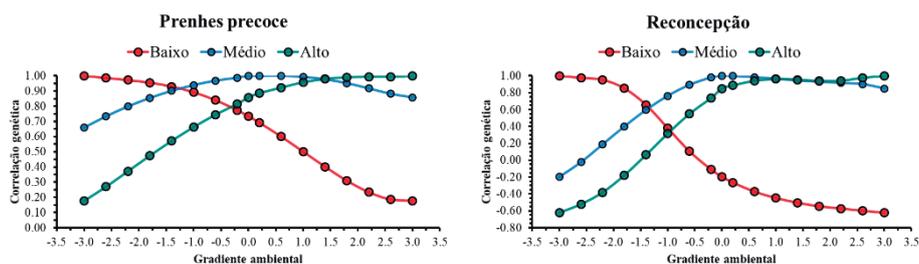


Figura 1. Correlação genética para prenhes precoce e reconcepção de primíparas entre os gradientes ambientais baixo, médio e alto.

As regiões genômicas candidatas identificadas pela combinação dos resultados do intercepto (Figura 2 A) e inclinação (Figura 2 B) para Rec e PP foram relacionados aos principais mecanismos biológicos para o PP e Rec, controlando aspectos metabólicos relacionados à homeostase, reprodução e crescimento. Esses mecanismos de sinalização gênica são afetados principalmente a síntese e secreção de gonadotrofinas pela glândula pituitária.

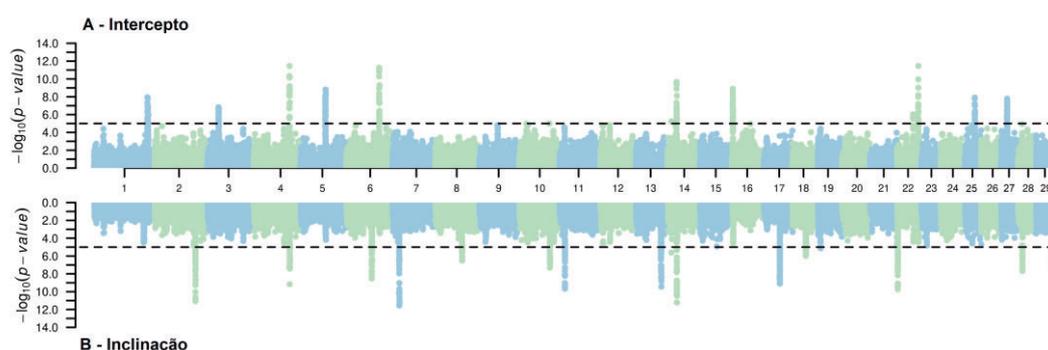


Figura 2. Gráfico de Manhattan para a combinação estatística dos resultados associação genômica para o intercepto (A) e inclinação (B) da norma de reação para ocorrência de prenhes precoce e reconcepção de novilhas Nelore.

As regiões genômicas com efeito significativo para a combinação dos resultados do GWAS relacionados ao intercepto para PP e Rec (Figura 2 A) afetam processos biológicos relacionados ao armazenamento de lipídios, desenvolvimento embrionário, regulador do ciclo estral, regulação da secreção de GnRH e gonadotrofinas pela ação do conjunto de genes *IGSF5*, *LEP*, *IGF1*, *PMCH*, *GnRHR*, *CHCHD7*, *MOS*, *PENK*, *PLAG1*, *GOLT1A*, *KISS1*, *REN*, *GHRL*, *MAPK3* e *MTNR1A*. Os genes candidatos (*IGFBP2*, *IGFBP5*, *IRF5*, *LEP*, *GABRA2*, *H4C14*, *GABRA4*, *INSR*, *ESR2*, *LHCGR*, *FSHR*, *MYL9*, *TGIF2*, *RAB5IF*, *GHRH*, *PLAG1*, *CHCHD7*, *PENK*, *GRIA2*, *EGFR*, *TH*, *INS*, e *IGF2*) identificados para as regiões com efeito significativo para a inclinação do modelo de NR (Figura 2 B) pode impactar a eficiência reprodutiva de novilhas Nelore em condições adversas por mecanismos que afetam a homeostase energética, pela ação de genes relacionados a hormônios metabólicos e neuropeptídeos, que regulam as funções reprodutiva.

### Conclusão

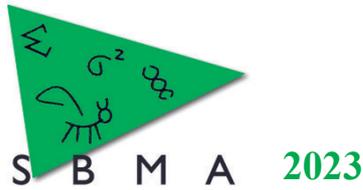
A interação GxE constitui uma importante fonte de variação para a eficiência reprodutiva de novilhas Nelore. O modelo de norma de reação genômica identificou regiões genômicas potencialmente associadas a uma série de mecanismos biológicos que coordenam as funções hipotalâmica, pituitária e ovariana para o desempenho reprodutivo em novilhas Nelore.

### Agradecimentos

Esta pesquisa foi financiada pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP processo nº 2022/11852-7; 2017/10630-2 e 2018/20002-6).

### Literatura citada

- Fernandes Júnior, G.A., Silva, D.A., Mota, L.F.M., de Melo, T.P., Fonseca, L.F.S., Silva, D.B.D.S., Carvalheiro, R. & Albuquerque, L.G., 2022. Sustainable Intensification of Beef Production in the Tropics: The Role of Genetically Improving Sexual Precocity of Heifers. *Animals* 12, 1–25.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z., 2018. Manual for BLUPF90 family of programs. Univ. Georg. Athens, USA.
- Mota, L.F.M.L.F.M., Lopes, F.B., Fernandes Júnior, G.A., Rosa, G.J.M., Magalhães, A.F.B., Carvalheiro, R., Albuquerque, L.G., 2020. Genome-wide scan highlights the role of candidate genes on phenotypic plasticity for age at first calving in Nellore heifers. *Scientific Reports* 10, 1–13.



### Habilidade de predição genômica para características de emissão de metano de bovinos Nelore

Tainara Luana da Silva Soares<sup>1\*</sup>, Lúcio Flávio Macedo Mota<sup>1</sup>, Sarah Bernardes Gianvecchio<sup>1</sup>, Isabela Meirelles Cardoso Garcia<sup>2</sup>, Viviane Andrade Ligorí<sup>1</sup>, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo<sup>2</sup>, Jessica Moraes Malheiros<sup>2</sup>, Viviane Cristina Bettanin<sup>3</sup>, Lúcia Galvão Albuquerque<sup>1</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup>Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

<sup>3</sup>Embrapa Meio Ambiente, Jaguariúna, SP

\*Autor correspondente: [tainara.soares@unesp.br](mailto:tainara.soares@unesp.br)

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi avaliar a habilidade de predição genômica de diferentes modelos paramétricos para características de emissão de metano de bovinos da raça Nelore. As características utilizadas foram emissão de metano diário (CH<sub>4</sub>, g/dia), emissão de metano por kg de matéria seca consumida (CH<sub>4</sub>CMS, g/dia;kg), emissão de metano por unidade de peso vivo médio (CH<sub>4</sub>PV, g/dia;kg) e emissão de metano residual (CH<sub>4</sub>RES, g/dia). O valor genético (EBV) foi obtido utilizando o modelo BLUP e então o EBV foi utilizado como variável resposta para avaliar a acurácia da predição genômica utilizando os modelos GBLUP, Bayes A, Bayes B e Lasso Bayesiano (BLASSO), com uma validação cruzada em 5-folds. A acurácia de predição genômica foi avaliada pela correlação de Pearson (r) entre o GEBV e o EBV. O viés de predição foi obtido através do coeficiente de regressão (b) do EBV sobre o GEBV. A acurácia de predição e o viés da predição foram semelhantes para todos os modelos avaliados. A característica CH<sub>4</sub> apresentou maiores valores de acurácia e valores de viés próximos a 1. As demais características apresentaram viés ligeiramente acima de 1, indicando deflação da predição. Os resultados indicaram que os modelos avaliados não apresentam diferença na acurácia da predição genômica e a predição de características definidas como razão é menos acurada e mais viesada.

**Palavras-chave:** acurácia genômica, bovinos de corte, GBLUP, modelos bayesianos, seleção genômica.

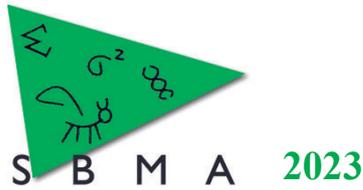
### Genomic prediction ability for methane emission traits of Nelore cattle

**Abstract:** The aim of this study was to evaluate the genomic prediction ability of different parametric models for methane emission traits of Nelore cattle. The traits used were daily methane emission (CH<sub>4</sub>, g/day), methane emission per kg of dry matter intake (CH<sub>4</sub>DMI, g/day;kg), methane emission per unit of average body weight (CH<sub>4</sub>BW, g/day;kg) and residual methane emission (CH<sub>4</sub>RES, g/day). The breeding value (EBV) was obtained using the BLUP model and then the EBV was used as a response variable to evaluate the accuracy of genomic prediction using the models GBLUP, Bayes A, Bayes B and Bayesian Lasso (BLASSO), with 5-fold cross-validation. Genomic prediction accuracy was assessed by Pearson's correlation (r) between GEBV and EBV. Prediction bias was obtained through the slope regression coefficient (b) of EBV on GEBV. Prediction accuracy and prediction bias were similar for all evaluated models. The CH<sub>4</sub> trait had higher accuracy values and bias values close to 1. For the other traits the bias were slightly above 1, indicating prediction deflation. The results indicated that the evaluated models do not present difference in the accuracy of genomic prediction, and the prediction of traits defined as a ratio is less accurate and more biased.

**Keywords:** beef cattle, bayesian models, GBLUP, genomic accuracy, genomic selection.

### Introdução

O gás metano (CH<sub>4</sub>) é um importante subproduto resultante da ruminação de bovinos, devido ao seu potencial nocivo para o meio ambiente, visto que ele faz parte do grupo dos gases causadores do efeito estufa. Nos últimos anos, várias pesquisas vêm sendo realizadas a fim de compreender como esse gás é produzido e eliminado pelos animais para que seja possível traçar estratégias para mitigar a sua emissão. Estudos realizados anteriormente comprovam que as características de emissão de metano em bovinos são,



em parte, controladas por ação gênica, portanto são passíveis de seleção genética e podem ser incluídas nos programas de melhoramento genético. Tradicionalmente, o valor genético dos animais é obtido utilizando informações individuais e de genealogia. Para aumentar a confiabilidade ou estimar valores genéticos de indivíduos para características de difícil mensuração, uma alternativa é incluir informações genômicas nas avaliações genéticas. Para isso, diferentes metodologias foram propostas para prever o valor genético genômico (GEBV) para características complexas objetivando determinar o modelo que melhor se adequa às características e os dados analisados. Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi avaliar diferentes modelos de predição genômica para características de emissão de metano em bovinos da raça Nelore.

### Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas e genômicas de 761 animais pertencentes ao Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de P&D de Bovinos de Corte, nascidos nos anos de 2011, 2012 e 2018 a 2021. As características avaliadas foram: emissão de metano (CH<sub>4</sub>; g/dia), emissão de metano por kg de matéria seca consumida (CH<sub>4</sub>CMS; g/dia;kg), emissão de metano por unidade de ganho médio diário (CH<sub>4</sub>GMD; g/dia;kg), emissão de metano por unidade de peso vivo médio (CH<sub>4</sub>PV; g/dia;kg) e emissão de metano residual (CH<sub>4</sub>RES; g/dia). Ao longo dos anos, os animais foram genotipados com o painel de alta densidade (HD; 777K SNPs) e média densidade (50 e 75K), sendo estes últimos imputados para o HD utilizando o programa FImpute v2 (Sargolzaei et al., 2014). Para prever o valor genético estimado (EBV) foi utilizado o modelo animal considerando os efeitos fixos, aleatórios genético aditivo e residual. Os grupos de contemporâneos, compostos por animais do mesmo rebanho, ano de nascimento e grupo de coleta de metano, foram considerados como efeito fixo. Os valores genéticos genômicos (GEBV) foram preditos utilizando os modelos GBLUP, Bayes A, Bayes B e BLASSO. O modelo geral para as predições genômicas é dado por:  $y^* = \mu + Zg + e$ , em que:  $y^*$  é vetor dos EBV para as características avaliadas;  $\mu$  é a média geral;  $g$  é o vetor dos efeitos genéticos aleatório dos marcadores;  $Z$  é a matriz de incidência sobre  $g$ ; e  $e$  é o vetor de efeitos residuais. O GBLUP foi avaliado utilizando o programa BLUPF90+ (Misztal et al., 2022) e os métodos bayesianos foram avaliados utilizando o pacote BGLR disponível no software R (Pérez & Campos, 2014). A validação foi realizada utilizando o método de validação cruzada aleatória em que os animais foram divididos em cinco subconjuntos aleatórios com aproximadamente o mesmo número de indivíduos. A acurácia de predição dos modelos foi avaliada pela correlação de Pearson entre o GEBV e o EBV. Os coeficientes de regressão do EBV sobre o GEBV foram calculados para avaliar o viés de predição, em que valores maiores que 1 indicam que a predição foi deflacionada e valores menores que 1 indicam inflação da predição, sendo 1 o valor ideal.

### Resultados e Discussão

A acurácia de predição dos GEBV é apresentada na Tabela 1. As acurácias foram semelhantes para todos os modelos avaliados. A principal diferença entre os modelos bayesianos (BayesA, BayesB e BLASSO) e o GBLUP é que os modelos bayesianos assumem uma distribuição a priori permitindo que diferentes penalizações sejam aplicadas ao efeito dos marcadores. A acurácia de predição similar entre os modelos Bayesianos e o GBLUP foi ocasionada pela complexa arquitetura genética de características relacionadas à emissão de metano que são afetadas por vários QTLs de pequeno efeito distribuídos ao longo do genoma, impondo limitações aos modelos bayesianos. Segundo Fernandes Jr. et al. (2016) os diferentes modelos tendem a apresentar habilidade de predição similar para características complexas controladas por vários loci com pequenos efeitos.

Avaliando o viés de predição (Tabela 2) não foram observadas diferenças significativas entre os modelos. Porém, houve diferença entre as características, em que CH<sub>4</sub> teve valores mais próximos de 1, enquanto os valores de viés das características definidas como razão foram ligeiramente acima de 1, indicando que as predições dos valores genéticos para essas características foram deflacionadas. Características definidas como razão podem apresentar problemas nas avaliações genéticas devido à seleção desproporcional entre as características e às mudanças nas características componentes (Donoghue et al., 2016), isso pode explicar os maiores valores de viés e menores valores de acurácia para CH<sub>4</sub>CMS, CH<sub>4</sub>PVM e CH<sub>4</sub>RES, pois estas características são resultantes de uma razão.

Tabela 1. Acurácia da predição genômica obtidas pela correlação de Pearson entre o EBV e o GEBV para características de emissão de metano utilizando diferentes modelos de predição

<sup>1</sup> Característica	<sup>2</sup> r(EBV,GEBV) ± DP			
	GBLUP	BayesA	BayesB	BLASSO
CH4	0,68±0,011	0,68±0,011	0,68±0,011	0,68±0,010
CH4CMS	0,51±0,031	0,52±0,036	0,52±0,036	0,52±0,034
CH4PVM	0,50±0,027	0,50±0,028	0,50±0,029	0,50±0,028
CH4RES	0,54±0,029	0,54±0,032	0,54±0,032	0,54±0,031

<sup>1</sup>CH4: emissão de metano diário; CH4CMS: emissão de metano por kg de matéria seca consumida; CH4GMD: emissão de metano por unidade de ganho médio diário; emissão de metano por unidade de peso vivo médio; CH4RES: emissão de metano residual; <sup>2</sup>r: correlação de Pearson; EBV: valor genético estimado; GEBV: valor genético genômico; DP: desvio padrão.

Tabela 2. Viés da predição genômica para características de emissão de metano de bovinos Nelore utilizando diferentes modelos de predição

<sup>1</sup> Característica	<sup>2</sup> b(EBV,GEBV) ± DP			
	GBLUP	BayesA	BayesB	BLASSO
CH4GD	0,998±0,036	0,997±0,035	0,995±0,035	0,997±0,036
CH4CMS	1,034±0,159	1,031±0,162	1,031±0,163	1,032±0,161
CH4PVM	1,045±0,117	1,032±0,117	1,033±0,122	1,044±0,123
CH4RES	1,020±0,091	1,015±0,090	1,011±0,091	1,016±0,091

<sup>1</sup>CH4: emissão de metano diário; CH4CMS: emissão de metano em relação ao consumo de matéria seca; CH4PVM: emissão de metano em relação ao peso vivo médio; CH4RES: emissão de metano residual; <sup>2</sup>b: coeficiente de regressão; EBV: valor genético estimado; GEBV: valor genético genômico; DP: desvio padrão.

### Conclusão

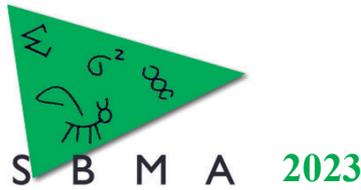
Os modelos avaliados não diferiram entre si quanto a acurácia e o viés de predição, indicando que a capacidade preditiva dos métodos avaliados é similar para as características relacionadas à emissão de metano. A predição das características provenientes de razão é menos acurada e mais viesadas.

### Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, Proc. 2017/10630-2, Proc. 2017/50339-5 e Proc. 22/12669-1) pelo suporte financeiro para realizar os experimentos no Instituto de Zootecnia. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Código de Financiamento 001), pela bolsa de estudo de TLSS, SBG, IMCG e VAL. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Proc. 303031/2021-2) pela bolsa de pesquisa de MEZM.

### Literatura Citada

- Donoghue K.A., Bird-Gardiner T., Arthur P.F., Herd R.M., Hegarty R.F. Genetic and phenotypic variance and covariance components for methane emission and postweaning traits in Angus cattle. 2016. **Journal Animal Science**, 94, 1438-1445.
- Fernandes Júnior, G.A. et al. Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nelore cattle. 2016. **Genetics Selection Evolution**, 48, 1-8.
- Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. 2022. United State: University of Georgia, 149 p.
- Pérez, P., Campos, G. 2014. Genome-wide regression and prediction with the BGLR statistical package. **Genetics**, 198:483–95.
- Sargolzaei, M., Chesnais, J.P., Schenkel, F.S. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives, **BMC Genomics**, 15, 1–12.



### Herdabilidade da emissão de metano entérica em bovinos de corte obtida por equação de predição

Ludmilla Costa Brunos<sup>1\*</sup>, Fernando Baldi<sup>2</sup>, Marcos Fernando Oliveira e Costa<sup>1</sup>, Eduardo da Costa Eifert<sup>1</sup>,  
Byanka Bueno Soares<sup>3</sup>, Raysildo Barbosa Lobo<sup>4</sup>, Larissa Bordin Temp<sup>2</sup>, Cláudio Ulhoa Magnabosco<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil.

<sup>4</sup>Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

\*Autor correspondente: ludmillabrunos@hotmail.com

**Resumo:** Objetivou-se avaliar a herdabilidade para emissão de metano predita (EMP) em bovinos Nelore. Foram utilizadas informações fenotípicas de 10.819 animais, fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Foram avaliadas equações de predição da emissão de metano entérico baseadas no consumo de matéria seca (CMS), consumo de energia bruta (CEB) e consumo de fibra em detergente neutro (CFDN). Os componentes de (co)variância foram estimados utilizando máximo verossimilhança restrita em um modelo animal. Embora seja baseada apenas no CMS, os maiores valores foram obtidos com a equação EMP<sub>4</sub> (22,71 x CMS + 8,91), podendo resultar na superestimação da emissão de metano entérica. As estimativas de herdabilidade foram moderadas (0,29 a 0,30), indicando viabilidade de seleção. As altas correlações genéticas (0,68 a 0,69) e fenotípicas (0,75) de EMP com consumo alimentar residual (CAR) sugerem que o aumento da eficiência da utilização do alimento é parcialmente relacionado a menor emissão de metano. A emissão de metano entérica pode ser predita através de modelos matemáticos baseados no CMS, CEB, CFDN. Há viabilidade de redução da emissão de metano através da seleção genética, utilizando como critério a emissão de metano predita ou o CAR.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, gases de efeito estufa, modelo matemático, parâmetros genéticos.

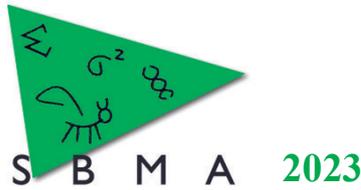
### Enteric methane emission heritability in beef cattle obtained by prediction equation

**Abstract:** The aim was to evaluate the heritability for predicted methane emission (PME) in Nelore cattle. Phenotypic information of 10,819 animals provided by the National Association of Breeders and Researchers (ANCP) was used. Equations based on dry matter intake (DMI), gross energy intake (GEI) and neutral detergent fiber intake (NDFI) were used to estimate enteric methane emissions. The (co)variance components were estimated using restricted maximum likelihood in an animal model. Although based only on DMI, the highest predictions were obtained with the PME<sub>4</sub> equation (22.71 x DMI + 8.91), which may result in overestimation of enteric methane emission. The heritability estimates were moderate (0.29 to 0.30), indicating viability of selection. The high genetic (0.68 to 0.69) and phenotypic (0.75) correlations between PME with residual feed intake (RFI) suggest that increased feed utilization efficiency is partially related to lower methane emissions. Enteric methane emission can be predicted through mathematical models based on DMI, GEI and NDFI. There is feasibility of reducing methane emissions through genetic selection, using predicted methane emissions or RFI as a selection criterion.

**Keywords:** beef cattle, genetic parameters, greenhouse gases, mathematical model.

### Introdução

A agropecuária, sobretudo a bovinocultura, tem sido apontada como uma importante fonte de emissão de gases de efeito estufa (GEE), contribuindo com o aquecimento global. Os GEE produzidos na pecuária envolvem, principalmente, o metano (CH<sub>4</sub>) entérico, além do dióxido de carbono e óxido nitroso. Além do impacto ambiental, a eructação de metano resulta em perda da energia ingerida pelos animais, que varia entre 2 a 12%. Embora estratégias ambientais podem resultar na mitigação dos GEE, estas são pontuais e algumas podem comprometer o desempenho dos animais. Assim, a seleção genética pode ser uma estratégia para reduzir o impacto ambiental da bovinocultura e também trazer maior eficiência produtiva, sendo essa estratégia de efeito cumulativo e permanente. A mensuração direta da emissão de metano tem alto custo e dificuldade de implementação, de forma que são escassos os estudos avaliando os



aspectos genéticos dessa característica. Inclusive, os inventários mundiais se baseiam em equações de predição, desenvolvidas por meta-análise de informações da emissão de metano entérico de animais de diferentes raças, categorias e sistemas produtivos, sendo desenvolvidos modelos matemáticos relacionados a ingestão de nutrientes ou da bioquímica da fermentação ruminal. Essa pode ser uma estratégia também para avaliação genética dessa característica. Diante do exposto, objetivou-se avaliar a herdabilidade para emissão de metano utilizando diferentes equações de predição.

#### Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas de 10.819 e de pedigree de 2.679.945 animais, fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, SP). O consumo de matéria seca (CMS) foi mensurado em confinamento utilizando sistemas de cochos eletrônicos, em testes de eficiência alimentar realizados utilizando o mesmo protocolo (Mendes et al., 2020). O consumo alimentar residual foi estimado utilizando regressão do CMS em função do peso metabólico e ganho de peso diário. Foram avaliadas as seguintes equações de predição da emissão de metano entérico (EMP):  $EMP_1 = 2,29 + 0,647 \times CMS$  (g/dia) (Ellis et al., 2009),  $EMP_2 = 3,96 + 0,561 \times CMS$  (g/dia) (Ellis et al., 2007),  $EMP_3 = \text{consumo de energia bruta (CEB)} \times 6,3/55,65$  (MJ/ dia) (IPCC, <https://www.ipcc.ch/report/2019-refinement-to-the-2006-ipcc-guidelines-for-national-greenhouse-gas-inventories/>),  $EPM_4 = 22,71 \times CMS + 8,91$  (g/dia) (Suzuki et al., 2018), desenvolvidas para bovinos de corte;  $EPM_5 = 4,41 + 0,50 \times CMS$  (g/dia) (Sobrinho et al., 2019) e  $EPM_6 = -1,012 + 0,308 \times CMS + 0,0404 \times CMS^2 + 2,424 \times \text{consumo de fibra em detergente neutro (CFDN)} - 0,29 \times CFDN^2$  (g/dia) (Patra, 2017), desenvolvidos para bovinos de corte em sistema de produção tropical. Os componentes de (co)variância foram estimados utilizando máximo verossimilhança restrita em um modelo animal, utilizando os programas da família BLUPF90. O modelo utilizado foi composto por os efeitos genéticos aditivos diretos e residuais como aleatórios, grupo contemporâneo (GC) como fixo, além da idade como co-variável. O GC foi formado por animais de mesmo rebanho, ano e estação de nascimento, sexo e edição do teste.

#### Resultados e Discussão

Os valores observados para emissão de metano entérico são similares entre si (Tabela 1) e estão dentro do intervalo apresentado na literatura (5,07 a 12,2 MJ/dia) (92 a 222 g/dia) (Ellis et al., 2007; Patra, 2017; Sobrinho et al., 2019), com variações que podem ser atribuídas ao CMS e nível produtivo dos animais, além dos parâmetros incluídos na equação. Embora seja baseada apenas no CMS como as equações  $EPM_1$ ,  $EPM_2$  e  $EPM_5$ , as maiores predições foram obtidas com a equação  $EPM_4$ , que foi desenvolvida para bovinos de corte através de meta-análise de informações oriundas de sistemas confinados com alimentação baseada em forrageiras tropicais ou palha de arroz. Esta equação pode ter levado a superestimação da emissão de metano entérica, não sendo recomendada para sistemas tropicais com raças zebuínas, em função das diferenças intrínsecas as raças, mas também as relacionadas ao ambiente e as dietéticas. Embora o CEB e CFDN tenham sido utilizadas em algumas equações, os valores obtidos foram próximos aos das equações apenas com CMS. As estimativas de herdabilidade foram moderadas (0,29 a 0,30), indicando viabilidade de seleção e obtenção de ganhos genéticos para redução da emissão de metano entérico através da seleção genética. Embora a mensuração direta da emissão de metano possa trazer respostas mais precisas, quando a avaliação direta não é possível, a seleção genética pode ser realizada utilizando equações de predição baseadas em características de mais fácil obtenção como o CMS, CEB e CFDN. Ainda assim, é importante ressaltar que outros fatores, além dos utilizados nas equações de predição, levam a variações na emissão de metano. As altas correlações genéticas (0,68 a 0,69) e fenotípicas (0,75) de EMP com CAR sugerem que o aumento da eficiência da utilização do alimento é parcialmente relacionado ao maior aproveitamento do alimento e menor perda de energia, resultado em menor emissão de metano. Assim, a seleção para CAR também pode ser utilizada como uma ferramenta de redução da emissão de metano e mitigação da emissão de GEE em sistemas de produção de bovinos de corte.

#### Conclusão

A emissão de metano entérica pode ser predita através de modelos matemáticos baseados no consumo de matéria seca, energia bruta e fibra em detergente neutro. A emissão de metano predita apresenta herdabilidade moderada para bovinos Nelore, indicando viabilidade de redução da emissão de metano

através da seleção genética. Considerando a correlação genética e fenotípica entre CAR e emissão de metano predita, a seleção para eficiência alimentar também pode ser utilizada para redução da emissão de metano em bovinos.

Tabela 1. Médias, coeficiente de variação (CV), variâncias genéticas ( $\sigma^2_a$ ), residuais ( $\sigma^2_r$ ), fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ), herdabilidade e correlações genéticas ( $r_g$ ) e fenotípicas ( $r_p$ ) com seus respectivos erros-padrão (EP) para consumo de matéria seca (CMS) e emissão de metano entérica predita (EMP) em bovinos Nelore.

<sup>8</sup> Características	<sup>7</sup> Parâmetros							
	Média	CV (%)	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_r$	$\sigma^2_p$	$h^2$	$r_g$ CAR±EP	$r_p$ CAR±EP
CMS (kg/dia)	8,34	22,85	0,26	0,60	0,85	0,30±0,02	0,69±0,05	0,76±0,01
EMP <sup>1</sup> (g/dia)	76,88	16,04	10,83	24,91	35,74	0,30±0,02	0,70±0,05	0,76±0,01
EMP <sup>2</sup> (g/dia)	86,41	12,38	8,14	18,73	26,87	0,30±0,03	0,69±0,05	0,76±0,01
EPM <sup>3</sup> (MJ/dia)	8,09	22,85	0,24	0,56	0,80	0,30±0,03	0,69±0,05	0,76±0,01
EPM <sup>4</sup> (g/dia)	198,38	21,82	133,47	306,89	440,36	0,30±0,03	0,68±0,05	0,76±0,01
EPM <sup>5</sup> (g/dia)	85,82	11,11	6,47	14,88	21,35	0,30±0,03	0,69±0,05	0,76±0,01
EPM <sup>6</sup> (g/dia)	93,11	22,15	29,10	72,05	101,15	0,29±0,03	0,68±0,05	0,75±0,01

<sup>7</sup>CAR: consumo alimentar residual; <sup>8</sup>EPM<sup>1</sup>: equação = 2,29 + 0,647 x CMS; EPM<sup>2</sup>: equação = 3,96 + 0,561 x CMS; EPM<sup>3</sup>: equação = consumo de energia bruta (CEB) x 6,3/55,65; EPM<sup>4</sup>: equação = 22,71 x CMS + 8,91; EPM<sup>5</sup>: equação = 4,41 + 0,50 x CMS; EPM<sup>6</sup>: equação = -1,012 + 0,308 x CMS + 0,0404 x CMS<sup>2</sup> + 2,424 \* consumo de fibra em detergente neutro (CFDN) -0,29 x CFDN<sup>2</sup>.

#### Agradecimentos

Os autores agradecem à Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF) pela concessão de bolsa de pesquisa ao primeiro autor (Processo nº 00193.00000922/2021-1). Os autores também agradecem à Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) pelo fornecimento das informações fenotípicas e genômicas.

#### Literatura citada

Ellis J.L., Kebreab E., Odongo N.E., Beauchemin K., McGinn S., Nkrumah J.D., Moore S.S., Christopherson R., Murdoch G.K., McBride B.W., Okine E.K., & France J. 2009. Modeling methane production from beef cattle using linear and nonlinear approaches. **Journal of Animal Science**, 87(4), 1334-1345.

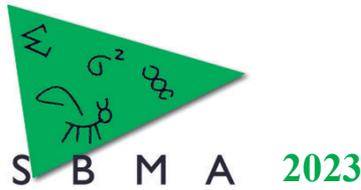
Ellis J.L., Kebreab E., Odongo N.E., McBride B.W., Okine E.K., & France J. 2007. Prediction of methane production from dairy and beef cattle. **Journal of Dairy Science**, 90(7), 3456-3466.

Mendes E.D.M., de Faria C.U, Sainz R.D., Silveira A.C.L., Magnabosco C.U., Eifert, E.C., Baldi F., Ventura H.T., Castro L.M., Ribeiro L.B., Cavalcanti L.F.L., Josahkian L.A., Silva L.O.C., Mercadante M. E.Z., Ribas M.N., Lobo R.B., Arnandes R.H.B., Gomes R.C., & Farjalla Y.B. 2020. **Procedimentos para mensuração de consumo individual de alimento em bovinos de corte**. Ribeirão Preto: ANCP.

Patra A.K. 2017. Prediction of enteric methane emission from cattle using linear and non-linear statistical models in tropical production systems. **Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change**, 22, 629-650.

Sobrinho T.L.P., Branco R.H., Magnani E., Berndt A., Canesin R.C., & Mercadante M.E.Z. 2019. Development and evaluation of prediction equations for methane emission from Nelore cattle. **Acta Scientiarum**, 41, e-42559.

Suzuki T., Sommart K., Anghthong W., Nguven T.V., Chaokaur A., Nitipot P., Phromloungsri A., Cai Y., Sakai T., Nishida T., Terada F., & Kawashima T. 2018. Prediction of enteric methane emission from beef cattle in Southeast Asia. **Animal Science Journal**, 89(9): 1287-1295.



**Identificação de candidatas a haplótipos letais e associação genômica com mortalidade pós-natal e características reprodutivas em bovinos Nelore**

Patrícia Iana Schmidt<sup>1\*</sup>, Lucio Flavio Macedo Mota<sup>1</sup>, Larissa Fernanda Simielli Fonseca<sup>1</sup>, Gabriela Bonfá Frezarim<sup>1</sup>, Leonardo Machestrapa Arikawa<sup>1</sup>, Daniel Jordan de Abreu Santos<sup>1</sup>, Ana Fabrícia Braga Magalhães<sup>1</sup>, Henrique Nunes de Oliveira<sup>1</sup>, Paul M. VanRaden<sup>2</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup>Animal Genomics and Improvement Laboratory, Agricultural Research Service (USDA), Beltsville, Maryland, USA.

\*Autor correspondente: [patricia.schmidt@unesp.br](mailto:patricia.schmidt@unesp.br)

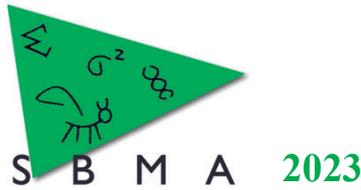
**Resumo:** Este estudo foi realizado para rastrear haplótipos recessivos letais com base no desvio da homocigose esperada da população e para testar marcadores SNP em torno da região de haplótipos letais e sua associação com reconcepção de novilhas (RN), mortalidade pós-natal (MPN) e stayability (STAY) em bovinos Nelore. Esta abordagem requer genótipos apenas de indivíduos aparentemente normais e não de embriões afetados. Um total de 62.022 animais foram genotipados e imputados a um painel de alta densidade (777.962 marcadores SNP). O software *findhap.f90* foi utilizado para construir os haplótipos. Calculou-se o número esperado de indivíduos homocigotos e obteve-se a probabilidade de observar 0 homocigotos quando  $n$  é esperado. Os valores genéticos genômicos foram obtidos e desregredidos e usados em uma análise de associação ampla do genoma (GWAS) para RN, MPN e STAY. Apenas SNPs significativos dentro ou perto de regiões de haplótipos onde nenhum homocigoto foi encontrado foram selecionados. Trinta haplótipos tiveram alta frequência esperada, mas nenhum homocigoto foi observado. A maioria dos alelos presentes nesses haplótipos teve efeito médio negativo para RN, MPN e STAY. O GWAS revelou marcadores SNP significativos que implicam em diferentes mecanismos fisiológicos levando a efeitos deletérios na RN, MPN e STAY. Testes para encontrar portadores de haplótipos potencialmente letais podem ajudar os criadores a eliminá-los da população ou gerenciar acasalamentos para evitar homocigotos.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, frequência esperada de haplótipos, indivíduos homocigotos, mortalidade, reconcepção de novilhas, stayability

**Identification of candidate lethal haplotypes and genomic association with post-natal mortality and reproductive traits in Nellore cattle**

**Abstract:** This study was carried out to screen lethal recessive haplotypes based on deviation from the expected population homozygosity, and to test SNP markers surrounding the lethal haplotypes region for association with heifer rebreeding (HR), post-natal mortality (PNM) and stayability (STAY) in Nellore cattle. This approach requires genotypes only from apparently normal individuals and not from affected embryos. A total of 62,022 animals were genotyped and imputed to a high-density panel (777,962 SNP markers). The software *findhap.f90* was used to construct the haplotypes. Expected numbers of homozygous individuals were calculated, and the probabilities of observing 0 homozygotes when  $n$  is expected was obtained. Genomic breeding values were obtained and deregressed and were used in a genome-wide association approach (GWAS) for HR, STAY and PNM. Only significant SNPs within or close to regions of haplotypes where no homozygote was found, were selected. Thirty haplotypes had high expected frequency, but no homozygotes were observed. Most of the alleles present in these haplotypes had a negative mean effect for PNM, HR and STAY. The GWAS revealed significant SNP markers that implies in different physiological mechanisms leading to harmful effect on HR, PNM and STAY. Tests to find putative lethal haplotype carriers could help breeders to eliminate them from the population or manage mating in order to avoid homozygous.

**Keywords:** beef cattle, expected haplotype frequency, heifer rebreeding, homozygous individuals, mortality, stayability



### Introdução

Inicialmente, análises de pedigree e estratégias que requerem genótipos de embriões anormais aliados à testes de reprodução subsequentes para confirmar a herança eram necessárias para fornecer evidências sobre os efeitos dos alelos recessivos letais. Com a inclusão de tecnologias de genotipagem em larga escala, aumentou a possibilidade de identificar variantes recessivas letais por meio de marcadores moleculares densos do tipo SNP. Um teste estatístico, usando uma abordagem baseada em haplótipos, sem a necessidade do uso de fenótipos, foi desenvolvido por VanRaden et al., 2011. Este método representa uma poderosa ferramenta para identificar haplótipos deletérios comuns na população que são construídos a partir de genótipos SNP e aqueles que aparecem no estado homocigoto com muito menos frequência do que o esperado, são identificados como candidatos, sendo que seu poder de detecção depende diretamente do número de animais genotipados. Uma das principais vantagens dessa metodologia é a simples implementação, a um custo muito baixo, considerando que o número de animais genotipados disponíveis vêm aumentando significativamente.

Os testes de haplótipos podem ser incluídos juntamente com as avaliações genômicas, para identificar animais com características desejáveis de importância econômica, descobrir novos distúrbios genéticos e rastrear o status de portador dos animais genotipados. Através da implementação de estratégias de seleção e acasalamento e, potencialmente, edição de genes, problemas que comprometem a sobrevivência pós-natal e até a reprodução na idade adulta podem ser evitados. Assim, este estudo foi realizado para mapear haplótipos recessivos letais com base nas frequências populacionais esperadas de haplótipos homocigotos; e detectar os marcadores SNP significativos ao redor da região de haplótipos letais para reconcepção de novilhas (RN), mortalidade pós-natal (MPN) e stayability (STAY) em bovinos Nelore usando a abordagem de estudo de associação ampla do genoma (GWAS).

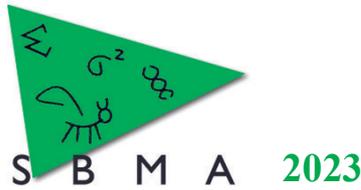
### Material e Métodos

O banco de dados pertencia a três programas de melhoramento comercial (DeltaGen, Paint – CRV Lagoa e Cia de Melhoramento), que fazem parte do banco de dados Aliança Nelore ([www.gensys.com.br](http://www.gensys.com.br)). Dados de pedigree totalizaram 602.248 animais e 62.022 informações de genótipos imputados ao painel HD, sendo 24.042 fêmeas e 37.980 machos, foram utilizadas, considerando a montagem do genoma ARS-UCD1.2 *Bos taurus*. Considerando os dados fenotípicos, a RN foi determinada atribuindo-se o valor 1 (sucesso) ou 0 (falha) às fêmeas que apresentaram ou não um segundo bezerro, respectivamente. A STAY foi determinada atribuindo-se o valor 1 (sucesso) a vacas com pelo menos três partos até 76 meses e, caso contrário, atribuiu-se o valor 0 (falha). A MPN foi determinada considerando o valor 1 (sucesso) para os animais que foram avaliados no desmame e, caso contrário, o valor 0 (falha) para os animais que não atingiram o desmame.

Os haplótipos foram construídos usando o método de janelas deslizantes implementado no software *findhap.f90 v3*. Seguindo VanRaden et al. (2011) dois métodos foram usados para calcular o número esperado de indivíduos homocigotos para cada haplótipo: Método simples – assumindo acasalamento aleatório e o número esperado de homocigotos foi dado pelo número de indivíduos genotipados divididos por 4 e multiplicado pelo quadrado da frequência da portadora. Método de acasalamento – para obter o número esperado de homocigotos, foi considerado acasalamentos reais entre touro portador x vacas portadoras e touro portador x vacas (avô materno portador), dividido por 4. As probabilidades de observar 0 homocigotos quando n é esperado foram obtidas seguindo: para o método simples  $Phh = (1 - C^2/4)^N$ , onde a probabilidade de não observar os animais homocigotos (Phh) depende da frequência do portador dos animais heterocigotos (C) e do número de animais genotipados (N). Para o método de acasalamento, segue um processo de Bernoulli e é igual a 0,75 elevado à potência do número observado de pares de touro portador × avô materno portador.

Antes de realizar a análise GWAS, os valores genéticos estimados (EBVs) foram desregredidos (dEBV), e apenas os animais apresentando dEBV com uma acurácia mínima de 0,40 foram usados na análise GWAS. O GWAS foi realizado utilizando o programa GCTA para RN (43.250 fêmeas), STAY (42.787 fêmeas) e MPN (25.330 animais), para localizar SNPs significativos dentro ou perto das regiões do candidato a haplótipo letal.

### Resultados e Discussão



Trinta regiões de candidatos a haplótipos letais foram identificadas, distribuídas em 15 cromossomos (BTA: 1, 2, 3, 5, 7, 8, 9, 10, 12, 17, 18, 19, 22, 24 e 29) com altas frequências de candidatos portadores variando de 2,98% a 12,21% em ambos os métodos. A frequência de animais portadores com o haplótipo letal é geralmente cerca de duas vezes a frequência média do haplótipo letal, uma vez que um animal heterozigoto conta apenas 0,50 para a frequência do alelo devido a um alelo ruim e um alelo normal.

Encontramos novas regiões candidatas daquelas observadas anteriormente na literatura para bovinos de corte. Uma das razões para essa diferença pode ser devido à distância genética entre *Bos Indicus* e *Bos Taurus*, que apesar de terem um ancestral comum, apresentam várias diferenças morfológicas e fisiológicas (Utsunomiya et al., 2019). Autores também relatam que a distribuição calculada de frequências alélicas menores e heterozigosidade sugere que a diversidade genética das populações de *Bos indicus* é menor do que a das populações de *Bos taurus* (Lin et al., 2010). Os haplótipos encontrados neste estudo podem ser específicos da espécie ou mesmo da raça Nelore, com destaque para os de maior frequência: em BTA19 (54651560-55237521), com mais de 15.000 candidatos portadores, no BTA8 (84943889-85809360) com frequência de portadora de 10% e no BTA2 (125601735-126602788) com mais de 11.000 candidatos portadores. Além disso, segmentos adjacentes mostrando um número semelhante de portadores também podem ser um bom sinal indicando que vários segmentos próximos podem estar rastreando a mesma variante letal, como em BTA 3, BTA 7, BTA 8 e BTA 9.

O GWAS apontou vários marcadores SNP significativos implicando diferentes mecanismos fisiológicos levando a efeitos prejudiciais no desempenho reprodutivo (RN e STAY) e MPN em bovinos Nelore. Um total de 146, 267 e 482 marcadores SNP foram considerados significativos em  $-\log_{10}(p\text{-valor}) > 6$  para FC, PNM e STAY, respectivamente. Desses, 43 marcadores SNP foram compartilhados por RN e STAY, 1 marcador foi compartilhado por PNM e STAY e todos as características compartilharam 3 marcadores. Além disso, identificamos um total de 10 genes (*MTUS2*, *NFIA*, *A2M*, *A2ML1*, *KLRG1*, *M6PR*, *OVOS2*, *PHCI*, *BVES* e *LIN28B*) envolvendo 200kb de marcadores significativos compartilhados por RN, MPN e STAY, em BTA 3, 5, 9 e 12.

### Conclusão

Um total de trinta haplótipos potencialmente letais foram identificados, os quais podem ser específicos da espécie ou mesmo da raça Nelore. O GWAS apontou SNPs significativos relacionados a diferentes mecanismos fisiológicos, que levam a efeitos prejudiciais na RN, MPN e STAY em bovinos Nelore. Testes para encontrar portadores de haplótipos letais podem ajudar os criadores a implementar ações de seleção para eliminar esses haplótipos da população ou gerenciar acasalamentos para evitar a dispersão de alelos letais.

### Agradecimentos

Esta pesquisa foi financiada pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP nº 2009/16118-5; nº 2017/10630-2; nº 2018/17812-1; nº 2019/10123-9; nº 2021/09942-5), e em parte pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código Financeiro 001.

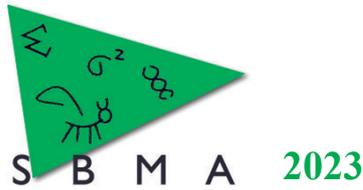
### Literatura citada

Garrick, D. J., Taylor, J. F. & Fernando, R. L. 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genetics Selection Evolution**, 41, 1–8.

Lin, B. Z., Sasazaki, S. & Mannen, H. 2010. Genetic diversity and structure in *Bos taurus* and *Bos indicus* populations analyzed by SNP markers. **Animal science journal**, 81, 3, 281-289.

Utsunomiya, Y. T., Milanese, M., Fortes, M. R. S., Porto-Neto, L. R., Utsunomiya, A. T. H., Silva, M. V. G. B. & Ajmone-Marsan, P. 2019. Genomic clues of the evolutionary history of *Bos indicus* cattle. **Animal genetics**, 50, 6, 557-568.

VanRaden, P. M., Olson, K. M., Null, D. J. & Hutchison, J. L. 2011. Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. **Journal of dairy science**, 94,12, 6153-6161.



### Identificação de eventos de recombinação para machos da raça Nelore

Patrícia Iana Schmidt<sup>1\*</sup>, Lucio Flavio Macedo Mota<sup>1</sup>, Larissa Fernanda Simielli Fonseca<sup>1</sup>, Gabriela Bonfá Frezarim<sup>1</sup>, Leonardo Machestrapa Arikawa<sup>1</sup>, Li Ma<sup>2</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup> Department of Animal and Avian Sciences, University of Maryland (UMD), College Park, Maryland, USA.

\*Autor correspondente: [patricia.schmidt@unesp.br](mailto:patricia.schmidt@unesp.br)

**Resumo:** Os objetivos do presente estudo foram calcular a taxa de recombinação, identificar regiões *hotspots* e construir um mapa de recombinação para machos Nelore. Informações de pedigree eram compostas por 2.688.124 animais. Um total de 4.447 animais foram genotipados com um painel de alta densidade (777.962 marcadores SNP) e 4.041 com um painel contendo 74.677 marcadores. As taxas de recombinação foram medidas por um método indireto usando pedigree. Extraímos pares progênie-pai do pedigree, ambos genotipados e faseados para inferir sobre eventos de recombinação paterna durante a meiose. As regiões de *hotspots* foram definidas como intervalos SNP com taxa de recombinação > 2,5 desvios padrão acima da média. Para construir mapas de recombinação, estimamos a taxa de recombinação entre SNPs consecutivos. Extraímos 21.391 eventos de crossovers e 659 meioses paterna com um número médio de crossovers por meiose de 32,4 para machos Nelore. Observamos um total de 520 regiões *hotspots*, especialmente nos cromossomos 1, 6 e 11, com as maiores taxas de recombinação. Esses resultados fornecem informações úteis sobre o mecanismo genético e a evolução da recombinação dentro de uma importante raça pecuária criada no Brasil.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, crossover, faseamento, *hotspots*, machos, pedigree

### Identification of recombination events in Nellore males

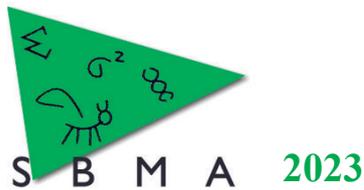
**Abstract:** The objectives of the present study were to calculate recombination rate, to identify hotspot regions, to construct a recombination map for Nellore males. Pedigree information comprised of 2,688,124 animals. A total of 4,447 animals were genotyped with a high-density panel (777,962 SNP markers) and 4,041 with a panel containing 74,677 markers. Recombination rates were measured by an indirect method using pedigree. We extracted progeny-sire pairs from the pedigree and both, were genotyped and phased in order to infer about paternal recombination events during meiosis. Hotspot regions were defined as SNP intervals with recombination rate > 2.5 standard deviations above the mean. To construct recombination maps, we estimated recombination rate between consecutive SNPs. We extracted 21,391 crossover events and 659 paternal meiosis with an average number of crossovers per meiosis of 32.4 for Nellore males. There was a total of 520 hotspot regions, especially in chromosomes 1, 6 and 11, with the highest recombination rates. We have found 52 candidate genes underlying hotspot regions and associated GO terms related pathways. These results provide useful insights into the genetic mechanism and evolution of recombination within an important livestock breed raised in Brazil.

**Keywords:** beef cattle, crossover, hotspots, males, pedigree, phasing

### Introdução

Preservar a diversidade genética é importante para permitir a sustentabilidade a longo prazo dos programas de melhoramento no Brasil. Para entender a diversidade genética em todo o genoma, Weng et al., (2019) relataram que é importante caracterizar padrões de taxas de recombinação. Em eucariotos, a recombinação meiótica é um processo biológico fundamental no qual materiais genéticos parentais são trocados durante a formação de óvulos ou espermatozoides (Ma et al., 2015). Esse processo produz novas combinações de variantes genéticas, resultando em descendentes com características diferentes de seus pais e contribuindo para a diversidade genética (Ma et al., 2015; Shen et al., 2018).

Na maioria das espécies, os eventos de recombinação não são totalmente distribuídos aleatoriamente ao longo do DNA cromossômico, mas tendem a ocorrer em áreas concentradas com elevada atividade de recombinação, denominadas regiões de *hotspots* (Gonen et al., 2017). Normalmente, os *hotspots* são



pequenas regiões nas quais a taxa de recombinação é significativamente maior do que nas regiões vizinhas. Uma estratégia para explorar e quantificar o efeito potencial da mudança de *hotspots* de recombinação no ganho genético em programas de melhoramento de gado foi testada por Gonen et al. (2017). Esses autores mostraram, por meio da manipulação dos locais de *hotspots* de recombinação, que foi possível aumentar a resposta geral à seleção e diminuir a perda de variação genética.

Os eventos de recombinação podem ser medidos direta e indiretamente. Os métodos diretos medem a frequência de recombinação examinando proteínas relacionadas a alguns estágios específicos da meiose, como Genotipagem de Genoma de Espermatozoide Único ou Ensaio Molecular. Métodos indiretos constroem mapas de recombinação com base na identificação de padrões locais no Desequilíbrio de Ligação ou, como neste trabalho, usando informações genômicas de dados de pedigree (Ma et al., 2015; Shen et al., 2018). A maioria dos estudos sobre eventos de recombinação e sua importância são feitos em humanos e camundongos. Estudos em outras espécies de mamíferos, como bovinos, podem fornecer informações comparativas para entender melhor os eventos de recombinação e a evolução da recombinação em mamíferos. Os objetivos do presente estudo foram calcular a taxa de recombinação, identificar regiões de *hotspots* e construir um mapa de recombinação para machos Nelore.

#### Material e Métodos

As análises foram realizadas com um total de 8.488 animais Nelore obtidos do conjunto de dados Alliance Nelore ([www.gensys.com.br](http://www.gensys.com.br)) que foram genotipados, incluindo 2.025 fêmeas, 1.473 machos jovens e 949 touros, usando o chip Illumina Bovine HD Bead (Illumina, San Diego, CA, USA) que contém 777.962 SNPs (HD) e 716 fêmeas, 3.146 machos jovens e 179 touros genotipados usando o GeneSeek® (Genomic Profiler Indicus HD - GGP75Ki NEOGEN) que contém 74.677 SNPs (75K). As informações de pedigree compreendem um total de 2.688.124 animais. Depois de editar os 2 conjuntos de dados de marcadores, 410.674 SNPs e 4.424 animais permaneceram no painel HD; e 61.603 SNPs e 4.038 animais permaneceram no painel 75K para realizar as análises posteriores. Não foi realizada imputação.

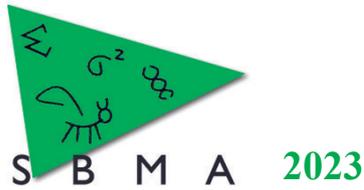
Para detecção dos eventos de recombinação, foi utilizado o método de pedigree usando uma abordagem semelhante descrita com mais detalhes anteriormente em raças de gado leiteiro (Ma et al., 2015; Shen et al., 2018). Extraímos pares progênie-pai do pedigree de bovinos Nelore, ambos genotipados. Um animal pode aparecer em mais de um par com base na estrutura do pedigree, já que alguns touros têm centenas de descendentes. O genótipo de um animal foi faseado com base no genótipo do pai e os locais de crossover foram identificados comparando um haplótipo da prole com os dois haplótipos do pai correspondente. Todo o processo para encontrar crossovers inclui duas etapas: 1) faseamento e 2) encontrar crossovers. Usamos apenas o pai para faseamento focando em SNPs heterozigotos.

Para um SNP heterozigoto (Aa) no indivíduo, o faseamento foi feito para conhecer a origem parental dos alelos "A" e "a", com base no genótipo do pai. Por exemplo, se o pai era "AA", então sabemos que "A" veio do pai e "a" veio da mãe. Se o pai era "aa", também podemos descobrir a origem dos pais. No entanto, se o pai era "Aa", não conseguimos fasear este SNP. Terminado o faseamento, encontramos crossovers comparando o haplótipo faseado com os haplótipos do pai. O número de meiose é o número de pares progênie-pai e o número de crossovers é o número total de crossovers entre dois SNPs informativos (MA et al., 2015).

Para construir mapas de recombinação, taxa de recombinação entre SNPs consecutivos foram estimados. Cada crossover foi dividido igualmente em todos os intervalos entre os SNPs informativos inicial e final (Ma et al., 2015). Passamos por todo o conjunto de dados para calcular o número de crossovers entre dois SNPs. Para fins de controle de qualidade, semelhante a Shen et al. (2018), removemos pares que tinham mais de 60 eventos de crossover em todo o genoma, e removemos todos os crossovers SNP adjacentes entre si, permanecendo no arquivo de saída apenas SNPs com mais de dez posições de distância. Após estudos anteriores em bovinos, a taxa de recombinação foi calculada como o número de crossover dividido pelo número de meiose (Ma et al., 2015; Shen et al., 2018), e intervalos SNP com taxas de recombinação de 2,5 desvios padrão acima da média foram considerados regiões de *hotspots*.

#### Resultados e Discussão

O princípio do método usado aqui para detectar a recombinação é rastrear a transmissão de alelos de uma geração para a próxima. Inicialmente, foram extraídos um total de 2.381 pares pai-progênie



genotipados por painéis 75k e HD e inferidos mais de 1 milhão de eventos de crossovers e, após controle de qualidade, 21.391 eventos de cruzamento e 659 meioses paterna permaneceram. O número médio de crossovers por meiose foi de 32,4 para machos Nelore. Esse resultado é superior a estudos anteriores para as raças Holandesa, Jersey, Pardo Suíço e Ayrshire (Ma et al., 2015; Shen et al., 2018). As diferenças podem ser devidas a vários fatores, como quantidade e estrutura dos dados, raças e aos painéis de genotipagem utilizados.

A taxa média de recombinação foi de  $8,32 \times 10^{-5}$  e a maior taxa de recombinação encontrada em todo o genoma foi de 0,0015 Morgan para 1 Mb de distância. Para um painel HD, como neste estudo, a distância entre os SNPs é menor do que estudos anteriores, que utilizaram um painel de menor densidade (50K) e mostraram um valor médio de 0,01 Morgan para 1Mb de distância (Ma et al., 2015; Shen et al., 2018). Neste estudo, os machos tiveram uma taxa de recombinação maior no início (centrômeros em bovinos) e no meio dos cromossomos e taxa de recombinação consideravelmente maior perto do final dos cromossomos (telômero). De fato, como os centrômeros bovinos estão localizados quase na extremidade do cromossomo, observamos um efeito misto tanto do centrômero quanto do telômero, conforme já descrito por Ma et al (2015). Uma maior taxa de recombinação para machos no final do cromossomo é consistente com observações em estudos anteriores (Ma et al., 2015; Shen et al., 2018).

Identificamos 520 regiões de hotspots para machos em todos os cromossomos autossômicos distribuídos em 115 pares pai-progênie, e desses, cada um tinha de 2 a 6 regiões de *hotspots*. Alguns cromossomos apresentaram maior número de *hotspots*, principalmente os cromossomos 1, 6 e 11, possivelmente devido ao maior comprimento. Shen et al., 2018 encontraram variabilidade no número de regiões de *hotspots* entre diferentes raças (Jersey, Ayrshire e Brown Swiss). Além disso, os machos apresentaram um total de 233 *hotspots* compartilhados por todas as raças.

### Conclusão

Caracterizamos o cenário de recombinação meiótica bovina em uma população de machos Nelore que será útil em estudos genéticos de diferentes raças bovinas de corte. Extraímos 21.391 eventos de crossovers e 659 meioses paterna e, o número médio de crossovers por meiose foi de 32,4 para machos Nelore. Foram encontradas 520 regiões de *hotspots*, principalmente nos cromossomos 1, 6 e 11. Esses resultados fornecem informações úteis sobre o mecanismo genético e a evolução da recombinação dentro de uma importante raça pecuária criada no Brasil.

### Agradecimentos

Esta pesquisa foi financiada pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP nº 2009/16118-5; nº 2017/10630-2; nº 2018/17812-1; nº 2019/10123-9; nº 2021/09942-5), e em parte pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código Financeiro 001.

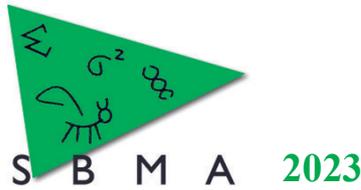
### Literatura citada

Gonen, S., Battagin, M., Johnston, S. E., Gorjanc, G., & Hickey, J. M. 2017. The potential of shifting recombination hotspots to increase genetic gain in livestock breeding. **Genetics Selection Evolution**, 49, 1-12.

Ma L., O'connell J. R., Vanraden P. M., Shen B., Padhi A., Sun C. & Da Y. 2015. Cattle sex-specific recombination and genetic control from a large pedigree analysis. **PLoS genetics**, 11, 11, e1005387.

Shen B., Jiang J., Seroussi E., Liu G. E. & Ma L. 2018. Characterization of recombination features and the genetic basis in multiple cattle breeds. **BMC genomics**, 19, 1, 1-10.

Weng Z., Wolc A., Su H., Fernando R. L., Dekkers J. C., Arango J. & Garrick D. J. 2019. Identification of recombination hotspots and quantitative trait loci for recombination rate in layer chickens. **Journal of animal science and biotechnology**, 10, 1, 1-13.



### Identificação de genearcas e linhagens modernas associadas à maciez da carne na raça Nelore

Byanka Bueno Soares<sup>1,2\*</sup>, Ludmilla Costa Brunes<sup>2</sup>, Fernando Baldi<sup>3</sup>, Larissa Bordin Temp<sup>3</sup>, Roberto Daniel Sainz<sup>1,4</sup>, Eduardo da Costa Eifert<sup>2</sup>, Marcos Fernando Oliveira e Costa<sup>2</sup>, Cláudio Ulhoa Magnabosco<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Goiás (UFG), Goiânia, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>4</sup>Department of Animal Science, University of California, Davis, USA.

\*Autor correspondente: [byankabueno.zootecnista@hotmail.com](mailto:byankabueno.zootecnista@hotmail.com)

**Resumo:** Objetivou-se avaliar a associação entre genearcas e as linhagens modernas na raça Nelore e o fenótipo para maciez da carne, com intuito de identificar animais com maior capacidade de produzir carne macia. Foram utilizadas informações fenotípicas de 892 animais, fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Através de análise de pedigree, identificou-se o genearca ou a linhagem moderna de maior contribuição para cada indivíduo. O efeito dos genearcas e linhagens modernas sobre o fenótipo ajustado para maciez foi avaliado utilizando análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey-Kramer a 5% de probabilidade. Não houve efeito significativo ( $P>0,05$ ) da contribuição dos genearcas ou das linhagens modernas sobre o fenótipo de maciez da carne. Contudo, Golias Imp. foi o genearca que apresentou a melhor média para maciez. Dentro das linhagens modernas, Sonolento OB, REM Armador e Ludy de Garça foram os reprodutores com as menores médias para força de cisalhamento, isto é, melhores médias para maciez da carne. Por outro lado, Riacho OB foi o único touro entre as linhagens modernas que apresentou médias acima do limiar considerado como carne macia. Os genearcas e as linhagens modernas da raça Nelore não influenciaram o fenótipo de maciez da carne, indicando que a seleção fenotípica pode não ser a melhor alternativa na identificação dos animais com maior potencial para produzir progênes com carne macia.

**Palavras-chave:** Força de cisalhamento, seleção, *Warner-Bratzler Shear Force*, zebu.

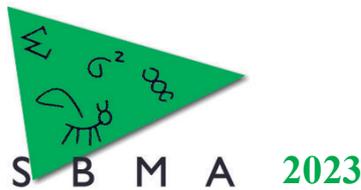
### Identification of modern lineages for meat tenderness in the Nelore breed

**Abstract:** The aim was to evaluate the relationship between founders and modern lineages in the Nelore breed and the meat tenderness phenotype, in order to identify animals with a greater capacity to produce tender meat. Phenotypic information from 892 animals provided by the National Association of Breeders and Researchers (ANCP) was used. Through a pedigree analysis, the founders or modern lineage with the highest contribution to each individual was identified. The effect of founders and modern lineages on tenderness meat adjusted phenotype was evaluated using analysis of variance and means were compared by Tukey-Kramer test at 5% probability. There was no significant effect ( $P>0.05$ ) of the contribution of founders or modern lineages on the meat tenderness phenotype. However, Golias Imp. was the founder that presented the best meat tenderness mean. For modern lineages, Sonolento OB, REM Armador, and Ludy de Garça were the sires with the better means for Shear Force, i.e, the best tenderness meat. On the other hand, Riacho OB was the only sire among the modern lineages that presented values above the threshold considered tender meat. Founders and modern lineages of the Nelore breed did not influence meat tenderness, indicating that phenotypic selection may not be the best alternative for identifying animals with greater potential to produce progenies with tender meat.

**Keywords:** Shear force, selection, *Warner-Bratzler Shear Force*, zebu.

### Introdução

Um dos principais gargalos da pecuária brasileira é a falta de padronização e qualidade das carcaças, para atender ao mercado principalmente, aqueles mais exigentes por cortes nobres e/ou de maior qualidade, afetando assim sua valorização. Nesse sentido, a identificação de linhagens com maior potencial para produção de progênes com carne de melhor qualidade, como em relação a maciez, é de extrema



importância para uma melhor numeração das carcaças brasileiras. De acordo com Magnabosco et al. (1997), o termo linhagem refere-se a determinados reprodutores aos quais contribuem de forma expressiva para composição genética dos atuais rebanhos multiplicadores e disseminadores de material genético importado, sendo assim, denominados genearcas. Dentro de cada linhagem, existem reprodutores que se destacam quanto suas características de importância econômica, o que ampliou sua utilização nos programas de seleção, elevando o número de progênes, e dando origem a uma “nova família ou linhagem moderna”. Objetivou-se avaliar a relação entre genearcas e linhagens modernas na raça Nelore e o fenótipo para maciez da carne, identificando aqueles com maior capacidade de aumentar a maciez da carne em bovinos Nelore.

#### Material e Métodos

A base de dados utilizada foi composta por informações fenotípicas de 892 animais para força de cisalhamento (WBSF - *Warner-Bratzler Shear Force*) e 2.631.881 informações de Pedigree, fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto - SP). Os genearcas avaliados foram os responsáveis pela base formadora das principais linhagens de Nelore no Brasil: Akasamu Imp., Chekurupadu Imp., Godhavari Imp., Golias Imp., Gonthur Imp., Índio OM., Karvadi Imp., Nagpur Imp., Rasta Imp., Taj Mahal Imp. As novas famílias ou chamados linhagens modernas foram identificadas baseando-se no número de filhos avaliados ou pela frequência de utilização em acasalamentos nas fazendas participantes da ANCP. Desta maneira, foram definidos os seguintes touros: Backup, D4685 da MN (Campeão), Fajardo da GB, Ludy de Garça, 1646 da MN, Provador, Gim de Garça, Quark Col, REM Armador, Riacho OB, Sonolento OB, Rastã OB, Rambo da MN, REM Torixoréu, Sherlock MAT, REM USP, e para aqueles animais cujo pedigree não encaixasse dentre estes touros foi atribuído o termo “Outros fundadores”. Utilizando análise de pedigree, identificou-se o genearca ou a linhagem moderna de maior contribuição para cada indivíduo. Os dados utilizados foram submetidos a controle de qualidade, com a exclusão das informações que estavam acima ou abaixo de 3,5 desvios-padrão em relação à média do grupo de contemporâneo (GC), que foi formado concatenando animais de mesmo rebanho, ano e estação de nascimento, sexo, lote de manejo e grupo de abate. Além disso, foram removidos os genearcas ou linhagens modernas com menos de 5 observações, visando garantir a variabilidade. A idade e o GC apresentaram efeito significativo para o fenótipo de maciez, assim a característica foi ajustada para estes fatores utilizando modelo misto. O efeito dos genearcas e linhagens modernas sobre o fenótipo ajustado para maciez foi avaliado utilizando análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey-Kramer a 5% de probabilidade. Os animais foram agrupados quanto ao fenótipo considerando valores acima e abaixo de 4,5 kgf. Animais com valores abaixo de 5 kgf são considerados animais de carne macia.

#### Resultados e Discussão

Embora não tenha sido observado efeito ( $P>0,05$ ) dos genearcas sobre a característica avaliada (Tabela 1), Golias Imp. foi o genearca que apresentou a menor média para maciez ( $4,314\pm 0,13$ ) valor este que se encontra dentro dos limiares relatados para bovinos da raça Nelore (Castro et al., 2014; Mamede et al., 2022). Na literatura, são encontrados vários trabalhos que debatem um limiar adequado para que uma carne seja considerada macia, podendo variar de 3,5 a 5 kgf (Shackelford et al., 1991; Miller et al., 2001). Assim, as médias observadas para todos os genearcas estão dentro do limiar para maciez da carne. Kavardi Imp. e Golias Imp. foram os genearcas que apresentaram um maior número de descendentes com fenótipos para maciez da carne, corroborando com o estudo do catálogo de linhagens realizado por Magnabosco et al. (1997) onde o genearca Kavardi Imp. foi um dos reprodutores com maior contribuição total nos rebanhos atuais.

Também não foi observado efeito significativo ( $P>0,05$ ) das linhagens modernas sobre a maciez da carne (Tabela 1). Ainda assim, dentro dessas linhagens modernas avaliadas, Sonolento OB foi que touro que apresentou menor média para WBSF. Esse resultado pode estar relacionado a seleção para maciez realizada no rebanho de origem. Vale ressaltar que, Sonolento OB apresenta em sua composição de fundadores o touro Godhavari Imp. (14,64%) que apresentou média para maciez da carne de  $4,695\pm 0,13$  (tabela 1). REM Armador e Ludy de Garça também apresentaram menores médias para maciez ( $4,286\pm 0,22$  e  $4,309\pm 0,14$ , respectivamente), ambos reprodutores foram amplamente utilizados nos sistemas de acasalamento, por se destacarem em várias características de importância econômica. Apenas Riacho OB apresentou médias acima do limiar considerado como carne macia.

### Conclusão

Os genearcas e as linhagens modernas da raça Nelore não influenciaram o fenótipo de maciez da carne. Com exceção de Riacho OB, todos os grupos avaliados apresentaram valores médios abaixo do limiar utilizado para classificação da carne como macia. Assim, é possível produzir carne com baixa força de cisalhamento em bovinos Nelore utilizando esses genearcas ou linhagens.

Tabela 1. Médias com seus respectivos desvios-padrão (DP) para fenótipo (MAC) para maciez da carne em genearcas e linhagens modernas da raça Nelore

Genearca	Nº observações	MAC		Linhagem moderna	Nº observações	MAC	
		Média±DP				Média±DP	
Akasamu Imp.	45	4,946±0,18		Riacho OB	6	5,594±0,51	
Godhavari Imp.	93	4,695±0,13		Backup	37	4,895±0,20	
Kavardi Imp.	567	4,523±0,05		D4685 da MN (Campeão)	7	4,804±0,47	
Taj Mahal Imp.	7	4,466±0,47		Rasta OB	56	4,667±0,17	
Nagpur Imp.	54	4,464±0,17		1646 da MN	44	4,660±0,19	
Golias Imp.	125	4,314±0,13		Rambo da MN	24	4,621±0,25	
				Gim de Garça	11	4,544±0,37	
				Outros fundadores	419	4,528±0,06	
				Provador	10	4,516±0,39	
				Quark Col	65	4,510±0,15	
				Ludy de Garça	73	4,309±0,14	
				REM Armador	32	4,286±0,22	
				Sonolento OB	6	4,117±0,51	
Valor de P		0,0917				0,4784	
Valor de P para Idade		2,83 <sup>-08</sup>				3,10 <sup>-08</sup>	
Valor de P para GC		2,20 <sup>-16</sup>				2,20 <sup>-16</sup>	

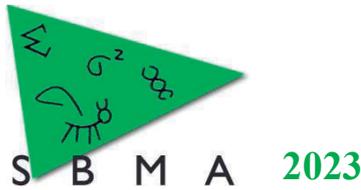
GC: grupo de contemporâneo

### Agradecimentos

Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) pelo apoio financeiro de concessão de bolsa de doutorado ao primeiro autor (Bolsa nº 202110267000440) e à Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF) pelo auxílio financeiro (Processo nº 00193.00000922/2021-1). Os autores também agradecem às fazendas Agronova, Nelore Marca OB, Nelore CV e Fazenda Panorama e à Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) pelo fornecimento das informações fenotípicas e genômicas.

### Literatura citada

- Castro, L.M., Magnabosco, C.U., Sainz, R.D., Faria, C.U. & Lopes, F.B. 2014. Quantitative genetic analysis for meat tenderness trait in Polled Nelore cattle. **Revista Ciência Agronômica**, 45, 393–402.
- Magnabosco, C.U., Cordeiro, C.M.T., Trovo, J.B.F., Mariante, A.S., Lôbo, R.B. & Josahkian, L.A. 1997. **Catálogo de linhagens do germoplasma zebuino: raça Nelore**. (Documentos 23). Brasília: Embrapa-Cenargen.
- Mamede, M.M., Rosa, G.J.M., Eifert, E.C., Lopes, F.B., Costa, M.F.O., Sainz, R.D., Carmo, A.S., Baldi, F., Mascioli, A.S. & Magnabosco, C.U. 2022. Genetic parameters for growth reproductive, carcass and meat quality in Polled Nelore Cattle. **Tropical Animal Health and Production**, 94,1-10.
- Miller, M.F., Carr, M.A., Ramsey, C.B., Crockett, K.L. & Hoover, L.C. 2001. Consumer thresholds for establishing the value of beef tenderness. **Journal of Animal Science**, 79, 3062–3068.
- Shackelford, S.D., Wheeler, T.L. & Whipple, G. 1991. An evaluation of tenderness of the longissimus muscle of Angus by Herdford versus Brahman crossbred heifers. **Journal of Animal Science**, 69, 171-177.



**Identificação de um índice de seleção para características de crescimento e reprodução em bovinos BON e Brahman.**

Misas Vargas Susana<sup>1\*</sup>, González-Herrera Luis G<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Estudante de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín (UNAL), Medellín, Antioquia, Colômbia.

<sup>2</sup>Produção Animal, Grupo de pesquisa em Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM), Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín (UNAL), Medellín, Antioquia, Colômbia.

\*Autor correspondente: smisasv@unal.edu.co

**Resumo:** O rebanho bovino colombiano está composto em aproximadamente um 95% por animais Bos Indicus, destacando-se a raça Brahman (BR) como um dos principais grupos raciais no país; o restante 5% está constituído por gado Bos Taurus e gados crioulos como o Blanco Orejinegro (BON). Um índice de seleção mede o mérito genético de um animal para várias características ao mesmo tempo. Objetivou-se identificar um índice de seleção para características de crescimento e reprodução em bovinos Blando Orejinegro e Brahman. Foram analisados registros de 718 animais da raça BR e 571 animais da raça BON e estimados valores genéticos a partir de um modelo animal univariado. Foram construídos dois índices de seleção, um por médio de análise de componentes principais (ICP) e um segundo índice empírico (IE) com ponderadores sugeridos pelo produtor. Para identificar o índice a ser utilizado estimou-se o ganho genético para cada índice. O ICP para cada raça está representado por três componentes principais que explicam o 70,14% em BR e 80,45% em BON da variabilidade; este índice apresenta maior ganho genético para todas as características em BON e para peso ao nascimento, intervalo de partos e peso aos 365 dias de idade em BR. O ICP apresentou maior ganho genético em geral e é o método indicado para se utilizar na seleção de reprodutores nas duas raças.

**Palavras-chave:** componentes principais, gado de corte, ganho genético, recursos bovinos crioulos.

**Identification of a selection index for growth and reproduction traits in BON and Brahman cattle.**

**Abstract:** Approximately 95% of the Colombian cattle herd is made up of Bos Indicus animals, with the Brahman (BR) breed standing out as one of the main racial groups in the country, the remaining 5% consisting of Bos Taurus cattle and Creole cattle such as the Blanco Orejinegro (BON). A selection index measures an animal's genetic merit for several traits at the same time. The objective of this study was to identify a selection index for growth and reproduction traits in BON and Brahman cattle. Records of 718 BR and 571 BON animals were analyzed, and genetic values predicted from a univariate animal model. Two selection indices were built, one by principal component analysis (ICP) and a second empirical index (IE) with weights suggested by the producer. To identify the index to be used, the genetic gain was estimated for each index. The ICP for each breed is represented by three main components that explain the 70,14% in BR and 80,45% in BON of variability; this index shows greater genetic gain for all traits in BON and for birth weight, calving interval, and weight at 365 days of age in BR. The ICP presented greater genetic gain in general and is the recommended method to be used in the selection of sires in both breeds.

**Keywords:** principal components, beef cattle, genetic gain, creole bovine resources.

**Introdução**

Um índice de seleção (IS) mede o mérito líquido de melhoramento genético para várias características ao mesmo tempo, permitindo identificar animais balanceados para características de importância econômica. A fazenda Bohemia, utiliza duas raças bovinas, Brahman (BR) e Blanco Orejinegro (BON) e por quinze anos tem realizado avaliação genética para características reprodutivas e de crescimento. Se pretende implementar um índice de seleção para selecionar reprodutores que possam gerar crias com mérito genético equilibrado. O objetivo deste trabalho foi identificar um índice de seleção que permita maior ganho genético para características de crescimento e reprodutivas numa fazenda que maneja animais Brahman e Blanco Orejinegro na Colômbia.

### Material e Métodos

Foi utilizada informação de registros produtivos e de genealogia de 1.289 animais (718 BR e 571 BON), pertencente a uma fazenda localizada em La Virginia, Risaralda, Colômbia. Foram obtidos parâmetros e valores genéticos a partir de um modelo animal univariado incluindo os efeitos genéticos direto e materno para peso ao nascimento (PN), peso à desmama (PD), e unicamente o efeito genético direto para peso aos 365 dias de idade (P365) e intervalo de partos (IDP), utilizando o software MTDF. Foram propostos 2 IS. Um índice empírico (IE) considerando ponderadores sugeridos pelo produtor para cada característica e um índice utilizando componentes principais (ICP) a partir das correlações lineares entre as características avaliadas obtendo ponderadores para cada característica. O valor do IS se estima mediante somatória da multiplicação dos valores genéticos obtidos no modelo unicaracterístico para cada característica, vezes os ponderadores de cada índice. No caso do ICP, foi considerado o critério de Kaiser (1960) para identificar o número de componentes principais (CP) a ser considerados. O IS a ser utilizado foi aquele que apresentou maior ganho genético em uma geração para cada característica. A seguir, a descrição da equação utilizada no cálculo do ganho genético:

$$\Delta G = \bar{n} * a * h^2 * ib * \sqrt{\sigma^2 p}$$

Onde,  $\Delta G$ : ganho genético para cada característica;  $n$ : número de características incluídas no índice;  $a$ : ponderador relativo para cada característica;  $h^2$ : herdabilidade da característica;  $ib$ : intensidade de seleção média para machos e fêmeas;  $\sigma^2 p$ : variância fenotípica da característica. O ponderador  $a$  no IE corresponde à porcentagem de importância determinada pelo criador para cada característica, enquanto, o  $a$  para o ICP foi calculado mediante somatório da multiplicação da carga fatorial de cada variável dentro de cada CP vezes a porcentagem de explicação de cada componente (o somatório da porcentagem de explicação soma 100%).

### Resultados e Discussão

Os três primeiros CP considerados, explicam na raça BR o 70,14% da variabilidade total dos dados, similar ao reportado por Agudelo (2022) para animais da raça BR. O CP1 está representado pelas variáveis PN efeitos direto e materno, PD efeito direto de forma antagônica às duas variáveis antes mencionadas; o PD efeito materno e P365 se encontram representadas no CP2 e finalmente, o IDP no CP3 (Figura 1). Em BON os três primeiros CP explicam o 80,45% da variabilidade total, diferindo do apresentado por Ruales e Manrique (2007) para gado Bos Taurus crioulo onde foi encontrado que um só CP explicava o 88% da variabilidade; este índice é representado pelas características PN efeito materno, PD efeito direto, IDP e P365 no CP1; PN efeito direto no CP2 e PD efeito materno no CP3 (Figura 2). O ICP apresentou maior ganho genético para todas as características avaliadas em gado BON e para PD efeito direto e materno, intervalo de partos e peso aos 365 dias de idade na raça Brahman; entre tanto, o índice empírico apresentou maior ganho genético para a característica de PN efeito direto e materno. (Tabela 1).

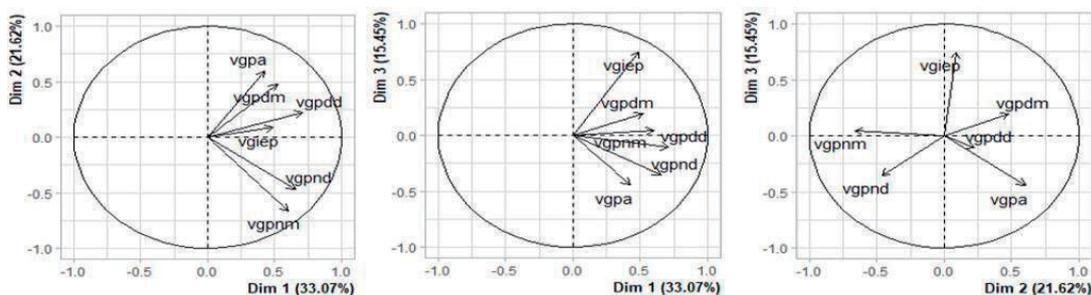


Figura 1. Distribuição das variáveis nos três primeiros componentes da análise de componentes principais para a raça Brahman.

Vg: valor genético, pnd: peso ao nascimento efeito direto, pnm: peso ao nascimento efeito materno, pdd: peso à desmama efeito direto, pdm: peso à desmama efeito materno, pa: peso aos 365 dias de idade, idp: intervalo de partos.

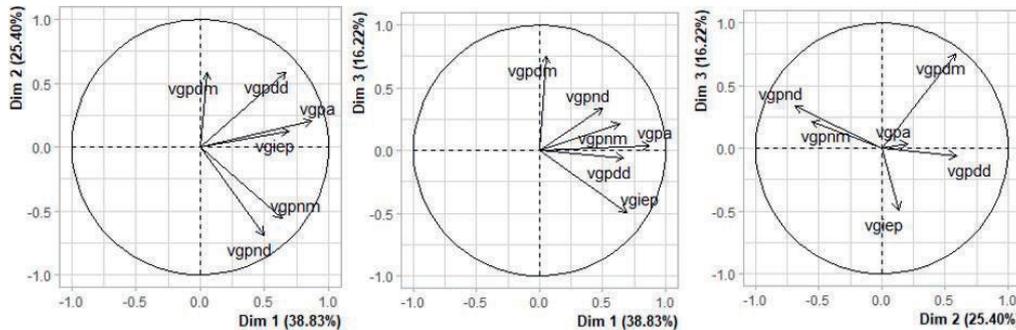


Figura 2. Distribuição das variáveis nos três primeiros componentes da análise de componentes principais para a raça Branco Orejinegro.

Vg: valor genético, pnd: peso ao nascimento efeito direto, pnm: peso ao nascimento efeito materno, pdd: peso à desmama efeito direto, pdm: peso à desmama efeito materno, pa: peso aos 365 dias de idade, idp: intervalo de partos.

Tabela 1. Ganho genético estimado (unidades de cada característica) para cada uma das variáveis avaliadas nas raças Brahman e Branco Orejinegro (BON).

Característica	Brahman		BON	
	ICP	IE	ICP	IE
Peso ao nascimento efeito direto (kg)	0,105	0,311	0,386	0,314
Peso ao nascimento efeito materno (kg)	0,084	0,152	0,238	0,140
Peso à desmama efeito direto (kg)	8,103	5,894	13,790	7,884
Peso à desmama efeito materno (kg)	1,066	0,693	2,175	1,359
Intervalo de partos (dias)	12,335	21,435	13,156	30,507
Peso aos 365 dias de idade (kg)	13,566	5,674	24,189	10,822

ICP: Índice por componentes principais; IE: índice empírico.

### Conclusão

O índice de componentes principais permite em general maior ganho genético para as características avaliadas em ambas as raças e seria o índice de seleção a ser utilizado para o melhoramento genético na fazenda para crescimento e reprodução.

### Agradecimentos

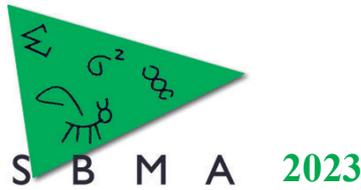
À fazenda Bohemia por facilitar a informação para realizar as análises.

### Literatura citada

Kaiser, H.F. 1960. The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and Psychological Measurement**, 20(1): 141–151.

Agudelo, J.E. 2022. **Identificación de un índice como método de selección de animales de alto mérito genético para características de interés económico en un hato Brahman**. Medellín: UNAL, 138.f. Dissertação de mestrado em Ciências Agrárias Universidad Nacional de Colombia, Medellín, 2022.

Ruales, F.R.E. & Manrique, C.P. 2007. Uso del análisis de componentes principales para construir un índice tipo producción en ganado Romosinuano (Bos taurus). *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 20, 124-218.



### **Impacto da resiliência ao período seco sobre o escore corporal e taxa de prenhez em novilhas**

Joslaine Noely dos santos Gonçalves Cyrillo<sup>1\*</sup>, Gustavo Roberto Dias Rodrigues<sup>2</sup>, Vanessa Theodoro Rezende<sup>3</sup>, Maria Eugenia Zerlotti Mercadante<sup>1</sup>, Camila Raineri<sup>2</sup>, Sarah Figueiredo Martins Bonilha<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, IZ, Sertãozinho, São Paulo, Brasil

<sup>2</sup>Universidade Federal de Uberlândia, UFU, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil

<sup>3</sup>Departamento de Nutrição e Produção Animal, FMVZ - USP, Pirassununga, São Paulo, Brasil

\*Autor correspondente: [jgcyrillo@sp.gov.br](mailto:jgcyrillo@sp.gov.br)

**Resumo:** O objetivo do estudo foi avaliar a resiliência de novilhas das raças Nelore, Guzerá e Caracu ao período seco do ano. Foram avaliados 3.867 registros de novilhas nascidas entre 1981 e 2019, submetidas à primeira estação de monta aos 24 meses de idade. O peso 730 dias de idade foi estimado considerando apenas o GMD do período de chuvas do ano. A diferença entre o peso real e o estimado foi utilizada como indicador de resiliência das novilhas (RESP730) que foram classificadas como susceptíveis, medianas ou resilientes baseado no primeiro, segundo e terceiro quartis, respectivamente. Novilhas medianas e resilientes têm maiores chances de emprenhar do que novilhas susceptíveis. Além disso, o escore de condição corporal (ECC) na entrada da estação de monta foi influenciado pela resiliência das novilhas. Novilhas resilientes tem maiores ECC. Não houve diferença significativa entre as raças avaliadas em relação ao ECC e à taxa de prenhez. Cada nota a mais de ECC houve aumento em 21,06% da chance de emprenhar. Independente da raça há novilhas resilientes ao período seco, e esta resiliência influencia na taxa de prenhez e ECC.

**Palavras-chave:** bovinocultura de corte, caracu, guzerá, nelore, pastagem, reprodução.

### **How dry season resilience in heifers impacts body score and pregnancy rate**

**Abstract:** The aim of this study was to analyze the resilience of heifers from Nelore, Guzerá, and Caracu breeds during the dry season. A total of 3,867 records of females born between 1981 and 2019 were evaluated, which were subjected to the first breeding season at 24 months of age. A model was developed to estimate the weight of heifers at 730 days of age, considering only the rainy season of the year. The difference between the actual weight of the heifers and the estimated weight was used as an indicator of resilience, and the heifers were classified as susceptible, median, or resilient based on the first, second, and third quartiles of the weight difference, respectively. Median and resilient heifers have a greater chance of getting pregnant than susceptible heifers. Body condition score (BCS) was influenced by the resilience of the heifers, with resilient heifers having a higher BCS. There was no significant difference between the evaluated breeds in relation to BCS and pregnancy rate. Each BCS increase increased the chance of pregnancy by 21.06%. Regardless of the breed, there are heifers resilient to the dry season, and this resilience influences pregnancy rate and BCS.

**Keywords:** beef cattle, caracu, guzerá, nelore, pasture, reproduction.

### **Introdução**

A função reprodutiva de fêmeas de corte é altamente condicionada ao status nutricional, que pode ser avaliado visualmente pelo sistema de escore de condição corporal (ECC), em uma escala de 1 a 9 (Hess et al., 2005). Fêmeas de corte devem apresentar ECC  $\geq 5,0$  no momento da reprodução para que o desempenho reprodutivo seja otimizado, proporcionando reservas corporais adequadas de nutrientes (Hess et al., 2005). Neste sentido, a identificação de animais resilientes ao período seco, de baixa disponibilidade de forragem pode ser uma estratégia para melhoria de indicadores relacionados à reprodução de fêmeas de corte criadas em sistemas de pastejo tropicais. Considera-se resilientes animais que são capazes de manter ou melhorar seu desempenho durante períodos de desafios ambientais (Poppe et al., 2020). Atualmente, há uma lacuna de informações na literatura em relação à avaliação de indicadores de resiliência em bovinos de corte (Bergof et al., 2019). Sendo assim, a identificação de animais resilientes ao período seco e sua relação com indicadores de escore corporal e taxa de prenhez tornam-se necessários para melhor

compreender o efeito do período seco sobre fêmeas bovinas. Com isso, o objetivo deste estudo foi avaliar a resiliência ao período seco em diferentes raças de novilhas e seu efeito em indicadores de escore corporal no início da estação de monta e posterior taxa de prenhez.

### Material e Métodos

Os dados utilizados no presente estudo são provenientes do Programa de Melhoramento Genético das raças Zebu e Caracu do Instituto de Zootecnia - SP e incluíram registros de desempenho de 3.867 fêmeas, nascidas entre 1981 a 2019, obtidos aos 120, 210, 286, 391, 487, 550 e 730 dias de idade, pertencentes aos rebanhos das raças Nelore (NeS), Guzerá (Gu) e Caracu (Ca). Para as três raças a seleção, iniciada em 1980, baseou-se no maior diferencial de seleção para peso ao sobreano. Para os animais da raça Nelore estabeleceu-se uma linha de seleção adicional, denominada Nelore Controle (NeC), em que os animais são selecionados pela média do grupo de contemporâneos. As novilhas foram submetidas a primeira estação de monta aos 24 meses de idade. O ganho médio diário foi obtido entre 210 e 730 dias de idade. O escore de condição corporal foi avaliado na entrada da estação de monta, em escala de 2 a 9.

A variação entre o peso real das novilhas aos 730 dias de idade (P730) e o peso estimado aos 730 dias (P730E) cujo cálculo foi feito utilizando o ganho médio diário do período de chuvas, foi definida como indicadora da resiliência (RESP730). Animais com menores variações apresentam maior resiliência e, portanto, mantêm o desempenho mesmo em situações desafiadoras. As novilhas foram classificadas em susceptíveis (S), medianas (M) ou resilientes (R) com base no primeiro, segundo e terceiro quartis de RESP730, respectivamente. A Tabela 1 apresenta a estatística descritiva geral e por rebanho.

Tabela 1. Número de animais, média  $\pm$  dp de peso aos 730 dias de idade (P730, kg) e aos 730 dias de idade estimado (P730E, kg), variação do peso aos 730 dias de idade (RES730, kg), taxa de prenhez (TaxaP, %) e escore de condição corporal à entrada da monta das novilhas (ECC)

Variável	Geral	NeC <sup>1</sup>	NeS <sup>2</sup>	Caracu	Guzerá
Animais	3.867	535	1.131	1.055	1.146
P730	331,75 $\pm$ 49,48	285,35 $\pm$ 31,19	343,04 $\pm$ 43,71	347,08 $\pm$ 50,46	319,56 $\pm$ 41,56
P730E	388,18 $\pm$ 61,32	327,33 $\pm$ 40,09	408,12 $\pm$ 54,34	401,41 $\pm$ 65,60	380,07 $\pm$ 57,01
RES730	-51,90 $\pm$ 39,81	-37,90 $\pm$ 44,84	-60,68 $\pm$ 38,44	- 50,07 $\pm$ 31,87	-56,65 $\pm$ 36,06
TaxaP	80,41 $\pm$ 3,97	78,70 $\pm$ 4,10	80,69 $\pm$ 4,03	82,00 $\pm$ 3,85	80,76 $\pm$ 3,95
ECC	6,43 $\pm$ 1,02	6,37 $\pm$ 1,01	6,49 $\pm$ 1,02	6,47 $\pm$ 1,06	6,39 $\pm$ 0,94

<sup>1</sup>NeC: Nelore controle, <sup>2</sup>NeS: Nelore Seleção

O modelo de análise do ECC incluiu os efeitos fixos de ano, mês, raça e indicador de resiliência, o teste de Kruskal-Wallis foi utilizado para avaliar a diferença entre os efeitos, em seguida, o teste de comparações múltiplas de Dunn para identificar as diferenças específicas entre cada par de efeitos, ao nível de significância de 5%. A TaxaP foi avaliada por meio de modelo de regressão logística que incluiu os mesmos efeitos citados acima, adicionando o escore de condição corporal das novilhas à entrada da monta. A normalidade dos resíduos foi avaliada pelo teste de Hosmer-Lemeshow e teste da razão de verossimilhança. A multicolinearidade foi diagnosticada pelo teste VIF (Variance Inflation Factor), enquanto o teste de Breusch-Pagan avaliou se havia heterogeneidade dos resíduos. O coeficiente de determinação de Nagelkerke foi calculado para avaliar a qualidade de predição do modelo. A magnitude da associação entre as variáveis independentes e as variáveis respostas foi determinada por análise da razão de chance (odds ratio). Todas as etapas foram realizadas no software R, versão 4.2.2. utilizando procedimentos contidos nos pacotes DescTools, rstatix, ResourceSelection e lmerTest (R Core Team, 2022).

### Resultados e Discussão

Foi observado efeito significativo de RESP730 sobre o escore de condição corporal na entrada da monta das novilhas ( $P < 0,001$ ). Não foram observadas diferenças entre as raças ( $P = 0,341$ ) (Tabela 2). O escore corporal ideal durante o início da estação de monta possibilita melhor qualidade de oócitos, melhor aporte nutricional de energia para a reprodução, além da melhor regulação hormonal para as atividades reprodutivas (D'Occhio et al., 2019). Os resultados obtidos por essa análise estão disponíveis na Tabela 2.

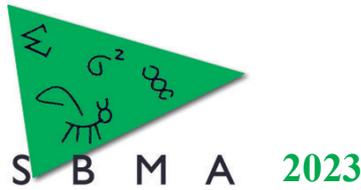


Tabela 2. Teste de Kruskal & Wallis para avaliar o escore de condição corporal das novilhas na entrada da monta em função das raças e classe de resiliência

Variável	Média ± Erro padrão	P-valor
<i>Classe de resiliência</i>		< 0,001
Novilhas susceptíveis	6,56 ± 0,03 C	
Novilhas medianas	6,68 ± 0,03 B	
Novilhas resilientes	6,84 ± 0,04 A	
<i>Raças</i>		0,341
Nelore Controle	6,37 ± 0,05 A	
Nelore Seleção	6,49 ± 0,03 A	
Caracu	6,47 ± 0,03 A	
Guzerá	6,39 ± 0,04 A	

Médias seguidas por letras distintas diferem dentro dos grupos ao nível de 5% de significância.

Foi observado efeito significativo de ano, mês e RESP730 sobre a taxa de prenhez das novilhas ( $P < 0,05$ ). Não foram encontrados efeitos significativos entre as diferentes raças ( $P > 0,05$ ). Na Tabela 3 estão os resultados obtidos para as classes de resiliência sobre a chance de prenhez das novilhas, demonstrando que animais medianos e resilientes têm, respectivamente, 23,20 e 25,52% de chance a mais de emprenharem do que novilhas suscetíveis. Além disso, a cada nota a mais de escore de condição corporal no início da estação de monta, há aumento de 21,06% na chance de emprenhar.

Tabela 3. Coeficientes, estimativas, erro padrão, razão de chance e p-valor do modelo de regressão logístico para avaliar a taxa de prenhez das novilhas

Coeficientes	Estimativas	Erro padrão	Razão de chance	P-valor
Intercepto	1,18	0,91		0,031
Susceptíveis	<i>Referência</i>			
Medianos	0,26	0,13	23,20	0,016
Resilientes	0,30	0,12	25,52	0,039
ECC <sup>1</sup>	0,19	0,04	21,06	< 0,001
R <sup>2</sup>	51,32			

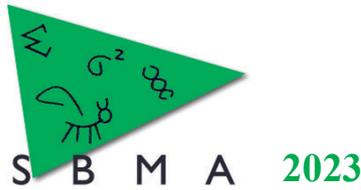
<sup>1</sup>ECC: Escore de condição corporal das novilhas na entrada da estação de monta; <sup>2</sup>R<sup>2</sup>: Coeficiente de determinação de Nagelkerke.

### Conclusão

Novilhas resilientes ao período seco do ano possuem maior chance de emprenhar do que novilhas susceptíveis e medianas. O ECC contribui para o aumento da taxa de prenhez. Não há diferença entre as raças para condição corporal no início da estação de monta e taxa de prenhez observada.

### Literatura citada

- Berghof, T.V.L., Poppe, M., Mulder, H.A. 2019. Opportunities to improve resilience in animal breeding programs. **Frontiers in Genetics**, 9, 692.
- Dias-Filho, M.B. Documento 431 – Manejo profissional da pastagem: Fundamento para uma pecuária empresarial. Embrapa Amazônia Oriental: Belém, Pará. 32 p., 2017.
- D’Ochhio, M.J.; Baruselli, P.S.; Campanile, G. 2019. Influence of nutrition, body condition, and metabolic status on reproduction in female beef cattle: a review. **Theriogenology**, 125, 277-284.
- Hess, B.W.; Lake, S.L.; Scholljegerdes, E.J.; Weston, T.R.; Nayigihugu, V.; Molle, J.D.C., Moss, G.E. 2005. Nutritional controls of beef cow reproduction. **Journal of Animal Science**, 83, suppl 13, E90-E106.
- Poppe M., Veerkamp R.F., van Pelt M.L. & Mulder H.A. 2020. Exploration of variance, autocorrelation, and skewness of deviations from lactation curves as resilience indicators for breeding. **Journal of Dairy Science**, 103, 1667-1684.



### **Impacto da utilização de pseudo-fenótipos na predição dos valores genéticos de características de ultrassonografia de carcaça e reprodutivas em bovinos compostos**

Gabriel Costa Medeiros<sup>1\*</sup>, Luiz Fernando Brito<sup>2</sup>, Fernando de Oliveira Bussiman<sup>3</sup>, Elisângela Chicaroni de Mattos<sup>1</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>1</sup>, Caroline Assis Almeida<sup>1</sup>, Fernanda Hvala de Figueiredo<sup>1</sup>, Hugo Borges dos Reis<sup>1</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Department of Animal Science, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos

<sup>3</sup>Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, Athens, Geórgia, Estados Unidos.

\*Autor correspondente: [gabrielcostamedeiros@usp.br](mailto:gabrielcostamedeiros@usp.br)

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi avaliar a inclusão de informações genômicas na predição de valores genéticos (EBVs), utilizando pseudo-fenótipos de características reprodutivas e de carcaça de bovinos Composto Montana<sup>®</sup>. O banco de dados utilizado continha aproximadamente 100.000 dados fenotípicos para características reprodutivas e 10.000 para características de carcaça, 370.000 animais no pedigree e cerca de 3.000 animais genotipados. Para a desregressão dos EBVs e obtenção dos pseudo-fenótipos, foi proposta a utilização de dois métodos e a predição dos novos EBVs foi através do método estatístico GBLUP (melhor predição linear não-viesada genômica). Isso se aplica aos objetivos de seleção do Programa Composto Montana<sup>®</sup>, que visa à produção de carne de alta qualidade, animais de elevado desempenho zootécnico e altos índices reprodutivos. O Presente estudo sugere que a metodologia não é adequada para uso em características reprodutivas e de carcaça em bovinos de corte compostos, uma vez que os valores dos coeficientes de correlação entre os EBVs preditos pela avaliação tradicional e os métodos *multi-step* GBLUP foram menores que 0,57 para características reprodutivas avaliadas em fêmeas e menores que 0,79 para características de carcaça.

**Palavras-chave:** genômica, pseudo-fenótipos, correlação, desregressão.

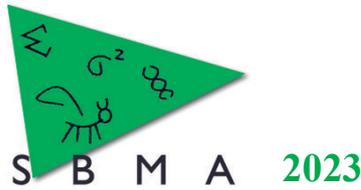
### **Impact of using pseudo-phenotypes on the prediction of estimated breeding values of carcass ultrasound and reproductive traits in Composite Beef Cattle**

**Abstract:** The aim of this study was to evaluate the inclusion of genomic information in the prediction of estimated breeding values (EBVs), using pseudo-phenotypes of reproductive and carcass traits of Composto Montana<sup>®</sup> Beef Cattle. The database used contained approximately 100,000 phenotypic data for reproductive traits and 10,000 for carcass traits, 370,000 pedigree animals and about 3,000 genotyped animals. For the deregression of the EBVs and obtaining the pseudo-phenotypes, the use of two methods was proposed and the prediction of the new genomic values was through the GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction) statistical method. This applies to the selection goals of the Montana Composite<sup>®</sup> Beef Program, which aims to produce high quality beef, animals of high performance and high fertility. The present study suggests that the methodology is not suitable for use in reproductive and carcass traits in composite beef cattle, since the values of the correlation coefficients between the EBVs predicted by the traditional evaluation and the GBLUP *multi-step* methods were less than 0.57 for reproductive traits evaluated in females and less than 0.79 for carcass traits.

**Keywords:** genomics, pseudo-phenotypes, correlation, deregression.

#### **Introdução**

A escolha do pseudo-fenótipo depende da estrutura do banco de dados disponível, uma vez que diferentes pseudo-fenótipos têm diferentes sinais ou “ruidos”, de natureza genética, que devem ser considerados quanto à interpretação dos resultados da habilidade de predição dos modelos. Frequentemente, para características reprodutivas, expressas tardiamente na vida do animal, ou em apenas um dos sexos, se faz necessário o uso de pseudo-fenótipos, os quais são resultado dos desvios de produção (ou performance) da progênie ou no próprio fenótipo corrigido (VANRADEN; WIGGANS, 1991). Outra forma de realizar a obtenção de pseudo-fenótipos é através do pós-processamento das avaliações genéticas baseadas nas



informações de pedigree, ponderadas pela acurácia (GARRICK et al., 2009). Neste trabalho, os animais genotipados tiveram seus pseudo-fenótipos calculados para oito características economicamente relevantes para o programa de melhoramento genético de bovinos Composto Montana®.

### Material e Métodos

Foram utilizados, neste trabalho, fenótipos oriundos de dados coletados, desde 1994, pelo Núcleo de Apoio à Pesquisa em Melhoramento Animal, Biotecnologia (GMAB) da Universidade de São Paulo, contendo cerca de 11.000 animais do Programa Composto Montana® para características de carcaça e aproximadamente 100.000 fenótipos de animais avaliados para características reprodutivas. Atualmente o pedigree, conta com 363.049 animais, sendo 3.796 touros e 227.269 vacas, com uma progênie média de 31,01 filhos/touro e 1,28 filhos/vaca. Os animais foram genotipados com a tecnologia GeneSeek® Genomic Profiler (GGP) em diversas densidades (HD, 30k e 35k) e imputados para 49.514 SNPs utilizando software FImpute 2.2 (SARGOLZAEI et al., 2014), em conformidade com o protocolo do fabricante (Illumina Inc., San Diego, CA), utilizando a versão ARS UCD 1.2 como genoma de referência, totalizando 2.924 animais genotipados. O controle de qualidade nos dados genômicos foi realizado pelo programa PREGSF90 da família de softwares BLUPF90 (MISZTAL et al., 2014).

As características avaliadas foram: área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), espessura de gordura na picanha (EGP), marmoreio (MAR), perímetro escrotal (PE), produtividade anual média da vaca (PRODAM), stayability (STAY) e probabilidade de prenhez aos 14 meses de idade (PP14). A estimação dos componentes de (co)variância genéticas das características medidas por ultrassom (MAR, AOL, EGP e EGS), e de reprodução (PE, PP14, STAY e PRODAM) foi realizada via inferência Bayesiana sob um modelo multicaracterística, aplicando um modelo linear misto para MAR, AOL, EGP, EGS, PE e PRODAM e, um modelo de limiar misto para STAY e PP14. A análise foi conduzida no programa THRGIBBS1f90 da família de softwares BLUPF90 (MISZTAL et al., 2014), com um total de 700.000 amostras, sendo descartadas as primeiras 200.000 amostras (burn-in) e as 500.000 restantes, salvas a cada 100 ciclos. Para a evidência de convergência foi utilizado o teste de Geweke. Sob notação matricial os modelos podem ser resumidos em:  $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{W}\mathbf{g} + \mathbf{e}$  e  $\mathbf{l} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{W}\mathbf{g} + \mathbf{e}$ . Em que:  $\mathbf{y}$  representa o vetor de observações fenotípicas para as características contínuas e  $\mathbf{l}$  representa a *liability* para PP14 e STAY;  $\boldsymbol{\beta}$  representa o vetor de efeitos fixos (composições raciais diretas e maternas, heterozigose do animal, heterose materna total, idade à mensuração do fenótipo, data de nascimento juliana, ultrassonografista, classe de idade da mãe ao parto e grupo de contemporâneos), ordenados por característica;  $\mathbf{u}$  representa o vetor do efeito genético aditivo direto de animal;  $\mathbf{g}$  representa o vetor do efeito aleatório não correlacionado do grupo de manejo a desmama (GMAND), para PP14 e PE; e  $\mathbf{e}$  representa o vetor de termos aleatórios residuais;  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$  são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, genético aditivo e de GMAND, respectivamente.

De acordo com Mrode (2014), quando os pseudo-fenótipos são calculados para reprodutores e matrizes obtém-se os desvios de produção da progênie (PYD – progeny yield deviation). Neste sentido, foram implementados dois métodos para obtenção dos PYD, a saber: contribuição independente do desempenho da progênie relacionado ao desvio de rendimento da progênie (DYD - VANRADEN; WIGGANS, 1991); e EBV desregredido (DEBV – GARRICK et al., 2009). Tais métodos permitem que as observações de parentes próximos disponíveis assumam a forma de fenótipos individuais para os touros genotipados. A metodologia GBLUP, implementada no software BLUPF90 (MISZTAL et al., 2014), foi utilizada para prever os valores genômicos. Foram realizadas análises unicaracterística, utilizando os pseudo-fenótipos para as características avaliadas obtidas em cada método. O pós-processamento das análises foi realizado por meio de programação no programa R. Posteriormente, os resultados foram comparados com os valores genéticos iniciais dos animais. Para avaliar como os modelos se comportaram do ponto de vista preditivo, o coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos preditos intra-característica foi usada para verificar se houve impacto na predição para cada uma das características e o coeficiente de correlação de Spearman foi usado para verificar possível reclassificação dos animais.

### Resultados e Discussão

Um total de 2.189 animais tinham genótipos conhecidos e seus EBVs preditos na análise inicial, portanto, tiveram seus EBVs tradicionais (preditos utilizando fenótipos e pedigree) e preditos utilizando os

pseudo-fenótipos (DYD e DEBV) comparados e os resultados apresentados na Tabela 1. Os valores dos coeficientes de correlação entre os EBVs preditos pela análise tradicional e o DYD para as características de carcaça variaram de 0,62 (para AOL) a 0,77 (para MAR); para as características reprodutivas avaliadas em fêmeas, os valores dos coeficientes de correlação entre os EBVs preditos pela análise tradicional e o DYD foram menores, variando de 0,30 (para PRODAM) a 0,52 (para STAY), valores que não permitem decisões seguras sobre quais animais devem ser selecionados como reprodutores. O método DEBV se mostrou mais acurado para as características de carcaça e reprodutivas avaliadas em fêmeas, porém, nas características reprodutivas, os resultados foram mais expressivos, pois o DEBV tem em seus pressupostos diferenças no número de progênie e dupla contagem de informações, aproximando-se das condições reais da população avaliada. Porém, este método não apresentou acurácia suficiente para ser utilizado como método de predição genômica em bovinos Composto Montana®.

Tabela 1. Coeficientes de correlação de Pearson (CP) e Spearman (CS) entre os valores genéticos preditos de acordo com a característica avaliada e a análise realizada em bovinos do Composto Montana®.

Características de carcaça								
	AOL <sup>1</sup>		EGS <sup>2</sup>		EGP <sup>3</sup>		MAR <sup>4</sup>	
Análise	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>
CP <sup>11</sup>	0.62	0.76	0.63	0.70	0.71	0.75	0.77	0.79
CS <sup>12</sup>	0.62	0.71	0.65	0.65	0.70	0.72	0.71	0.72
Características reprodutivas								
	PE <sup>5</sup>		PRODAM <sup>6</sup>		STAY <sup>7</sup>		PP14 <sup>8</sup>	
Análise	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>	DYD <sup>9</sup>	DEBV <sup>10</sup>
CP <sup>11</sup>	0.73	0.79	0.33	0.49	0.52	0.57	0.35	0.53
CS <sup>12</sup>	0.73	0.78	0.30	0.43	0.49	0.52	0.35	0.47

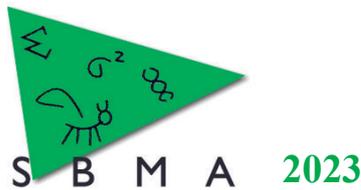
<sup>1</sup>Área de olho de lombo; <sup>2</sup>Espessura de gordura subcutânea; <sup>3</sup>Espessura de gordura na picanha; <sup>4</sup>Marmoreio; <sup>5</sup>Perímetro escrotal; <sup>6</sup>Produtividade anual média da vaca; <sup>7</sup>Stayability; <sup>8</sup>Probabilidade de prenhez aos 14 meses de idade; <sup>9</sup>Valor genético predito utilizando desvio de rendimento da progênie como pseudo-fenótipo; <sup>10</sup>Valor genético predito utilizando valores genéticos desregredidos como pseudo-fenótipos; <sup>11</sup>Coefficiente de correlação de Pearson entre valores genéticos preditos pelos pseudo-fenótipos e análise tradicional (fenótipos e pedigree); <sup>12</sup>Coefficiente de correlação de Spearman entre valores genéticos preditos pelos pseudo-fenótipos e análise tradicional.

### Conclusão

Com o presente estudo, pôde-se perceber que a utilização de pseudo-fenótipos não se mostrou uma alternativa adequada para a implementação da avaliação genômica para características reprodutivas e de carcaça em bovinos compostos, pois houve uma substancial diferença entre os valores genéticos preditos por essas metodologias em relação à avaliação tradicional, evidenciada pelos baixos valores de correlação entre os valores genéticos preditos utilizando os pseudo-fenótipos com os valores genéticos iniciais. Isso se deve às características da população genotipada, que é composta principalmente por touros jovens, sem progênie fenotipadas e sem fenótipos próprios para as características reprodutivas avaliadas nas fêmeas.

### Literatura citada

- Garrick D. J., Taylor J. F. & Fernando, R. L. 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genetics Selection Evolution**, 8, 1-8.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. 2014. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia.
- Mrode, R. A. 2014. **Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values**. (3rd. edition). Wallingford : CABI.
- Sargolzaei M., Chesnais J. P., & Schenkel F.S. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. **BMC Genomics**, 15, 1-12.
- VanRaden P. M. & Wiggans G. R. 1991. Derivation, Calculation, and Use of National Animal Model Information. **Journal of Dairy Science**, 74, 2737–2746.



### Impacto de diferentes métodos de obtenção do coeficiente de endogamia na depressão endogâmica em bovinos Nelore

Ricardo Dutra do Bem<sup>1</sup>, Lorena Ferreira Benfica<sup>1,2</sup>, Marcelo Sant'ana Borges<sup>1</sup>, Delvan Alves da Silva<sup>3</sup>, Eula Regina Carrara<sup>3</sup>, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo<sup>4</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>4\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Unesp, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Purdue University, West Lafayette, Indiana, USA.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, UFV, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>4</sup>Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [maria.mercadante@sp.gov.br](mailto:maria.mercadante@sp.gov.br)

**Resumo:** Os objetivos com este estudo foram: estimar o coeficiente de endogamia (F) com base no pedigree (FPED), na matriz de parentesco genômico (FH) e em corridas de homozigose (FROH) e avaliar seu efeito no peso ao nascer (PN), peso a desmama ajustado para 210 dias de idade (P210), peso pós-desmama ajustado para 378 dias de idade (P378), perímetro escrotal (PE) e consumo alimentar residual (CAR) de bovinos Nelore. O aumento de 1% de endogamia (FROH5) provocou redução de  $-0,085 \pm 0,041$  kg no PN. Para P210, os coeficientes de regressão de FPED, FROH5 e FROH foram estatisticamente significativos, e variaram de  $-0,964 \pm 0,452$  a  $-0,456 \pm 0,183$  kg. Para P378, houve efeito significativo de vários F, variando de  $-3,579 \pm 1,554$  a  $-0,965 \pm 0,294$  kg, para FROH2 e FH, respectivamente. Para a característica relacionada à fertilidade (PE) também houve efeito negativo da endogamia (FROH) de  $-0,045 \pm 0,022$  cm. Não foi observado efeito da endogamia no CAR. Os resultados confirmam a redução da produtividade com o aumento da endogamia dos animais.

**Palavras-chave:** corridas de homozigose, crescimento, fertilidade, matriz de parentesco genômica

**Abstract:** The objectives of this study were: to estimate the inbreeding coefficient (F) based on pedigree (FPED), genomic relationship matrix (FH) and runs of homozygosity (FROH), and to evaluate its effect on birth weight (BW), weaning weight adjusted for 210 days of age (P210), post-weaning weight adjusted for 378 days of age (P378), scrotal circumference (SC), and residual feed intake (RFI) of Nelore cattle. The 1% increase in inbreeding (FROH5) caused a reduction of  $-0.085 \pm 0.041$  kg in BW. For P210, the FPED, FROH5 and FROH regression coefficients were statistically significant, ranging from  $-0.964 \pm 0.452$  to  $-0.456 \pm 0.183$  kg. For P378, there was a significant effect of several F, ranging from  $-3.579 \pm 1.554$  to  $-0.965 \pm 0.294$  kg, for FROH2 and FH, respectively. For the trait related to fertility (PE) there was also a negative effect of inbreeding (FROH) of  $-0.045 \pm 0.022$  cm. There was no effect of inbreeding on CAR. The results confirm the reduction in productivity with the increase in inbreeding of the animals.

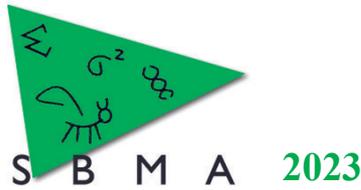
**Keywords:** genomic relationship matrix, fertility, runs of homozygosity, growth

#### Introdução

A endogamia pode ser estimada com base no pedigree (FPED), na matriz de parentesco genômico (FH) ou em segmentos contínuos do genoma em homozigose herdados de um ancestral comum, denominados corridas de homozigose (FROH). As características de crescimento e fertilidade possuem grande importância em programas de melhoramento genético e é amplamente aceito que a endogamia pode ter um impacto negativo sobre essas características. No entanto, a avaliação do efeito da endogamia com base em coeficientes genômicos ainda é escassa. Os objetivos deste estudo foram: estimar o coeficiente de endogamia (F) com base na matriz de parentesco (FPED), com base na matriz de parentesco genômica (FH) e com base em corridas de homozigose (FROH), e estimar o efeito de cada coeficiente de endogamia em características de crescimento, fertilidade e eficiência alimentar de bovinos da raça Nelore.

#### Material e Métodos

Os dados avaliados referem-se aos bovinos da raça Nelore do experimento de seleção para peso ao sobreano estabelecido em 1980 no Instituto de Zootecnia (IZ), Centro de Pesquisa de Bovinos de Corte, Sertãozinho-SP, Brasil. Os animais ( $n=2.256$ ) foram genotipados com 3 diferentes painéis de SNP, sendo 770 animais genotipados com o painel HD (High-Density Bovine BeadChip, Illumina Inc., San Diego,



CA), 1331 animais genotipados com o painel GPHD 75k (GeneSeek® Genomic Profiler Indicus), e 158 animais genotipados com o painel GGP Indicus 50k (Illumina Inc., San Diego, CA). Os genótipos obtidos com painéis de menor densidade foram imputados para o painel HD com base no genoma de referência ARS-UCD 1.2. O controle de qualidade dos genótipos foi realizado com base nos seguintes parâmetros: excluídos SNPs sem posição definida e localizados nos cromossomos sexuais; equilíbrio de Hardy-Weinberg > 10<sup>-5</sup>; call rate > 92% para SNPs e 85% para amostras, totalizando 612.154 SNPs.

O software PLINK v1.9 foi utilizado para a identificação da ROH com base nos seguintes critérios: (a) janela deslizante de 50 SNPs; (b) a proporção de janelas sobrepostas foi de 0,05; (c) o número mínimo de SNPs consecutivos foi de 100; (d) o comprimento mínimo de 1 Mb; (e) gap máximo entre SNPs homocigotos consecutivos foi de 500 kb; (f) um SNP por 50 kb; e (g) um máximo de cinco SNPs com genótipos ausentes e até um genótipo heterocigoto foram permitidos em uma ROH. Após a identificação, as ROHs foram classificadas de acordo com o tamanho nas seguintes classes: < 2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 4-16 Mb e > 16 Mb. O coeficiente baseado no pedigree (FPED) foi estimado para todos os animais usando registros de 12.568 animais nascidos de 1978 e 2021, como descrito por VanRaden (2011). O segundo coeficiente de endogamia genômico (FH) foi obtido usando o Método 2 de Legarra et al. (2020). Os coeficientes de endogamia baseados em ROH foram estimados para cada animal de acordo com McQuillan et al. (2008). Para cada animal, as classes FROH1 (1–2 Mb), FROH2 (2–4 Mb), FROH3 (4–8 Mb), FROH4 (8–16 Mb), FROH5 (> 16 Mb) e o FROH (o somatório de todas as classes anteriores), foram calculados. O efeito da endogamia foi estimado nas características peso ao nascer (PN), peso ao desmame padronizado para 210 dias de idade (P210), peso dos machos à seleção (sobreano) (P378), perímetro escrotal à seleção (sobreano) (PE), e consumo alimentar residual (CAR).

Foram ajustados modelos animais em análises bi característica incluindo os coeficientes de endogamia, um a um, como uma covariável linear, nos programas da família BLUPF90+. Os modelos de análise e os componentes de (co)variância foram os mesmos usados na avaliação genética conjunta das três linhas de seleção ([http://www.iz.sp.gov.br/img\\_editor/docs/SUMARIO\\_TOUROS\\_E\\_MATRIZES\\_NELORE-IZ-2022.xlsx](http://www.iz.sp.gov.br/img_editor/docs/SUMARIO_TOUROS_E_MATRIZES_NELORE-IZ-2022.xlsx)), já que o número de animais genotipados ainda é relativamente pequeno. O efeito da endogamia sobre as características foi estimado desconsiderando animais nascidos antes de 2004 (Tabela 1).

Tabela 1. Estatística descritiva e estrutura do banco de dados usados para estimar o efeito da endogamia

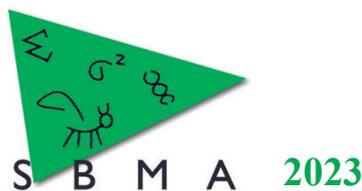
Característica	N	Média ± DP	GC
PN (kg)	2.146	32,6 ± 5,30	81
P210 (kg)	2.154	202 ± 31,2	81
P378 (kg)	1.391	354 ± 55,0	80
PE (cm)	1.380	23,9 ± 2,70	81
CAR (kg MS/dia)	1.633	-0,003 ± 0,651	34

PN: peso ao nascer, P210: peso aos 210 dias de idade, P378: peso aos 378 dias de idade, PE: perímetro escrotal, CAR: consumo alimentar residual, MS: matéria seca. N: número de animais, GC: grupo de contemporâneos.

### Resultados e Discussão

Com exceção da característica CAR, houve ao menos um coeficiente de endogamia em que a estimativa foi significativa, sendo que todos valores significativos foram negativos (Tabela 2), mostrando depressão do valor fenotípico com o aumento da endogamia do animal (depressão endogâmica). Cada aumento de 1% de endogamia recente (FROH5) provocou redução de -0,085±0,041 kg no PN. A redução no PN pode resultar na diminuição do vigor do bezerro ao nascimento, dificuldade do bezerro para realizar a primeira mamada, e aumento da mortalidade precoce e da mortalidade até a desmama (Schmiddek et al., 2008; 2013).

Para P210, os coeficientes de regressão deste peso sobre as endogamias FPED, FROH5, FROH foram estatisticamente significativos, e variaram de -0,964±0,452 a -0,456±0,183 kg para cada aumento de 1% na endogamia de FPED e FROH, respectivamente. O critério de seleção das três linhas de seleção avaliadas, P378, teve efeito negativo significativo de vários F, mostrando depressão devido à endogamia recente (FROH5) e à ancestral (FROH2), e também da endogamia calculada a partir da matriz de parentesco



genômico. O PE, indicativo de fertilidade, também apresentou efeito desfavorável significativo ( $-0,045 \pm 0,022$  cm) da endogamia FROH. Em conjunto, os resultados do presente estudo estão de acordo com os de Lozada-Soto et al. (2021), que relataram depressão endogâmica em características de crescimento, mas não de fertilidade, em bovinos Angus.

Tabela 2. Estimativas do efeito da endogamia nas características peso ao nascer (PN), peso aos 210 dias (P210), peso aos 378 dias (P378), perímetro escrotal (PE), e consumo alimentar residual (CAR), expressos como a mudança no fenótipo com o aumento de 1% no coeficiente de endogamia

Método	PN	P210	P378	PE	CAR
	$\beta \pm EP$ kg	$\beta \pm EP$ kg	$\beta \pm EP$ kg	$\beta \pm EP$ cm	$\beta \pm EP$ kg MS/dia
FPED	$-0,079 \pm 0,078$	$-0,964 \pm 0,452^*$	$-1,490 \pm 0,865$	$0,065 \pm 0,057$	$-0,014 \pm 0,011$
FROH1	$0,138 \pm 0,187$	$-0,667 \pm 1,087$	$-0,223 \pm 2,500$	$-0,134 \pm 0,160$	$0,010 \pm 0,029$
FROH2	$0,213 \pm 0,126$	$-0,046 \pm 0,733$	$-3,579 \pm 1,554^*$	$-0,188 \pm 0,100$	$0,028 \pm 0,021$
FROH3	$0,078 \pm 0,084$	$-0,439 \pm 0,487$	$-1,158 \pm 0,940$	$-0,013 \pm 0,061$	$0,000 \pm 0,000$
FROH4	$-0,015 \pm 0,057$	$-0,282 \pm 0,336$	$-0,794 \pm 0,637$	$-0,058 \pm 0,041$	$0,000 \pm 0,000$
FROH5	$-0,087 \pm 0,041^*$	$-0,505 \pm 0,242^*$	$-1,034 \pm 0,438^*$	$-0,028 \pm 0,028$	$0,000 \pm 0,000$
FROH	$-0,028 \pm 0,031$	$-0,456 \pm 0,183^*$	$-1,151 \pm 0,334^{**}$	$-0,045 \pm 0,022^*$	$-0,002 \pm 0,005$
FH	$-0,010 \pm 0,022$	$-0,015 \pm 0,076$	$-0,965 \pm 0,294^{**}$	$-0,025 \pm 0,019$	$0,004 \pm 0,004$

$\beta$ : coeficiente de regressão, EP: erro-padrão, MS: matéria seca. FPED: endogamia calculada a partir do pedigree; FROH: endogamia calculada a partir de corridas de homozigose; FH: endogamia calculada a partir da matriz de parentesco genômico. \* $P < 0,05$ ; \*\* $P < 0,01$ , pelo teste T de Student.

### Conclusão

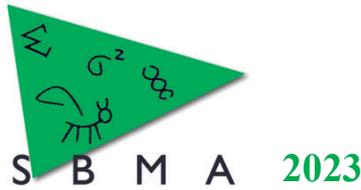
A partir da utilização de diferentes metodologias para a estimação dos coeficientes de endogamia, mesmo com um banco de dados relativamente pequeno, foi possível detectar depressão endogâmica nas características avaliadas. Portanto, é crucial adotar medidas que visem a redução da endogamia no longo prazo, como a utilização de dados genômicos para auxiliar a seleção de animais menos relacionados entre si dentro de famílias.

### Agradecimentos

Ao CNPq pelo financiamento do projeto (Processo: 434681/2018-0), e à Capes (finance code 001) pela bolsa concedida ao primeiro autor.

### Literatura citada

- Legarra A, Aguilar I, Colleau JJ. 2020. Short communication: Methods to compute genomic inbreeding for ungenotyped individuals. *Journal of Dairy Science*, 103, 3363-3367.
- Lozada-Soto EA, Maltecca, C, Lu D, Miller S, Cole JB, Tiezzi, F. 2021. Trends in genetic diversity and the effect of inbreeding in American Angus cattle under genomic selection. *Genetics Selection Evolution*, 53, 2-15.
- McQuillan R, Leutenegger AL, Abdel-Rahman R, Franklin CS, Pericic M, Barac-Lauc L, Smolej-Narancic N, Janicijevic B, Polasek O, Tenesa A, Macleod AK, Farrington SM, Rudan P, Hayward C, Vitart V, Rudan I, Wild SH, Dunlop MG, Wright AF, Campbell H, Wilson JF. 2008. Runs of homozygosity in European populations. *The American Journal of Human Genetics*, 83, 359-372.
- Schmidek A, Costa MJRP, Mercadante MEZ, Toledo LM, Cyrillo JNSG, Branco RH. 2013. Genetic and non-genetic effects on calf vigor at birth and preweaning mortality in Nellore calves. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 42, 421-427.
- Schmidek A, Mercadante MEZ, Costa MJRP, Razoock AG, Figueiredo LAF. 2008. Falha na primeira mamada em bezerros Guzerá: fatores predisponentes e parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 37, 998-1004.
- VanRaden PM. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91:4414-4423.



### Imputação utilizando painéis personalizados em bovinos da raça Canchim

Gabriela Leoni<sup>1\*</sup>, Marcos Eli Buzanskas<sup>2</sup>, Cintia Righetti Marcondes<sup>3</sup>, Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>3</sup>, Danísio Prado Munari<sup>4</sup>, Priscila Arrigucci Bernardes<sup>1,5</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia e Desenvolvimento Rural, UFSC, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba, Areia, Paraíba, Brasil.

<sup>3</sup>Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, São Paulo, Brasil.

<sup>4</sup>Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>5</sup>CQUniversity Institute for Future Farming Systems, Rockhampton, Queensland, Australia.

\*Autor correspondente: gabi2015leonii@gmail.com

**Resumo:** Uma alternativa para reduzir o custo da aplicação da seleção genômica é a realização da imputação dos genótipos. No entanto, para raças em que a população é pequena, há indisponibilidade de grande quantidade de animais genotipados com alta densidade, como observado para raça Canchim. A utilização de raças fundadoras pode colaborar com a imputação, porém algumas vezes resulta em baixa acurácia. Assim, o objetivo deste estudo foi comparar a acurácia de imputação de painéis comerciais com painéis personalizados de baixa densidade imputados para um painel de alta densidade em bovinos da raça Canchim, utilizando população referência formada por animais da raça Nelore. Foram utilizados 400 animais Nelore na população referência e 396 animais Canchim e do grupo genético MA na população de imputação. Os painéis comerciais de baixa densidade considerados continham 20 mil e 50 mil SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) e 3 tipos de personalizações foram aplicadas com o objetivo de obter as mesmas densidades dos painéis comerciais, formando assim 8 diferentes cenários. A acurácia de imputação apresentou valores superiores nos painéis personalizados quando comparados com os comerciais e também, conforme a densidade dos painéis eram maiores, as acurácias tiveram seu valor aumentado. Houve pequena diferença entre a primeira forma de personalizar o painel comparado com a segunda e terceira, indicando que a maneira como o painel é construído interfere nas acurácias de imputação.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, genômica, marcadores moleculares

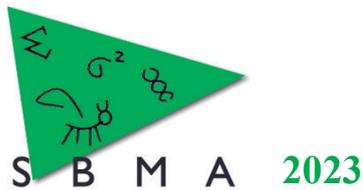
### Imputation using custom panels in Canchim cattle

**Abstract:** An alternative to reduce the cost of applying genomic selection is the imputation of genotypes. However, for breeds in which the population is small, there is unavailability of a large number of genotyped animals with high density, as observed for the Canchim breed. The use of founding breeds or of close origin in the reference population can collaborate with the imputation, but sometimes results in low accuracy. Thus, the objective of this study was to compare the accuracy of imputation of commercial panels with customized low density panels imputed to a high density panel in Canchim cattle, using a reference population formed by Nelore animals. 400 Nelore animals were used in the reference population and 396 Canchim and MA animals in the imputation population. The low-density commercial panels considered contained 20,000 and 50,000 SNPs and 3 types of customizations were applied in order to obtain the same densities as the commercial panels, thus forming 8 different scenarios. The accuracy of imputation showed higher values in the customized panels when compared to the commercial ones and also, as the density of the panels were higher, the accuracies had their value increased. There was a small difference between the first way to customize the panel compared to the second and third, indicating that the way the panel is built interferes with the accuracies of imputation.

**Keywords:** beef cattle, genetic markers, genomics

### Introdução

As tecnologias fundamentadas em informações genômicas favoreceram o desenvolvimento científico na produção animal, principalmente no âmbito da genética e melhoramento. Dentre os diferentes marcadores moleculares, os mais utilizados para essa prática são os polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), que estão distribuídos por todo o genoma. Estes marcadores são utilizados para a aplicação da



seleção genômica, sendo que para se obter adequada resposta a essa seleção, torna-se necessário obter grande quantidade de animais genotipados com uma alta quantidade de marcadores SNP. No entanto, a utilização de todos animais da população genotipados com painéis de alta densidade de marcadores ainda possui custo elevado. Dessa maneira, uma alternativa para baratear o custo da aplicação da seleção genômica seria realizar a imputação dos genótipos.

A imputação consiste em utilizar informações da população referência, genotipada em maior densidade, para imputar os genótipos de marcadores ausentes de indivíduos genotipados com painéis de menor densidade. Neste contexto, a aplicação da imputação em pequenas populações pode apresentar dificuldades para formar uma população referência adequada, uma vez que há indisponibilidade de grande quantidade de animais genotipados com alta densidade, como pode ser observado para a raça Canchim. O bovino de corte Canchim foi desenvolvido no Brasil com o propósito de reunir as características de rusticidade presentes em raças zebuínas (*Bos taurus indicus*) com as características de produtividade de animais taurinos (*Bos taurus taurus*).

Uma alternativa para raças de formação recente é a utilização de raças fundadoras ou de origem próxima na população referência, porém algumas vezes esta prática resulta em baixa acurácia. Assim, o objetivo deste estudo foi comparar a acurácia de imputação de painéis comerciais com painéis personalizados de baixa densidade imputados para um painel de alta densidade em bovinos da raça Canchim, utilizando população referência formada por animais da raça Nelore.

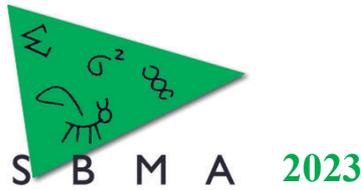
#### Material e Métodos

Os 400 animais da raça Nelore, 285 animais da raça Canchim (CA) e 114 animais do grupo genético MA envolvidos nesse estudo foram genotipados com o BovineHD BeadChip (700k). Os genótipos dos animais Nelores passaram por controle de qualidade utilizando o programa PLINK e foram removidos SNPs localizados em regiões não autossômicas, os que possuíam posição desconhecidas, os que apresentaram MAF menor que 0,001, os SNPs com desvios significativos ( $p < 0,00001$ ) do equilíbrio de Hardy-Weinberg, com taxa de leitura menor que 0,98 e amostras que apresentaram taxa de leitura menor que 0,90. O mesmo foi feito para os demais animais, sendo que os animais Canchim e MA foram considerados como uma única população. Assim, foram considerados para as análises 400 animais da raça Nelore e 396 animais Canchim e MA com 516.044 SNPs.

O total de 8 diferentes cenários foram avaliados. Em todos os cenários, a população referência considerou 400 animais Nelore em que foram mantidos todos os SNPs que passaram pelo controle de qualidade. A população de imputação foi formada por animais Canchim e MA, na qual o total de 516.044 SNPs foi “mascarado” para mimetizar densidades de painéis comerciais contendo 20 mil SNPs (20k) ou 50 mil SNPs (50k), restando um total de 19.263 SNPs no painel de 20k e 26.342 SNPs no painel de 50k, após o controle de qualidade.

Considerou-se também 3 diferentes painéis personalizados, em que a partir do painel de 700k dos animais da raça Canchim e MA, foram escolhidos diferentes SNPs formando painéis contendo a mesma quantidade de SNPs dos painéis comerciais de baixa densidade (50k e 20k). Para a escolha dos SNPs, considerou-se janelas de tamanho de 26 SNPs, para o painel de 20k, e 19 SNPs, para o painel de 50k, e em cada uma destas janelas foi selecionado um único SNP. O critério de escolha desse único SNP pela primeira maneira de personalização foi pela soma de desequilíbrio de ligação (DL - medido pelo  $r^2$ ) entre cada SNP e os demais SNPs presentes nesta janela, em que o SNP que obteve maior soma de DL foi selecionado. A segunda maneira de personalização considerou também o DL, porém o SNP com maior soma de DL deveria atingir um critério mínimo de frequência do alelo de menor frequência (MAF), sendo de 0,2 para 20k e 0,3 para 50k. Por fim, para a terceira maneira, a MAF de cada SNP foi multiplicada pelo DL calculado entre este SNP e os outros presentes na janela. Então, o SNP da janela que apresentou maior valor para soma dos resultados foi selecionado. A imputação dos oito cenários foi realizada utilizando o programa Fimpute (SARGOLZAEI; CHESNAIS; SCHENKEL, 2014). A acurácia de imputação foi verificada pela média da correlação (Cor) entre a quantidade de alelos dos marcadores imputados e a quantidade de alelos do genótipo verdadeiro (BROWNING; BROWNING, 2009).

#### Resultados e Discussão



Em geral, os painéis personalizados apresentaram valores superiores de acurácia quando comparados com os comerciais. O painel de 20k personalizado pela primeira forma obteve maior valor de acurácia (0,6053) quando comparado com o painel de 20k comercial (0,5198). Da mesma maneira, o painel de 50k personalizado pela primeira forma também apresentou maior valor de acurácia (0,6426) do que o painel de 50k comercial (0,5389). O mesmo foi observado para todas as comparações entre personalizados e comerciais, semelhante ao reportado por Romero (2017), em que os painéis personalizados apresentaram vantagem em relação aos painéis comerciais em todos os casos estudados pelos autores.

No presente estudo, o cenário que utilizou o painel de 20k personalizado pela primeira forma (0,6053) apresentou menor valor do que o painel de 20k personalizado pela segunda (0,6108) e terceira forma (0,6095). Essa mesma diferença foi observada nos cenários em que se utilizou a densidade de 50k, em que a segunda e terceira forma de customização resultaram em acurácias iguais a 0,6451 e 0,6501, respectivamente. Esse resultado pode ser explicado pela participação do valor de MAF que foi considerado nesses painéis, o que também foi reportado por Bernardes et al. (2019), que ao comparar os painéis comerciais com os painéis personalizados em imputação na raça Nelore, observaram que a terceira maneira de personalização apresentou maior acurácia de imputação para as situações estudadas, sendo que esta forma de personalização considera dois fatores que afetam a acurácia de imputação, como o DL e MAF.

Ao comparar os painéis pela densidade de SNPs, nota-se que o cenário que era constituído pelo painel de 20k comercial, apresentou menor valor de acurácia (0,5198) quando comparado com o cenário formado pelo painel de 50k comercial (0,5389). Entre os painéis personalizados a diferença foi maior quando a densidade aumentou, sendo que os painéis 20k personalizado pela primeira, segunda e terceira forma apresentaram valores menores de acurácia (0,6053; 0,6108; 0,6095, respectivamente) quando comparado aos cenários constituídos pelo painel de 50k personalizado pela primeira, segunda e terceira forma (0,6426; 0,6451; 0,6501, respectivamente). Estes resultados podem ser justificados pelo fato de acurácia aumentar conforme a densidade do painel aumenta (BERRY et al., 2014).

### Conclusão

A acurácia de imputação apresentou valores superiores nos painéis personalizados quando comparados com os comerciais e também, conforme a densidade dos painéis eram maiores as acurácias tiveram seu valor aumentado. Verificou-se diferenças entre os painéis personalizados, indicando que a maneira como o painel é construído poderá interferir nas acurácias de imputação.

### Literatura citada

#### Artigos:

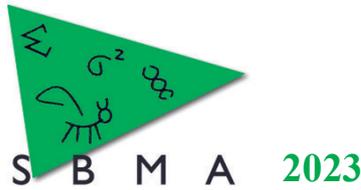
Bernardes P. A., Nascimento G. B. D., Savegnago R. P., Buzanskas M. E., Watanabe R. N., De Almeida R., Correia L., Coutinho L. L., Gondro C., Munari D. P. Evaluation of imputation accuracy using the combination of two high-density panels in Nelore beef cattle. **Scientific Reports**, 9, 17920.

Berry D. P., McClure M. C., Mullen M. P., Within- and across-breed imputation of high-density genotypes in dairy and beef cattle from medium- and low-density genotypes. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 131, 165–172.

Browning B. L., Browning S. R. A Unified Approach to Genotype Imputation and Haplotype-Phase Inference for Large Data Sets of Trios and Unrelated Individuals. **The American Journal of Human Genetics**, 84, 210-223.

Romero A. R. S., Estudos Genômicos Aplicados ao Melhoramento Genético de Bovinos. **UFGD/Programa de Pós - Graduação em Biologia Geral**, 2017.

Sargolzaei M., Chesnais J. P., Schenkel F. S. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. **BMC Genomics**, 15, 478.



### **Influência da seleção para peso ao sobreano e da raça sobre a resiliência de novilhas**

Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo<sup>1\*</sup>, Vanessa Theodoro Rezende<sup>2</sup>, Gustavo Roberto Dias Rodrigues<sup>3</sup>, Maria Eugenia Zerlotti Mercadante<sup>1</sup>, Sarah F. Martins Bonilha<sup>1</sup>, Roberta Carrilho Canesin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, IZ, Sertãozinho, São Paulo, Brasil

<sup>2</sup>Departamento de Nutrição e Produção Animal, FMVZ - USP, Pirassununga, São Paulo, Brasil

<sup>3</sup>Faculdade de Medicina Veterinária - FAMEV, UFU, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

\*Autor correspondente: jgcyrillo@sp.gov.br

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi avaliar a influência da seleção para peso ao sobreano e da raça sobre a resiliência ao período seco de novilhas na fase de recria em pastagens tropicais. Foram utilizados dados de desempenho de 3.867 novilhas das raças Nelore, Guzerá e Caracu, pertencentes aos rebanhos experimentais do Instituto de Zootecnia-SP. A resiliência foi definida como a variação entre o peso ao sobreano e o peso estimado desconsiderando o ganho médio diário (GMD) durante o período de desafio. A seleção para peso ao sobreano não impactou a resiliência de novilhas Nelore. Novilhas da raça Caracu foram menos resilientes que novilhas Nelore, contudo, igualmente resilientes as novilhas da raça Guzerá. Animais resilientes apresentaram maior ganho médio diário no período de recria que animais susceptíveis, independente do grupamento genético.

**Palavras-chave:** bovinocultura de corte, caracu, ganho de peso médio diário, guzerá, nelore, período seco.

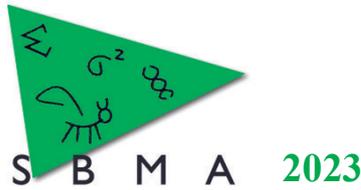
### **Influence of selection for yearling weight and breed on resilience of heifers**

**Abstract:** The aim of this study was to evaluate the effects of selection for yearling weight and breed on heifer resilience during the dry season in tropical pastures. Performance data from 3,867 heifers of Nelore, Guzerá, and Caracu breeds were analyzed. Resilience was defined as the difference between yearling weight and estimated weight without considering average daily gain during the challenge period. Selection for yearling weight did not impact the resilience of Nelore heifers. Caracu heifers were less resilient than Nelore heifers, however, as resilient as Guzerá heifers. Resilient animals showed higher average daily gain in the dry period than susceptible animals, regardless of the genetic group.

**Keywords:** average daily gain, beef cattle, caracu, dry season, guzerá, nelore.

### **Introdução**

Animais resilientes são aqueles que mantêm ou recuperam características funcionais em situações de desafios impostos por fatores ambientais (Poppe et al., 2020). Na bovinocultura de corte brasileira predominam os sistemas de criação sob pastagens tropicais, o que leva a menor disponibilidade de forragem nos períodos secos do ano, comprometendo o desempenho dos animais e tornando o ciclo produtivo um desafio para a manutenção do desempenho durante o ano (Hoffmann et al., 2014). Estudos de resiliência têm sido aplicados em diversas áreas da produção animal. Na bovinocultura de leite, os estudos se baseiam no desvio entre a produção de leite observada e a produção estimada por meio de curvas de lactação obtidas por modelos não lineares. (Elgersma et al., 2018; Poppe et al., 2020). Segundo os autores, os modelos estimados refletem a possível da curva de lactação que a vaca teria na ausência de desafios ambientais, assim, os animais resilientes seriam aqueles com menor variação entre o previsto e o verificado (Poppe et al., 2020). Bergof et al., 2019b, em estudo com aves de postura concluiu que é possível identificar diferenças genéticas na resiliência com base em desvios no peso corporal das aves e, portanto, é possível melhorar a resiliência por meio de cruzamentos seletivos. São escassos os estudos de caracteres que possam ser indicativos de resiliência na bovinocultura de corte e, ainda, há a hipótese de que animais selecionados para maior desempenho sejam mais exigentes nutricionalmente e, portanto, mais susceptíveis as variações do ambiente. (Bergof et al., 2019) Assim, o objetivo deste estudo foi verificar a influência da seleção para peso ao sobreano e da raça ou grupamento genético sobre a resiliência de novilhas na fase de recria em condições de pastagens tropicais.



### Material e Métodos

Os dados utilizados no presente estudo são provenientes do Programa de Melhoramento Genético das raças Zebu e Caracu do Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte do Instituto de Zootecnia - SP e incluíram registros de desempenho de 3.867 fêmeas, nascidas entre os anos de 1981 a 2019, obtidos do nascimento aos 18 meses, pertencentes aos rebanhos das raças Nelore (NeS), Guzerá (Gu) e Caracu (Ca). Para as três raças a seleção, iniciada em 1980, baseou-se no maior diferencial de seleção para peso ao sobreano (peso padronizado aos 378 dias para machos e aos 550 dias de idade para as fêmeas). Para os animais da raça Nelore foi estabelecida uma linha de seleção adicional, denominada Nelore Controle (NeC), em que os animais são selecionados pela média do grupo de contemporâneos.

Para estabelecer o período de desafio e a resiliência das novilhas foram empregados modelos desenvolvidos com base em dados históricos de temperatura, umidade e precipitação que permitiram estimar a produção forrageira para o período. As estimativas de médias anuais de precipitação e produção de forragem foram  $1.301,42 \pm 269,01$  mm e  $8.685,80 \pm 1.704,11$  kg MS/ha/ano, respectivamente. Na estação seca (maio a agosto), foram  $30,51 \pm 10,99$  mm, e  $101,30 \pm 40,29$  kg MS/ha/ano, na mesma ordem.

A resiliência (RESP550) foi definida como a variação entre o peso padronizado ao sobreano (P550) e o mesmo peso estimado desconsiderando o GMD do período de desafio (P550ROB). AS novilhas foram classificadas em susceptíveis (S), médias (M) e resilientes (R), de acordo com o primeiro, segundo e terceiro quartil de RESP550, respectivamente. A estatística descritiva geral e por grupamento genético dos caracteres envolvidos no estudo se encontram na Tabela 1.

Tabela 1. Número de novilhas, médias e desvios padrão das variáveis peso ao sobreano (P550, kg), peso ao sobreano estimado (P550ROB, kg), variação entre peso ao sobreano e peso ao sobreano estimado (RESP550, kg), ganho médio diário (GMD, kg/dia) por grupamento genético.

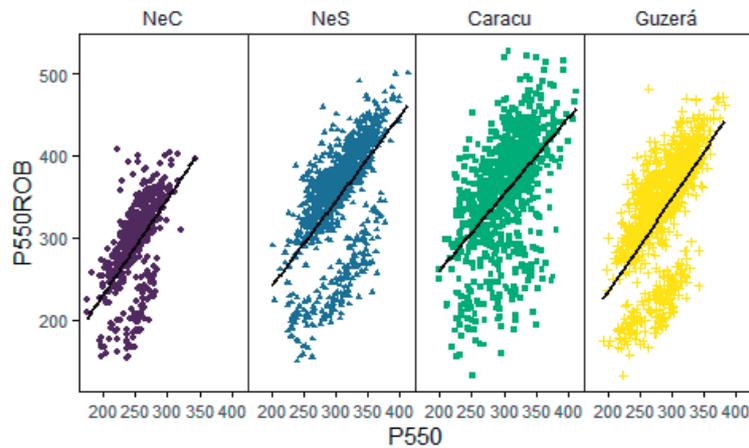
Variável	Geral	NeC <sup>1</sup>	NeS <sup>2</sup>	Caracu	Guzerá
Animais	3.867	535	1.131	1.055	1.146
P550	288,88 ± 40,48	250,16 ± 24,75	302,82 ± 37,18	301,27 ± 41,99	282,03 ± 34,55
P550ROB	337,02 ± 68,85	289,86 ± 52,18	350,76 ± 65,13	356,18 ± 70,58	329,98 ± 66,40
RESP550	-46,39 ± 54,02	-39,17 ± 43,42	-45,13 ± 52,73	-52,90 ± 60,34	-45,65 ± 53,76
GMD	0,355 ± 0,095	0,323 ± 0,096	0,390 ± 0,059	0,358 ± 0,064	0,333 ± 0,061

<sup>1</sup>NeC: Nelore Controle, <sup>2</sup>NeS: Nelore Seleção

Os modelos de análises incluíram os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, definido por ano (1981 a 2019) e grupamento genético (NeC, NeS, Guzerá e Caracu) e mês de nascimento (9, 10 e 11). A significância dos efeitos fixos sobre as variáveis dependentes foi determinada pelo teste t ao nível de 5%. Todas as etapas foram realizadas com o software R versão 4.2.2. utilizando procedimentos inclusos nos pacotes rstatix, lmttest e car (R Core Team, 2022).

### Resultados e Discussão

Estimativas de resiliência não diferiram ( $P < 0,05$ ) entre novilhas das linhas NeC e NeS, ( $-38,69 \pm 2,40$  e  $-44,24 \pm 1,65$  kg, respectivamente) (Figura 1), indicando que os distúrbios causados pelas oscilações climáticas e de produção de forragem afetaram igualmente a capacidade de expressão do potencial de desempenho de novilhas da raça Nelore, independente da seleção. O mesmo foi observado para novilhas da raça Guzerá que não diferiram de NeC e NeS ( $P < 0,05$ ) e apresentaram média de RESP550 igual a  $-47,88 \pm 1,65$  kg. Bovinos da subespécie *Bos taurus indicus*, aqui representados pelas raças Nelore e Guzerá se caracterizam pela adaptabilidade as condições de criação em ambientes tropicais, qualificados por clima quente úmido e padrão de oferta alimentar irregular. É conhecida a alta capacidade de adaptação da raça Caracu as condições tropicais, bem como os importantes resultados de produtividade, tanto em sistemas de produção de carne como de leite, contudo, no presente estudo, novilhas Caracu apresentaram as maiores estimativas de desvios do peso observado em relação ao estimado ( $-51,51 \pm 1,82$  kg) e diferiram significativamente das contemporâneas da raça Nelore, não diferindo, contudo, de novilhas da raça Guzerá.



RESP550 (kg)				
Nelore Controle	Nelore Seleção	Caracu	Guzerá	P-valor
-38,69 ± 2,40 A	-44,24 ± 1,65 A	-51,51 ± 1,82 B	-47,88 ± 1,65 AB	0,002

Figura 1. Dispersão de valores do peso real ajustado aos 550 dias de idade (P550, kg) e peso estimado aos 550 dias de idade (PROB550, kg) e respectivas médias ± desvio padrão de RESP550, kg para os quatro grupamentos genéticos avaliados.

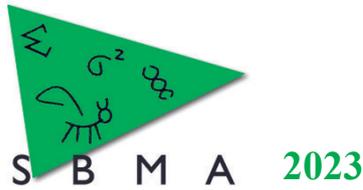
Não foram observadas interações significativas ( $P > 0,001$ ) entre a resiliência, GMD e grupamentos genéticos, contudo, independente do grupamento genético, novilhas classificadas como R e M apresentaram maiores GMD ( $P < 0,001$ ), com valores de  $0,371 \pm 0,007$  e  $0,360 \pm 0,005$  kg/dia, respectivamente, em relação aos Susceptíveis ( $0,343 \pm 0,005$ ).

### Conclusão

A seleção para peso ao não impactou a resiliência de novilhas da raça Nelore. Novilhas da raça Caracu foram menos resilientes que novilhas da raça Nelore, contudo, igualmente resilientes as novilhas da raça Guzerá. Animais resilientes apresentaram maior ganho médio diário no período de recria que animais susceptíveis, independente do grupamento genético.

### Literatura citada

- Berghof, T.V.L., Poppe, M., Mulder, H.A. 2019. Opportunities to improve resilience in animal breeding programs. **Frontiers in Genetics**, 9, 692.
- Berghof, T.V.L., Bovenhuis, H., Mulder, H.A. 2019b. Body weight deviations as indicator for resilience in layer chickens. **Frontiers in Genetics**, 10, 1216.
- Elgersma G.G., Jong G., Linde R.V.D. & Mulder H.A. 2018. Fluctuations in milk yield are heritable and can be used as a resilience indicator to breed healthy cows. **Journal of Dairy Science**, 101, 1240-1250
- Hoffmann A., Moraes E.H.B.K., Mousquer C.J., Simioni T.A., Gomer F.J., Ferreira V.B. & Silva H.M. 2014. Produção de bovinos de corte no sistema de pasto-suplemento no período da seca. **NATIVA**, 2, 119-130.
- Poppe M., Veerkamp R.F., van Pelt M.L. & Mulder H.A. 2020. Exploration of variance, autocorrelation, and skewness of deviations from lactation curves as resilience indicators for breeding. **Journal of Dairy Science**, 103, 1667-1684.
- R Core Team. 2022. **R: A language and environment for statistical computing**. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 12 de abril de 2023.



**Integração biológica multi ômicas para predição de marcadores moleculares em bovinos da raça Nelore, considerando a maciez da carne**

Gabriela Bonfá Frezarim<sup>1\*</sup>, Larissa Fernanda Simielli Fonseca<sup>1</sup>, Bruna Maria Salatta<sup>1</sup>, Patrícia Iana Schmidt<sup>1</sup>, Leonardo Machestropa Arikawa<sup>1</sup>, Lucio Flavio Macedo Mota<sup>1</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV- UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

\*Autor correspondente: [gabibonfa@hotmail.com](mailto:gabibonfa@hotmail.com)

**Resumo:** A compreensão biológica da maciez da carne, requer a interpretação da complexidade molecular e suas variações em diversos níveis, incluindo além dos fenótipos, genótipos, transcritos e proteínas expressas. Ao combinar dados de diferentes níveis moleculares, a análise de enriquecimento funcional pode revelar interações complexas e fornecer novos *insights* sobre a biologia subjacente a um determinado fenótipo. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo uma abordagem biológica integrativa combinando os dados de GWAS (Associação genômica ampla), transcriptômicos (*RNA-Seq*) e proteômicos (LC-MS/MS), por meio de análise funcional, afim de identificar os principais *loci* e vias biológicas associados a maciez da carne em bovinos Nelore. O gene *NEXN* e *CRYAB* foram identificados tanto na análise transcriptômica e proteômica como regulado negativamente considerando o grupo de carne macia. Considerando a análise de co-expressão foram identificados genes e proteínas centrais relacionadas à característica como: *RDX*, *PSMD* e *CAST*. Esses achados fornecem uma compreensão mais profunda de genes, transcritos, proteínas e vias metabólicas altamente complexas envolvidos em características de carcaça e qualidade da carne em bovinos Nelore.

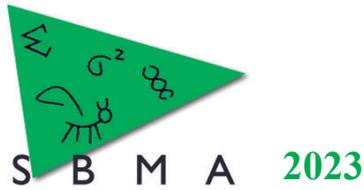
**Palavras-chave:** bovino de corte, GWAS, integração de dados, LC/MS-MS, qualidade de carne, *RNA-Seq*.

**Abstract:** The biological understanding of meat tenderness requires interpretation of molecular complexity and its variations at multiple levels, including beyond phenotypes, genotypes, transcriptions, and expressed proteins. By combining data from different molecular levels, functional enrichment analysis can reveal complex interactions and provide new insights into the biology underlying a particular phenotype. In this context, the present study aimed to take an integrative biological approach by combining data from GWAS (Genome-wide association study), transcriptomics (*RNA-Seq*), and proteomics (LC-MS/MS) through functional analysis in order to identify key loci and biological pathways associated with meat tenderness in Nelore cattle. The *NEXN* and *CRYAB* genes were identified in both transcriptomic and proteomic analysis as negatively regulated in the tender meat group. Co-expression analysis identified central genes and proteins related to the characteristic such as *RDX*, *PSMD*, and *CAST*. These findings provide a deeper understanding of highly complex genes, transcripts, proteins, and metabolic pathways involved in carcass characteristics and meat quality in Nelore cattle.

**Keywords:** beef cattle, data integration, GWAS, meat quality, LC/MS-MS, *RNA-Seq*.

### Introdução

Estudos multiômicos têm sido cada vez mais utilizados para melhorar o entendimento dos mecanismos moleculares e genéticos que afetam as características de interesse. A integração de dados genômicos, transcriptômicos e proteômicos por meio do enriquecimento funcional, permite uma abordagem abrangente e sistemática para estudar as interações entre os genes e as vias metabólicas envolvidas na regulação dessas características. Os avanços nas técnicas de sequenciamento genético tornaram possível realizar estudos genômicos de larga escala, como o GWAS (Genome-Wide Association Study), o *RNA-Seq* e a proteômica. Essas técnicas permitem uma abordagem abrangente para entender as bases genéticas e moleculares de características complexas e de outros fenótipos. A combinação dessas abordagens é capaz de fornecer uma visão ampla dos mecanismos moleculares envolvidos em características de qualidade de carne em bovinos (D'ALESSANDRO; ZOLLA, 2013). Dessa forma, esses estudos podem ajudar a identificar novos marcadores genéticos e proteicos que possam ser usados na seleção de animais com características de interesse para a indústria pecuária. Neste contexto, objetivou-se uma abordagem biológica integrativa



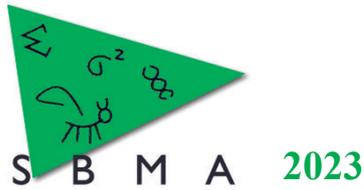
combinando os dados de GWAS (Associação genômica ampla), transcriptômicos (RNA-Seq) e proteômicos (LC-MS/MS) por meio de análise funcional, a fim de identificar os principais loci e vias biológicas associados a maciez da carne em bovinos Nelore.

#### Material e Métodos

A maciez foi mensurada por meio da força de cisalhamento Warner-Bratzler (WBSF). Foram estimados os efeitos dos SNPs de 23.859 animais Nelore genotipados, com base no passo único ponderado por meio da abordagem GBLUP (WssGLUP), utilizando duas iterações. Os resultados das análises de GWAS foram apresentadas com base na proporção de variância aditiva explicado por janelas de 1 Mb. Para as análises de RNA-Seq, os animais foram divididos em grupos extremos, (carne macia e dura) contendo 12 animais cada, baseados nos valores corrigidos dos fenótipos. Para as extrações do RNA total, foram utilizados 50mg de tecido muscular e o kit de para extração *RNeasy Lipid Tissue Mini Kit* (Qiagen, Valencia, CA, EUA). Após a verificação da pureza e integridade do RNA, as bibliotecas de sequenciamento foram preparadas usando o *TruSeq RNA Sample Preparation Kit®* (Illumina, San Diego, CA, EUA) e o sequenciamento realizado na plataforma *HiSeq 2500 System*. Para checar a qualidade dos dados foi utilizado o software FASTQC. Uma vez que as reads foram checadas, as mesmas foram processadas para remover bases de baixa qualidade e sequencias de adaptadores utilizando os softwares *Atropos* e *PrinSeq*. O programa *STAR* foi utilizado para mapear os fragmentos, alinhando com o genoma de referência bovino (ARS-UCD1.3), e o *Stringtie* para montagem de transcritos provenientes das reads que apresentaram alinhamento contra o genoma de referência. Para identificar os genes diferencialmente expressos foi utilizado o programa *DESeq2*. Para a análise proteômica foi utilizado o pacote *msms Tests* em ambiente R, por meio do teste binomial negativo do pacote *edgeR*. O pacote usa testes estatísticos para dados de LC-MS/MS sem rótulo por contagens espectrais, para identificar proteínas expressas diferencialmente entre duas condições biológicas. As contagens foram normalizadas com base nos espectros totais em cada amostra, e um filtro pós-teste foi aplicado para remover proteínas com mudança log-fold change absoluta  $\leq 0,5$  e com contagens espectrais médias  $\leq 3$  em pelo menos uma condição. Os valores de significância foram corrigidos utilizando a estimativa de taxa de descoberta falsa (FDR  $< 0,05$ ). Proteínas com alteração do q-valor  $\leq 0,05$  foram consideradas expressas de forma significativamente diferente. O plug-in *CentiScaPe* do software *Cytoscape* foi utilizado na análise de co-expressão para identificar os genes mais significativos. Além disso, o plug-in *ClueGO* do software *Cytoscape* juntamente com o software *DAVID 6.8 (Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery)* foi utilizado para realizar a análise funcional conjunta de transcritos, genes e proteínas identificadas.

#### Resultados e Discussão

A análise de GWAS identificou as 10 principais regiões genômicas localizadas nos cromossomos 1, 2, 5, 7, 9, 10, 19 e 25, abrigando 93 genes e explicando 14,94% da variância genética aditiva. Para a análise de RNA-seq foram obtidos um total de 375 milhões de reads (2x100 pb) e uma cobertura do sequenciamento de 25x. Em média, foram geradas 25 milhões de reads por amostra e uma taxa de alinhamento geral de 96,4%. A análise de expressão diferencial entre os grupos extremos revelou 139 genes diferencialmente expressos sendo 78 genes regulados negativamente e 59 positivamente considerando o grupo de carne macia. A análise de dados proteômica indicou 87 proteínas diferencialmente expressas, incluindo 44 proteínas reguladas positivamente e 43 proteínas reguladas negativamente em relação ao grupo de carne macia (valor  $q \leq 0,05$ ). As análises de enriquecimento funcional conjuntas para as 3 técnicas, indicaram que 14 e 18 termos GO foram significativamente enriquecidos, respectivamente, na categoria de processo biológico. O gene *NEXN* e *CRYAB* foram identificados tanto na análise transcriptômica quanto proteômica como regulado negativamente considerando o grupo de carne macia. Considerando a análise de co-expressão foram identificados genes e proteínas centrais relacionadas à característica como: *RDX*, *PSMD* e *CAST*. A proteína *CRYAB* é membro da família de pequenas proteínas de choque térmico, que desempenha papel fundamental na proteção dos filamentos intermediários, estabilizando e protegendo as proteínas alvo, incluindo a desmina (WANG et al., 2003). A hipótese é que a maior expressão do *CRYAB* em carne dura, poderia impedir degradação dos filamentos intermediários e, conseqüentemente, diminuir a maciez da carne.



O gene *NEXN* possui papel essencial na manutenção da linha Z e integridade do sarcômero, estando diretamente envolvido com a via de organização do citoesqueleto e sinalização apoptótica. Sabe-se que o processo de transformação de músculo em carne se dá pela combinação de fatores intrínsecos e extrínsecos. A degradação de proteínas constituintes da linha Z, provocada por enzimas proteolíticas, contribuem para o enfraquecimento da estrutura miofibrilar e, conseqüente, para a maciez da carne (BHAT et al., 2018). Dessa forma, a maior expressão desse gene em carne dura, parece impedir de certa forma a ação das enzimas responsáveis pela degradação das fibras musculares e conseqüente diminuição da maciez. Considerando a análise de co-expressão, o gene *RDX* (Radixin) codifica uma proteína que pertence à família das proteínas de ancoragem à actina. Hamill et al. (2012) avaliando as diferenças de expressão gênica entre músculos de suínos com diferentes níveis de maciez, identificaram o gene *RDX* mais expresso em carne macia, enfatizando a importância das vias relacionadas a organização celular na definição da característica. O gene *PSMD7* codifica uma subunidade do proteossoma 26S, um grande complexo proteico presente no citoplasma das células eucarióticas que desempenha um papel importante na degradação de proteínas intracelulares. A subunidade *PSMD7*, é uma proteína não-ATPase que faz parte da partícula 19S do proteossoma 26S. Esta partícula é responsável por reconhecer e desnovelar proteínas danificadas ou desnecessárias, para que possam ser degradadas pela partícula 20S do proteossoma. Os membros do sistema ubiquitina-proteossoma são importantes durante a transformação do músculo em carne. Essas proteínas também estão envolvidas na proteólise, causando a degradação de proteínas miofibrilares nas células musculares e provavelmente favorecendo a maior maciez da carne. O gene da calpastatina (*CAST*) desempenha um papel fundamental na qualidade da carne bovina, principalmente em relação à maciez. A proteína calpastatina é um inibidor natural da enzima calpaína, que é responsável pela degradação das proteínas musculares durante o processo de maturação da carne (CASAS et al., 2006). A atividade da enzima calpaína é fundamental para a maciez da carne, uma vez que ela é responsável pela quebra das proteínas musculares em fragmentos menores, tornando a carne mais macia e succulenta. O gene *CAST* regula a expressão da proteína calpastatina, que, por sua vez, controla a atividade da calpaína (GOLL et al., 1992). Quando há uma expressão elevada do gene *CAST*, ocorre uma redução na atividade da calpaína, o que pode resultar em carne com textura mais dura.

#### Conclusão

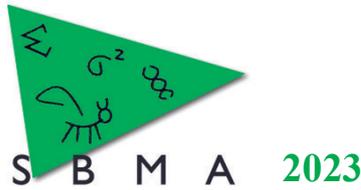
Compreender os mecanismos moleculares relacionados com características de interesse econômico é fundamental para melhorar nossa compreensão dos fenótipos desejados. Foi observado que genes associados a organização do citoesqueleto, regulação do ciclo celular e proteínas de choque térmico estavam associadas com a maciez da carne. Esses resultados fornecem uma melhor interpretação funcional da maciez da carne e indicam caminhos alvo para estudos futuros.

#### Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP #2017/10630-2 e #2018/20026-8.

#### Literatura citada

- BHAT, Z. F. et al. Role of calpain system in meat tenderness: A review. **Food Science and Human Wellness**, v. 7, n. 3, p. 196–204, 2018.
- CASAS, E. et al. Effects of calpastatin and  $\mu$ -calpain markers in beef cattle on tenderness traits. **Journal of Animal Science**, v. 84, n. 3, p. 520–525, 2006.
- D’ALESSANDRO, A.; ZOLLA, L. Meat science: From proteomics to integrated omics towards system biology. **Journal of Proteomics**, v. 78, p. 558–577, 2013.
- GOLL, D. E. et al. Role of the calpain system in muscle growth. **Biochimie**, v. 74, n. 3, p. 225–237, 1992.
- HAMILL, R. M. et al. Functional analysis of muscle gene expression profiles associated with tenderness and intramuscular fat content in pork. **Meat Science**, v. 92, n. 4, p. 440–450, 2012.



### **Interação genótipo × ambiente para características de desempenho ao sobreano para a raça Guzera**

Diogo Osmar Silva<sup>1\*</sup>, Denise Rocha Ayres<sup>1</sup>, Annaiza Braga Bignardi<sup>1</sup>, Mário Luiz Santana Júnior<sup>1</sup>, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto<sup>2</sup>, Frank Angelo Tomita Bruneli<sup>2</sup>, Henrique Torres Ventura<sup>3</sup>, Rodrigo Junqueira Pereira<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Zootecnia, UFR, Rondonópolis, MT, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

<sup>3</sup>Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, Uberaba, MG, Brasil.

\*Autor correspondente: diogoosmarsilva@gmail.com

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi avaliar a possível interação genótipo × ambiente para características de desempenho ao sobreano em animais da raça Guzera. As características estudadas foram peso aos 550 dias de idade e ganho em peso diário do desmame ao sobreano. Os dados genotípicos constituíram 1.768 animais com 40.103 marcadores. Para representar o descritor ambiental em que o animal se desenvolveu, as soluções para o efeito de grupo contemporâneo de cada característica foram utilizadas. As estimativas de herdabilidade mostraram tendência crescente ao longo do gradiente ambiental. De forma geral, os valores de herdabilidade foram menores para os ambientes mais restritivos. Possivelmente isso é explicado pela limitação de desempenho do indivíduo por conta do ambiente e com isso uma diminuição na capacidade do modelo em identificar variação genética. As correlações genéticas foram altas para ambientes médios e favoráveis, indicando que a seleção utilizando informações provenientes de avaliações de ambientes médios provoca ganhos genéticos equivalentes para ambientes mais favoráveis e que para ambientes menos favoráveis o ganho genético pode ser menor. Assim, a interação genótipo × ambiente é um fator que afeta o desempenho ao sobreano dos indivíduos da raça Guzera para as características avaliadas e deve ser considerada nas avaliações genéticas da raça.

**Palavras-chave:** adaptação, raças zebuínas, sensibilidade ambiental

### **Genotype by environment interaction for yearling performance traits for the Guzerat breed**

**Abstract:** This study aimed to evaluate the possible genotype × environment interaction for yearling performance traits in Guzerat animals. The traits evaluated were weight at 550 days of age and daily weight gain from weaning to yearling. The genotypic data constituted 1,768 animals with 40,103 markers. To represent the environmental descriptor in which the animal was reared, solutions for the contemporary group effect of each trait were used. The heritability estimates showed an increasing trend along the environmental gradients. In general, the heritability values were lower for the more restrictive environments. This is possibly explained by the limitation of the individual's performance due to the environment and, therefore, a decrease in the model's ability to identify genetic variation. The genetic correlations were high, for medium and favorable environments, indicating that selection using the information of evaluations from medium environments causes equivalent genetic gains for more favorable environments and, for less favorable environments, the genetic gain could be smaller. Thus, with the results presented, the genotype × environment interaction is a factor that affects the yearling performance of Guzera individuals for the evaluated traits and must be included in genetic evaluation in this breed.

**Keywords:** adaptation, environment sensitivity, zebu breeds

### **Introdução**

Mesmo sendo raças mais adaptadas, o desempenho dos zebuínos pode sofrer reclassificação ou mudanças dado o ambiente de criação. Este comportamento é definido como interação genótipo × ambiente (Falconer e Mackway, 1996). Normalmente, este fator não é levado em consideração na avaliação genética pela complexidade dos modelos utilizados e dificuldade de interpretação dos resultados pelo produtor. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a possível interação genótipo × ambiente para características de desempenho ao sobreano em animais da raça Guzera.

### **Material e Métodos**

As informações utilizadas neste estudo foram providas pela Embrapa Gado de Leite e pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). O banco de dados possuía 178.796 animais provenientes de 1.770 rebanhos. As características estudadas foram peso aos 550 dias de idade (PS) e ganho

em peso diário do desmame ao sobreano (GPDS). O grupo contemporâneo ao desmame foi definido pela inclusão das informações de fazenda, criador, regime de alimentação, ano e estação ao nascimento e à desmama. A estação de nascimento foi definida em quatro classes sendo de: março a maio, junho a agosto, setembro a novembro e dezembro a fevereiro, divididos em função das frequências de chuvas e temperaturas. O regime de alimentação foi definido em duas classes, sendo a primeira a criação do animal somente a pasto com suplementação mineral e a segunda a criação a pasto com suplementação mineral-proteica ou pequenas porções de concentrado. O grupo contemporâneo ao sobreano foi definido concatenando as informações de fazenda, criador, regime de alimentação, ano e estação ao sobreano ao grupo contemporâneo à desmama. O controle de qualidade dos dados foi realizado de forma que os grupos contemporâneos apresentassem pelo menos 3 observações.

As informações genótípicas foram provenientes de 1.827 animais e foi realizado o controle de qualidade cujos critérios de manutenção foram: MAF (Minor Allele Frequency) maior ou igual a 5%, *Call Rate* para amostra e SNPs de 90% ou mais para ambos os critérios. SNPs com elevado desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $p < 10^{-5}$ ) foram eliminados. Ao final, os dados genóticos constituíram 1.768 animais com 40.103 marcadores.

Primeiramente, o modelo animal foi realizado para a estimação dos efeitos (soluções) de grupo contemporâneo, os quais, posteriormente, foram utilizados como descritor ambiental. As covariáveis de idade à mensuração – efeito linear para a característica PS e intervalo entre as idades à mensuração – efeito linear para GPDS foram incluídas no modelo. Para representar o efeito do ambiente (descritor ambiental) em que o animal se desenvolveu, as soluções para o efeito de grupo contemporâneo de cada característica foram utilizadas. As soluções foram padronizadas e agrupadas em classes. As classes foram definidas como: -3,5 a -2,5; -2,5 a -1,5; -1,5 a -0,5; -0,5 a 0,5; 0,5 a 1,5; 1,5 a 2,5; 2,5 a 3,5; sendo adotados os valores intermediários (-3, -2, -1, 0, 1, 2 e 3, respectivamente). De acordo com as frequências de animais em cada ambiente, optou-se por mostrar somente os resultados dos gradientes ambientais entre -2 e 2, pois os extremos (-3 e 3) apresentaram uma menor frequência de observações. O modelo de IGA utilizado foi usando o polinômio ortogonal de Legendre em um modelo linear (dois coeficientes) para o efeito genético aditivo. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais homogênea para toda a escala do gradiente ambiental.

Os animais foram classificados quanto à sua sensibilidade ambiental de acordo com o valor genético aditivo para o coeficiente linear ( $\hat{b}$ ), sendo:  $|\hat{b}| > \sigma_i$  = animais com genótipos robustos;  $\sigma_i \leq |\hat{b}| < 2\sigma_i$  = animais com genótipos plásticos; e  $|\hat{b}| \geq 2\sigma_i$  = animais com genótipos extremamente plásticos, sendo  $\sigma_i$  o desvio-padrão das soluções para o coeficiente linear genético-aditivo.

### Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade mostraram tendência crescente, em diferentes magnitudes, ao longo do gradiente ambiental, sendo de maiores valores para os ambientes mais favoráveis (Tabela 1). De forma geral, para todas as características, os valores de herdabilidade foram menores para os ambientes mais restritivos. Possivelmente isso seria explicado pela limitação de desempenho do indivíduo por conta do ambiente e com isso uma diminuição na capacidade do modelo em identificar variação genética. Para ambientes mais favoráveis, os animais têm maior possibilidade de expressar o máximo de seu potencial e com isso existir uma maior variação entre indivíduos. Este mesmo comportamento para as herdabilidades (menores valores para ambientes restritivos e comportamento crescente ao longo dos ambientes) foi reportado por Carvalheiro et al., (2020) e Carvalho Filho et al., (2022) para a raça Nelore, utilizando modelos de norma de reação utilizando uma variância residual homogênea para os diferentes ambientes.

**Tabela 1.** Médias (e desvio-padrão) das estimativas de herdabilidades no gradiente ambiental para as características peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GPDS) usando um modelo de norma de reação com a raça Guzerá.

Característica	-2	-1	0	1	2
PS	0,16 (0,03)	0,24 (0,03)	0,37 (0,02)	0,50 (0,02)	0,61 (0,02)
GPDS	0,05 (0,02)	0,11 (0,02)	0,25 (0,02)	0,41 (0,02)	0,54 (0,02)

As diferenças nas herdabilidades mostram a importância de o produtor identificar o melhor animal para seu ambiente de criação. Este fator pode levar ao produtor obter maiores ganhos genéticos na sua seleção (Mulder e Bijama, 2005; Mulder, 2016). Mulder e Bijama (2005) recomendaram a mensuração de fenótipos de progênie em diferentes ambientais para minimizar a perda de ganho genético pela IGA. Além disso, os modelos de normas de reação podem garantir maiores acurácias de predição dos valores genéticos para ambientes extremos em relação a modelos que ignoram o efeito da IGA (Mulder, 2005). Este mesmo autor ainda ressaltou que o uso da seleção genômica com uma grande quantidade de animais na população de referência tem um potencial para a seleção de animais resilientes.

Para a característica PS, os valores para correlações genéticas entre o desempenho nos diferentes ambientes foram positivos e de magnitude moderada (Tabela 2). Este comportamento indica a existência de IGA e que a escolha dos indivíduos selecionados deve ser baseada na classificação dos animais para o respectivo ambiente de criação da futura progênie. Para GPDS, os valores encontrados foram baixos entre os ambientes mais extremos, acentuando ainda mais a importância da inclusão da IGA na avaliação genética e na posterior escolha dos indivíduos.

**Tabela 2.** Médias (e desvio-padrão) de correlação genética entre o desempenho nos ambientes para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, acima e abaixo da diagonal, respectivamente, usando um modelo de norma de reação com a raça Guzerá.

	-2	-1	0	1	2
-2	-	0,89 (0,035)	0,76 (0,083)	0,66 (0,113)	0,59 (0,130)
-1	0,67 (0,146)	-	0,96 (0,013)	0,92 (0,030)	0,88 (0,044)
0	0,44 (0,226)	0,95 (0,024)	-	0,99 (0,004)	0,97 (0,009)
1	0,33 (0,257)	0,91 (0,047)	0,99 (0,004)	-	0,99 (0,001)
2	0,28 (0,272)	0,89 (0,061)	0,98 (0,009)	0,99 (0,001)	-

De forma geral, as correlações genéticas foram altas entre os desempenhos em ambientes médios (Ambiente = 0) e favoráveis (Ambiente > 0), indicando que a seleção utilizando informações provenientes de avaliações de ambientes médios provoca ganhos genéticos equivalentes para ambientes mais favoráveis e que para ambientes menos favoráveis o ganho genético depende da característica selecionada.

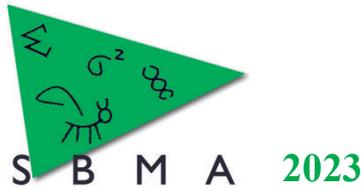
As frequências das categorias de sensibilidade ambiental foram de 72,7% e 68,3% para a categoria robusto, 21,1% e 23,6% na categoria plástico e 6,2% e 8,1% para a categoria de extremamente plásticos, para as características GPDS e PS, respectivamente. A classificação dos animais quanto a seu desempenho em relação ao seu ambiente de criação teve a mesma tendência para as características, evidenciando a IGA. Para as características avaliadas, a classe de animais robustos foi a que teve a maior frequência. Ainda assim, tal resultado evidencia uma parte relevante dos animais extremamente plásticos, indicando a importância de selecionar animais especificamente para o ambiente de criação da progênie.

### Conclusão

Assim, com os resultados apresentados, a interação genótipo ambiente é um fator que afeta o desempenho ao sobreano dos indivíduos da raça Guzerá para as características avaliadas e deve ser considerada nas avaliações genéticas desta população.

### Literatura citada

- Falconer DS, Mackay TFC. **Introduction to quantitative genetics**. Essex. UK: Longman Group, 1996.
- Carvalho Filho I, Silva DA, Teixeira CS, Silva TL, Mota LF, Albuquerque LG, Carneiro R (2022). Heteroscedastic Reaction Norm Models Improve the Assessment of Genotype by Environment Interaction for Growth, Reproductive, and Visual Score Traits in Nellore Cattle. **Animals**, 12(19):2613.
- Carvalho R, Costilla R, Neves HH, Albuquerque LG, Moore S, Hayes BJ. 2019. Unraveling genetic sensitivity of beef cattle to environmental variation under tropical conditions. **Genetics Selection Evolution**, 51(1):1-14.
- Mulder HA (2016). Genomic selection improves response to selection in resilience by exploiting genotype by environment interactions. **Frontiers in Genetics**, 7:178.
- Mulder HA, Bijma P. (2005). Effects of genotype× environment interaction on genetic gain in breeding programs. **Journal of Animal Science**, 83(1):49-61.



### Qualidade seminal e eficiência alimentar de touros jovens da raça Brahman

Matheus Henrique Vargas de Oliveira<sup>12\*</sup>, André Maciel Crespilho<sup>23</sup>, Maria Carolina Carrera Zerbini<sup>2</sup>,  
Jessica Moraes Malheiros<sup>4</sup>, Rafael Rocha de Paula<sup>25</sup>, Luis Felipe Canela de Souza<sup>2</sup>, Larysse Aparecida  
Alves<sup>26</sup>, Lorena Carla Gomes Vernaschi<sup>2</sup>, Alex Arikawa Miyasaki<sup>7</sup>, Josineudson Augusto II Vasconcelos  
Silva<sup>8</sup>

<sup>1</sup>Pós-Graduando em Genética e Melhoramento Animal, FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Central Bela Vista, Botucatu, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Medicina e Bem Estar Animal, UNISA, São Paulo, SP, Brasil.

<sup>4</sup>Pós-Doutorando, IZ, Sertãozinho, SP, Brasil.

<sup>5</sup>Pós-Graduando em Biotecnologia Animal, FMVZ/UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

<sup>6</sup>Pós-Graduando em Zootecnia, FMVZ/UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

<sup>7</sup>Pós-Graduando em Fisiopatologia e Saúde Animal, UNOESTE, Presidente Prudente, SP, Brasil.

<sup>8</sup>Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, FMVZ/UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [matheus.vargas@centralbelavista.com.br](mailto:matheus.vargas@centralbelavista.com.br); [vargas.oliveira@unesp.br](mailto:vargas.oliveira@unesp.br).

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi avaliar a associação das características reprodutivas com o consumo alimentar residual de touros da raça Brahman. Foram utilizados dados de 41 touros com idade média de 677 dias e peso médio de 489,15kg participantes de teste de eficiência alimentar. As características avaliadas foram, consumo alimentar residual (CAR), perímetro escrotal (PE), defeitos maiores (DEF\_MAIOR), defeitos menores (DEF\_MENOR) e defeitos totais (DEF\_TOTAL). Foram selecionados dois grupos experimentais de acordo com o CAR, eficientes e não eficientes. As comparações de médias e as correlações entre as características foram realizadas no SAS<sup>®</sup>. DEF\_MAIOR e DEF\_TOTAL foram significativos ( $p < 0,05$ ) entre os grupos. As correlações entre CAR e PE (-0,33), CAR e DEF\_MAIOR (-0,38) e CAR e DEF\_TOTAL (-0,36) foram de magnitudes moderadas e negativas ( $p < 0,05$ ). Touros jovens e eficientes da raça Brahman apresentam porcentagens superiores de defeitos maiores e totais no sêmen. A seleção implica em ganhos negativos entre consumo alimentar residual e, defeitos maiores e totais.

**Palavras-chave:** *Bos taurus indicus*, consumo alimentar residual, reprodução.

### Seminal quality and feed efficiency of young Brahman bulls

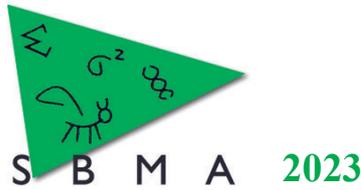
**Abstract:** The objective of this work was to evaluate the association between reproductive traits and residual feed intake of Brahman bulls. Forty-one bulls with an average age of 677 days and an average weight of 489.15 kg from a feed efficiency test were used. The evaluated traits were residual feed intake (RFI), scrotal circumference (SC), major defects (MAJ\_DEF), minor defects (MIN\_DEF) and total defects (TOTAL\_DEF). Two experimental groups were selected according to the RFI, low and high RFI. Comparisons of means and correlations between traits were performed using SAS<sup>®</sup>. MAJ\_DEF and TOTAL\_DEF were significant ( $p < 0.05$ ) between the treatments. The estimated correlation between RFI and SC (-0.33), RFI and MAJ\_DEF (-0.38) and RFI and TOTAL\_DEF (-0.36) were moderate and negative magnitudes ( $p < 0.05$ ). Young and efficient Brahman bulls have higher percentages of major and total semen defects. Selection implies negative gains between residual feed intake, major and total defects.

**Keywords:** *Bos taurus indicus*, reproduction, residual feed intake.

### Introdução

A fertilidade dos touros desempenha importante papel na produção de bezerras para bovinocultura de corte. A eficiência alimentar também é de suma importância na cadeia produtiva de bovinos, porém os custos com a alimentação podem representar de 60 a 80% dos investimentos de produção e impactar diretamente na lucratividade (Uyeh et al., 2018). No entanto, estudos conduzidos nas últimas décadas têm demonstrado que a eficiência reprodutiva e qualidade seminal dos bovinos tem diminuído ao longo dos anos, devido à intensa pressão de seleção para características de produção (Awda et al. 2013; Thundathil et al., 2016).

Desse modo, se torna necessário compreender as relações entre fertilidade e eficiência alimentar no intuito de evitar consequências indesejáveis da seleção para uma única característica. Além disso, a identificação e seleção de touros com fertilidade superior e eficientes no consumo de matéria seca, pode



reduzir os custos de produção e impactar significativamente na eficiência das fazendas, uma vez que o mesmo nível de produção poderá ser alcançado com menos insumos. Apesar da importância, estudos neste sentido na raça Brahman ainda são escassos e necessitam ser esclarecidos para o processo de seleção.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a associação das características reprodutivas com o consumo alimentar residual de touros da raça Brahman

### Material e Métodos

O experimento foi realizado no Centro Tecnológico Humberto de Freitas Tavares, localizado na Central Bela Vista em Botucatu/SP, em sistema de baias coletivas equipadas com cochos eletrônicos da empresa Intergado® (Intergado Ltda., Contagem, Minas Gerais, Brasil). Foram utilizados 41 touros da raça Brahman com idade média inicial de  $677,36 \pm 64,29$  dias e peso médio inicial de  $489,15 \pm 90,42$  kg, provenientes de 12 rebanhos localizados nos Estados de Goiás, Mato Grosso, São Paulo e Minas Gerais. Os rebanhos são participantes da Associação dos Criadores de Brahman do Brasil (ACBB).

Anteriormente ao início do teste, os touros foram submetidos ao período de adaptação à dieta/instalações de 21 dias e, posteriormente, durante 56 dias ao teste propriamente dito, com acesso *ad libitum* à dieta e água. O consumo alimentar residual (CAR, kg MS/dia) dos 41 touros foi calculado e utilizado na formação dos dois grupos contrastantes: animais eficientes (< média do CAR - 0,5 desvio padrão) (CAR negativo =  $-1,11 \pm 0,23$  kg MS/dia; N=8) e (2) animais não eficientes (> média do CAR + 0,5 desvio padrão) (CAR positivo =  $+0,83 \pm 0,36$  kg MS/dia; N= 13).

Ao final do período de teste foi realizada a mensuração do perímetro escrotal (PE) com auxílio da fita métrica posicionada na região de maior diâmetro gonadal, além de colheita de sêmen por meio de massagem transretal associada a eletroejaculação (equipamento Autojac®, Neovet, Brasil). Os estímulos eletroejaculatórios foram realizados de maneira pulsátil e contínua até a ejaculação (obtenção de amostras com densidade superior à da água, com coloração branco-amarelada). Os defeitos espermáticos foram avaliados a partir da fixação de cada amostra em solução de formaldeído a 4%, analisadas em microscopia de contraste diferencial de fase (1000X). Os problemas morfológicos foram classificados de acordo com Bloom (1973) em defeitos maiores (DEF\_MAIOR), menores (DEF\_MENOR) e totais (DEF\_TOTAL).

As médias obtidas para cada variável, de acordo com cada grupo experimental (animais eficientes e não eficientes), foram comparadas pelo procedimento PROC GLM® (Statistical Analysis System®, SAS Institute, Cary, NC, USA, 2011). Análises de correlação foram conduzidas a partir do comando PROC CORR®. Para todas as análises foi considerado nível de significância de 5%.

### Resultados e Discussão

O perímetro escrotal (PE) e os defeitos menores (DEF\_MENOR) não apresentaram diferença ( $p > 0,05$ ) entre os grupos experimentais (Tabela 1). Touros eficientes apresentaram menor consumo alimentar residual ( $p < 0,05$ ) em comparação aos touros não eficientes, uma diferença de 1,94 kg MS/dia entre os tratamentos. Os defeitos espermáticos maiores (DEF\_MAIOR) e totais (DEF\_TOTAL) apresentaram diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) entre os grupos experimentais, sendo que animais eficientes apresentaram maior porcentagem de defeitos quando comparados com animais não eficientes.

Tabela 1. Médias ajustadas da característica consumo alimentar residual e espermáticas de touros Brahman

Variáveis**	Grupos de eficiência alimentar				p-valor
	N	Touros eficientes	N	Touros não eficientes	
CAR, kg MS/dia	8	$-1,11 \pm 0,23$	13	$0,83 \pm 0,36$	<.0001
PE, cm	8	$36,81 \pm 1,99$	13	$35,69 \pm 1,97$	0,6102
DEF_MAIOR, %	8	$24,87 \pm 12,27$	13	$13,30 \pm 5,05$	0,0275
DEF_MENOR, %	8	$4,87 \pm 5,16$	13	$3,23 \pm 2,24$	0,4574
DEF_TOTAL, %	8	$29,75 \pm 14,14$	13	$16,53 \pm 5,73$	0,0225

\*\*CAR, consumo alimentar residual; PE, perímetro escrotal, cm; DEF\_MAIOR, defeito maior; DEF\_MENOR, defeito menor; DEF\_TOTAL, defeito total.

Na literatura há evidências na diminuição da qualidade seminal em touros eficientes em comparação a touros não eficientes (Awda et al. 2013), o que corrobora aos resultados obtidos neste trabalho. Touros eficientes provavelmente apresentam atraso na maturidade sexual, e, portanto, apresentam trato reprodutivo imaturo no momento da colheita de sêmen, consequentemente, maiores anormalidades

espermáticas. Entretanto, Krieck et al. (2022) avaliando animais da raça Nelore não verificaram diferença significativa comparando morfologia espermática de touros eficientes e não eficientes.

A estimativa de correlação do CAR e, PE, DEF\_MAIOR e TOTAL foram significativas de magnitudes moderadas e negativas (-0,33, -0,38 e -0,36; respectivamente) (Figura 1). Esses valores indicam que à seleção para a característica CAR nesta população de bovinos da raça Brahman pode promover ganhos favoráveis no PE, uma vez que animais com valores negativos para CAR aumentaria o valor do PE. No entanto, pode ocorrer ganhos desfavoráveis no DEF\_MAIOR e DEF\_TOTAL, visto que aumentaria a porcentagem de anormalidades no sêmen.



Figura 1. Correlação de Pearson entre a característica consumo alimentar residual e espermáticas de touros Brahman. As cores e intensidade indicam a força e a direção das relações significativas ( $P < 0,05$ ); as cores azuis e vermelhas indicam, respectivamente, correlações positivas e negativas. As células brancas indicam correlações não significativas.

Apesar do CAR representar uma característica importante para o aumento da produtividade dos bovinos de corte, autores relatam a necessidade de a seleção ser realizada levando em consideração características reprodutivas (Awda et al. 2013; Ferreira Júnior et al., 2018). Esse fato se torna necessário, justamente para evitar o antagonismo que ocorre nos estudos realizados até o presente momento. Além disso, é controverso a influência do CAR sobre características relacionados à reprodução de bovinos, tornando imprescindível novas pesquisas para que se possa elucidar a relação entre essas características de grande impacto econômico nos sistemas de produção de carne.

### Conclusão

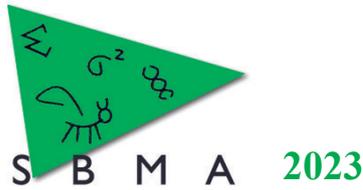
Touros jovens e eficientes da raça Brahman apresentam porcentagens superiores de defeitos maiores e totais no sêmen. A seleção implica em ganhos negativos entre CAR, defeitos maiores e totais.

### Agradecimentos

À Associação dos Criadores de Brahman do Brasil (ACBB) e a Central Bela Vista pelo financiamento desse estudo.

### Literatura citada

- Awda B.J., Miller S.P., Montanholi Y.R., Vander Voort G., Caldwell T., Buhr M.M., Swanson K.C. 2013. The relationship between feed efficiency traits and fertility in young beef bulls. **Canadian Journal of Animal Science**, 93, 185-192.
- Blom E. 1973. The ultrastructure of some characteristic sperm defects and a proposal for a new classification of the bull spermogram. **Nordisk Veterinaermedicin**, 25, 383-391.
- Ferreira Júnior R.J., Bonilha S.F., Monteiro F.M., Cyrillo J.N.S.G., Branco R.H., Silva, J.A.II.V., Mercadante M.E.Z. 2018. Evidence of negative relationship between female fertility and feed efficiency in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, 96, 4035-4044.
- Krieck F.M.T., Faria R.A.D.S. Ujita A., Vicentini R.R., Monteiro F.M., Krieck A.M.T., Castilhos A.M., Silva J.A.II.V. 2022. Semen quality and feed efficiency of young nellore bulls. **SSRN**, 4269948.
- Thundathil J.C., Dance A.L., Kastelic J.P. 2016. Fertility management of bulls to improve beef cattle productivity. **Theriogenology**, 86, 397-405.
- Uyeh D.D., Mallipeddi R., Pamulapati T., Park T., Kim J., Woo S., Ha Y. 2018. Interactive livestock feed ration optimization using evolutionary algorithms. **Computers and Electronics in Agriculture**, 155, 1-11.



### Regulação gênica por miRNAs associados à maciez da carne em bovinos Nelore

Larissa Fernanda Simielli Fonseca<sup>1\*</sup>, Danielly Beraldo dos Santos Silva<sup>1</sup>, Gabriela Bonfá Frezarim<sup>1</sup>, Bruna Maria Salatta<sup>1</sup>, Patrícia Iana Schmidt<sup>1</sup>, Leonardo Machestropa Arikawa<sup>1</sup>, Lúcio Flavio Macedo Mota<sup>1</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo, Brasil

<sup>2</sup>Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

\*Autor correspondente: [larissa.simielli@unesp.br](mailto:larissa.simielli@unesp.br)

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi sequenciar o RNA do músculo (*Longissimus thoracis*) de bovinos Nelore, para identificar miRNAs diferencialmente expressos (DE) associados à maciez da carne, e prever seus genes alvo. Para isso, foram coletadas amostras de carne de 189 bovinos Nelore pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético Cia de Melhoramento. Os animais, com idade média de 24 meses, foram abatidos em frigorífico comercial e, imediatamente após o abate, foram coletadas amostras para extração e sequenciamento do RNA. Após 24 horas em câmara fria, foram coletadas amostras para análise da maciez da carne. Após a quantificação do fenótipo, foram separadas 24 amostras extremas para maciez da carne e submetidas ao sequenciamento de microRNA (*single-ended* no NextSeq500 Illumina® - 1x75pb). As sequências foram analisadas a fim de obter os miRNAs DE e os genes alvo preditos foram submetidos à análise de enriquecimento. Foram identificados 14 miRNAs DE e 9.944 genes alvo foram preditos. Os genes foram agrupados em 173 clusters, sendo 63 significativos, como *transcriptional activator activity*, *protein kinase activity*, *GTPase activator activity* e *ubiquitin protein ligase activity*. Sendo assim, foram encontrados miRNAs relacionados à maciez da carne em bovinos da raça Nelore. Seus genes alvo foram preditos, sendo possível observar genes já descritos na literatura como ativos no processo de amaciamento da carne, o que confirma a importância desses genes para essa característica.

**Palavras-chave:** expressão gênica, microRNAs, predição de genes alvo, RNA-Seq

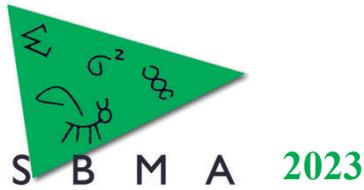
### Gene regulation by miRNAs associated with meat tenderness in Nelore cattle

**Abstract:** The objective of this work was to sequence RNA from muscle (*Longissimus thoracis*) of Nelore cattle, to identify differentially expressed miRNAs (DE) associated with meat tenderness, and to predict their target genes. For this, meat samples were collected from 189 Nelore cattle belonging to the Cia de Melhoramento Genético Improvement Program. The animals, with an average age of 24 months, were slaughtered in a commercial slaughterhouse and, immediately after, samples were collected for RNA extraction and sequencing. After 24 hours in a cold chamber, samples were collected for meat tenderness analysis. After quantification of the phenotype, 24 extreme meat tenderness samples were separated and submitted to microRNA sequencing (*single-ended* on NextSeq500 Illumina® - 1x75pb). The sequences were analyzed in order to obtain the DE miRNAs and the predicted target genes were submitted to enrichment analysis. Fourteen DE miRNAs were identified, and 9944 target genes were predicted. The genes were grouped into 173 clusters, 63 of which were significant, such as *transcriptional activator activity*, *protein kinase activity*, *GTPase activator activity* and *ubiquitin protein ligase activity*. Thus, miRNAs related to meat tenderness were found in Nelore cattle. Its target genes were predicted, and it is possible to observe genes already described in the literature as active in the meat tenderization process, which confirms the importance of these genes for this trait.

**Keywords:** gene expression, microRNAs, RNA-Seq, target gene prediction.

### Introdução

A maciez da carne é o atributo mais importante para a qualidade da carne, pois é o maior responsável pela satisfação do consumidor, assim investir na melhoria dessa característica, torna-se importante do ponto de vista econômico. Os conhecimentos dos mecanismos moleculares envolvidos no desenvolvimento muscular podem auxiliar na seleção de animais da raça Nelore com valor genético elevado



para maciez da carne, contribuindo assim para a melhoria da carne brasileira. As técnicas de análise do transcriptoma, como o RNA-Seq, permitem a identificação de transcritos não-codificantes e codificantes, como por exemplo, os microRNAs (miRNAs) e seus genes alvos, cuja expressão está relacionada com as variações em vias metabólicas, resultando em diferentes fenótipos. Os microRNAs apresentam aproximadamente 22 nucleotídeos que regulam a expressão gênica pela ligação total ou parcial às suas sequências complementares em mRNAs ou promotores.

Um grande número de miRNAs e seus genes alvos foram relatados em plantas, humanos, camundongos e ratos. No entanto, miRNAs e seus padrões de expressão correspondentes às diferenças na maciez da carne em bovinos de corte, especialmente os da raça Nelore, ainda não são bem estudados. Portanto o objetivo deste projeto foi estudar o transcriptoma do músculo (*Longissimus thoracis*) de bovinos machos, não castrados da raça Nelore, com o propósito de identificar miRNAs diferencialmente expressos associados à característica de maciez da carne, fornecendo assim, informações sobre os mecanismos genéticos e moleculares que regulam essas características.

#### Material e Métodos

Foram coletadas amostras de carne de 189 bovinos Nelore pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético *Cia de Melhoramento*. Os animais, com idade média de 24 meses, foram abatidos em frigorífico comercial e, imediatamente após o abate, foram coletadas amostras de tecido muscular (*Longissimus thoracis*) para extração do RNA total. Durante a desossa, após 24h em câmara fria, foram separadas amostras localizadas entre a 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> costelas de cada meia carcaça esquerda para realização das medidas de maciez da carne, segundo o proposto por Wheeler et al. (1995). A partir das análises fenotípicas, foram escolhidas 24 amostras extremas para maciez da carne ( $p$ -valor $<0,05$ ), que foram submetidas ao sequenciamento de miRNA. As bibliotecas de sequenciamento foram geradas com o TruSeq® smallRNA Sample Preparation kit (Illumina - San Diego, EUA) seguindo o protocolo do fabricante. As bibliotecas foram agrupadas para permitir o sequenciamento multiplexado. O sequenciamento dos miRNA foi realizado em única fita (single-ended) no NextSeq500 (Illumina®) que produziu leituras de 75 pares de base. Após os sequenciamentos, a qualidade das leituras foi verificada usando o programa FastQC 0.11.4 e filtradas pelo programa Cutadapt 4.2. Para identificar e quantificar os miRNAs, foi executado o programa miRDeep2, utilizando os parâmetros padrão. As leituras foram alinhadas ao genoma bovino de referência (*Bos taurus* ARS-UCD1.3) por meio do programa Bowtie 1.3.1 e comparadas com o banco de dados miRBase 22. O programa DESeq2 foi utilizado para identificar miRNAs diferencialmente expressos entre os grupos. Com base nas sequências dos miRNAs, os genes alvos dos miRNAs DE foram preditos usando o banco de dados *on-line miRWalk*. Os genes alvo preditos e seus respectivos miRNA foram subsequentemente submetidos à análise de enriquecimento funcional por meio do DAVID 6.8 (Database for Annotation, Visualization e Integrated Discovery).

#### Resultados e Discussão

As análises de expressão diferencial dos miRNAs entre os grupos de carne macia e dura identificaram 532 miRNA, dentre eles, 14 diferencialmente expressos (DE) ( $p$ -valor $<0,05$ ) (Tabela 1). Apenas 10 miRNAs DE possuem genes alvo descritos. O sinal do  $\log_2$  (*fold change*), referente à expressão relativa, foi usado para caracterizar os genes em reprimidos (*down regulated*) ou induzidos (*up regulated*), sendo que, nesta análise, foram encontrados 6 genes induzidos e 8 reprimidos em relação ao grupo de carne macia.

Os genes foram agrupados em 173 *clusters*, sendo que 63 deles apresentaram categorias enriquecidas significativas, *protein kinase activity* (GO:0004672), *GTPase activator activity* (GO:0005096), *ubiquitin protein ligase activity* (GO:0061630). As ubiquitinas (GO:0061630) são proteínas pequenas que se ligam a outras proteínas para sinalizar sua degradação pelo proteossoma. Elas desempenham um papel importante na regulação da proteólise de proteínas musculares, incluindo a degradação de proteínas associadas à maciez da carne em bovinos (Nijman et al., 2005). As proteínas da família USP (*Ubiquitin specific peptidases*), por exemplo, já foram associadas em à maciez da carne em trabalhos anteriores com bovinos Nelore (Fonseca et al., 2017).

Tabela 1: miRNAs DE,  $\log_2(\text{Fold Change})$ , erro padrão, p-valor e número de genes alvo.

miRNA	$\log_2(\text{FG})^1$	SE <sup>2</sup>	p-valor	N <sup>3</sup>
bta-MIR-184	-1,36	0,47	0,004	1225
bta-MIR-2427	3,44	1,21	0,005	999
bta-MIR-2284W	-0,50	0,18	0,007	670
bta-MIR-7862	0,90	0,37	0,015	2378
bta-MIR-6123	0,66	0,27	0,015	1139
bta-MIR-199A-1	-0,56	0,25	0,025	-
bta-MIR-362	0,53	0,24	0,029	-
bta-MIR-502B	0,48	0,23	0,036	1917
bta-MIR-6522	-0,89	0,43	0,036	271
bta-MIR-2285W	0,83	0,40	0,037	-
bta-MIR-146B	-0,54	0,27	0,047	621
bta-MIR-218-1	-0,65	0,33	0,048	-
bta-MIR-155	-0,35	0,18	0,053	287
bta-MIR-130 <sup>a</sup>	-0,29	0,15	0,058	435

<sup>1</sup>FG: Fold Change; <sup>2</sup>Erro Padrão; <sup>3</sup>N: número de genes alvo

A função molecular *phosphatidylinositol phosphorylation* (GO:0046854) e o processo biológico *Growth regulation* (KW-0341) foram encontrados no mesmo cluster e parecem estar envolvidos com a maciez da carne em bovinos. A primeira está relacionada à fosforilação de fosfatidilinositois, que é uma função molecular importante em diversos processos celulares, incluindo a sinalização celular e a regulação do citoesqueleto. Já a KW-0341 se refere à regulação do crescimento celular. Ambos os processos podem influenciar indiretamente a maciez da carne em bovinos, por exemplo, através da regulação de vias metabólicas que afetam a composição e qualidade do tecido muscular (Casal e Mantilla, 2018).

### Conclusão

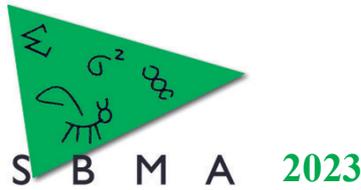
Foram encontrados miRNAs relacionados à maciez da carne em bovinos da raça Nelore. Seus genes alvo foram preditos, sendo possível observar genes já descritos na literatura como ativos no processo de amaciamento da carne, o que confirma a importância desses genes para essa característica. Além disso, agora se conhece parte do processo biológico molecular que influencia toda a cadeia regulatória da expressão da característica, uma vez que os miRNAs encontrados na análise apresentam essa função.

### Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - # 409493/2018-0 e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP #2017/10630-2, #2018/20026-8 e #2019/16732-7.

### Literatura citada

- Casal, C., & Mantilla, T. (2018). Muscle Growth and Carcass Traits in Cattle: Embryonic and Postnatal Regulation by Environmental Factors and Molecular Mechanisms. *Frontiers in Genetics*, 9, 418. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00418>.
- Nijman SMB, Luna-Vargas MPA, Velds A, Brummelkamp TR, Dirac AMG, Sixma TK, Bernards R. A genomic and functional inventory of deubiquitinating enzymes. *Cell*. 2005 Dec 29;123(7):773-86. doi: 10.1016/j.cell.2005.11.007.
- Wheeler TL, Koomaraie M, Shackelford SD (1995), Standardized warner-bratzler shear force procedures for meat tenderness measurement, Clay Center: Roman L, Hruska U, S, MARC, USDA.



**Resposta correlacionada para características de importância econômica em bovinos Nelore selecionados para características de eficiência alimentar**

Ludmilla Costa Brunet<sup>1\*</sup>, Fernando Baldi<sup>2</sup>, Fernando Brito Lopes<sup>3</sup>, Larissa Bordin Temp<sup>2</sup>, Byanka Bueno Soares<sup>4</sup>, Raysildo Barbosa Lobo<sup>5</sup>, Cláudio Ulhoa Magnabosco<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Cobb-Vantress, Siloam Springs, Arkansas, Estados Unidos.

<sup>4</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil.

<sup>5</sup>Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

\*Autor correspondente: [ludmillabrunes@hotmail.com](mailto:ludmillabrunes@hotmail.com)

**Resumo:** Objetivou-se avaliar o efeito da seleção para eficiência alimentar em características comumente utilizadas como critério de seleção e o efeito destas no ganho genético para eficiência alimentar em bovinos Nelore. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando melhor preditor linear viesado genômico em passo único (ssGBLUP). As respostas diretas e correlacionadas foram obtidas considerando variâncias genéticas aditivas, herdabilidade, intensidade de seleção, intervalo de geração e correlações genéticas. As correlações genéticas foram baixas, com exceção entre peso aos 210 dias de idade, peso aos 450 dias de idade (P450), perímetro escrotal (PE450) e consumo alimentar residual (CAR) com consumo de matéria seca (CMS); CAR com ganho em peso residual (GPR); e PE450, CAR, CMS e GPR com consumo e ganho residual (CGR). A seleção direta apresentou maior resposta a seleção que a correlacionada, com exceção da obtida para CMS através da seleção para P450, sendo esta resposta desfavorável. A seleção para eficiência alimentar terá baixo impacto em características de crescimento, reprodução e carcaça. Recomenda-se a seleção direta para CAR, GPR e CGR visando aumento da eficiência alimentar e produtiva em bovinos Nelore.

**Palavras-chave:** associação genética, *Bos indicus*, consumo alimentar residual, consumo e ganho residual, ganho em peso residual, resposta a seleção.

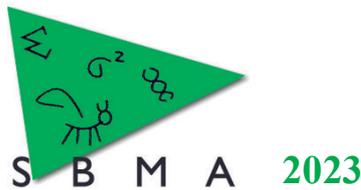
**Correlated response to profitability traits in Nelore cattle selected for feed efficiency related-traits**

**Abstract:** The aim was to evaluate the effect of selection for feed efficiency on traits commonly used as selection criteria and their effect on genetic gain for feed efficiency in Nelore cattle. Genetic parameters were estimated using single-step genomic best linear unbiased prediction (ssGBLUP). Direct and correlated responses were obtained considering additive genetic variances, heritability, selection intensity, generation interval and genetic correlations. The genetic correlations were low, with the exception between weight at 210 days of age, weight at 450 days of age (W450), scrotal circumference (SC450) and residual feed intake (RFI) with dry matter intake (DMI); RFI with residual body weight gain (RG); and SC450, RFI, DMI and RG with residual intake and body weight gain (RIG). The direct selection showed a higher selection response than the correlated one, with the exception of that obtained for DMI through the selection for W450, which was an unfavorable response. Selection for feed efficiency will have low impact on growth, reproduction and carcass traits. Thus, selection for RFI, RG and RIG is recommended in order to increase feed and production efficiency in Nelore cattle.

**Keywords:** *Bos indicus*, genetic association, residual body weight gain, residual feed intake, residual intake and body weight gain, response to selection.

**Introdução**

Considerando que o custo com alimentação é um dos principais itens do custo de produção em sistemas de produção de bovinos de corte, a redução do consumo de alimento tem grande impacto econômico e sustentável. Porém, a seleção genética para redução do consumo de matéria seca (CMS) pode ter efeito negativo no desempenho dos animais. Assim, a utilização do consumo alimentar residual (CAR) tem sido proposta visando redução do CMS, sem prejuízos produtivos. Além disso, ganho em peso residual (GPR) pode ser uma alternativa para seleção de animais com maior eficiência no ganho em peso, enquanto



o consumo e ganho de peso residual (CGR) foi proposta como uma característica que permite a seleção de animais de maior ganho em peso e menor CMS. Apesar das vantagens econômicas, a seleção para eficiência alimentar tem sido pouco empregada em bovinos Nelore. Para a ampla utilização de novos critérios de seleção, é importante avaliar os efeitos que estes terão em outras características de importância econômica para o sistema produtivo. Objetivou-se avaliar o efeito da seleção para eficiência alimentar em características comumente utilizadas como critério de seleção e o efeito destas no ganho genético para eficiência alimentar.

#### Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas e genotípicas de 15.639 animais, com 4.329 registros para as características de eficiência alimentar e 58.374 informações de pedigree, fornecidas pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto – SP). As características avaliadas foram peso aos 210 (P210) e 450 (P450) dias de idade, perímetro escrotal aos 450 dias de idade (PE450), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EG) e na garupa (P8), consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), ganho em peso residual (GPR) e consumo e ganho em peso residual (CGR). Os animais foram genotipados em painel de baixa densidade, contendo 29.000 marcadores. O grupo contemporâneo (GC) foi composto por animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo. A estimação dos componentes de (co)variâncias foi realizada utilizando melhor preditor linear viesado genômico de passo único (ssGBLUP) (Aguilar et al., 2010) em análises bicaracterísticas, com auxílio dos programas BLUPF90. Foi utilizado modelo contendo como efeitos aleatórios a variância genética aditiva direta, materna (apenas para P210) e de ambiente permanente materno (apenas para P210) e residual, além do GC como efeito fixo e idade do animal (características de eficiência alimentar e carcaça) e da mãe (apenas para P210) como co-variável. Foi calculada a resposta direta e correlacionada nas características de eficiência alimentar dada a seleção para as de crescimento, reprodução e carcaça e nestas características quando a seleção foi realizada para as de eficiência alimentar, conforme Falconer & Mackay (1996). O intervalo de geração foi de 1,5 anos e a intensidade de seleção foi de 0,50 para as características de eficiência alimentar, devido ao menor número de registros fenotípicos, e 1,2 para as demais características. A eficiência relativa de seleção foi estimada como a razão entre a resposta direta e a correlacionada.

#### Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade obtidas foram de baixa a moderada magnitude, variando de 0,17 a 0,46. As correlações genéticas foram de baixa magnitude, com exceção entre P210, P450, PE450 e CAR com CMS; CAR com GPR; e PE450, CAR, CMS e GPR com CGR (Tabela 1). Esses resultados sugerem que essas características são influenciadas por um mesmo grupo de genes, de forma que animais com maior peso e perímetro escrotal tendem a apresentar um maior consumo, enquanto animais mais eficientes quanto ao CAR tendem a apresentar menor CMS, sendo a de maior correlação. Além disso, animais de maior CGR, tendem a ser aqueles com maior GPR, menor CMS, CAR e PE450. Considerando a eficiência relativa de seleção (Tabela 2), apenas a seleção indireta para P450 trará maior ganho que a seleção direta para CMS, o que está relacionada a maior correlação genética, herdabilidade e variância genética de P450, sendo essa resposta desfavorável pois a seleção para aumento do peso levará também ao aumento do CMS. Para as demais variáveis, a seleção direta apresentou maior resposta a seleção que a correlacionada. Esses resultados demonstram que a seleção para eficiência alimentar terá baixo impacto em características de crescimento, reprodução e carcaça. Além disso, quando o objetivo é melhorar a eficiência alimentar, reduzindo o CMS sem prejuízos de desempenho, ou aumento no ganho de peso residual, é indicado utilizar características como CAR, GPR e CGR como critérios de seleção direto.

#### Conclusão

A resposta a seleção direta para as características de eficiência alimentar será maior que a correlacionada obtida através da seleção para variáveis de crescimento, reprodução e carcaça. A seleção para características de eficiência alimentar trará baixa respostas em outras características de importância econômica. Assim, recomenda-se a seleção para CAR, GPR e CGR visando aumento da eficiência alimentar e produtiva.

Tabela 1. Herdabilidade ( $h^2d$ ) e correlação genética ( $r_g$ ) com seus respectivos erros-padrão (EP) para características de eficiência alimentar com características de crescimento, reprodução e carcaça em bovinos Nelore.

Características <sup>1</sup>	Parâmetros genéticos				
	$h^2d \pm EP$	$r_gCAR \pm EP$	$r_gCMS \pm EP$	$r_gGPR \pm EP$	$r_gCGR \pm EP$
P210	0,25±0,02	0,07±0,01	0,36±0,03	-0,12±0,04	-0,16±0,02
P450	0,31±0,03	0,19±0,03	0,56±0,08	-0,15±0,02	-0,15±0,02
PE450	0,46±0,04	0,19±0,01	0,27±0,09	0,08±0,02	-0,24±0,02
AOL	0,34±0,03	0,04±0,01	0,15±0,01	-0,12±0,02	-0,02±0,01
EG	0,22±0,02	0,13±0,01	-0,05±0,02	0,05±0,02	0,07±0,01
P8	0,30±0,02	0,13±0,01	0,07±0,01	-0,09±0,02	0,06±0,01
CAR	0,17±0,04	-	0,76±0,05	-0,23±0,03	-0,61±0,06
CMS	0,23±0,04	-	-	-0,13±0,02	-0,62±0,02
GPR	0,17±0,05	-	-	-	0,46±0,03
CGR	0,20±0,05	-	-	-	-

<sup>1</sup>P210: peso aos 210 dias de idade; P450: peso aos 450 dias de idade; PE450: perímetro escrotal aos 450 dias de idade; AOL: área de olho de lombo; EG: espessura de gordura subcutânea; P8: espessura de gordura na garupa; CAR: consumo alimentar residual; CMS: consumo de matéria seca; GPR: ganho em peso residual; CGR: consumo e ganho residual.

Tabela 2. Resposta direta (RD) e correlacionada em características de importância econômica quando a seleção foi realizada para características indicadoras de eficiência alimentar<sup>1</sup> ou quando a seleção foi realizada para características de crescimento, reprodução e carcaça<sup>2</sup> em bovinos Nelore.

Características <sup>3</sup>	Seleção para eficiência alimentar <sup>1</sup>					Seleção para crescimento, reprodução e carcaça <sup>2</sup>			
	RD	CAR	CMS	GPR	CGR	CAR	CMS	GPR	CGR
P210	35,364	-2,041	-12,211	-3,499	-5,061	0,003	0,030	-0,001	-0,007
P450	152,557	-21,465	-73,587	-16,946	-18,380	0,008	0,052	-0,002	-0,007
PE450	1,671	-0,193	-0,319	0,081	-0,264	0,009	0,031	0,001	-0,014
AOL	7,753	-0,219	-0,956	-0,658	-0,119	0,002	0,015	-0,002	-0,001
EG	0,165	-0,019	0,008	0,007	0,011	0,004	-0,004	0,001	0,003
P8	0,280	-0,027	-0,017	-0,019	0,014	0,005	0,006	-0,001	0,003
CAR	-0,012	-	-0,011	0,003	-0,008	-	-0,022	-0,001	0,009
CMS	-0,034	-0,022	-	0,004	-0,019	0,011	-	-0,001	0,011
GPR	0,004	0,001	0,001	-	0,002	-0,003	-0,004	-	0,007
CGR	0,016	0,009	0,011	0,007	-	-0,008	-0,019	0,002	-

<sup>3</sup>P210: peso aos 210 dias de idade; P450: peso aos 450 dias de idade; PE450: perímetro escrotal aos 450 dias de idade; AOL: área de olho de lombo; EG: espessura de gordura subcutânea; P8: espessura de gordura na garupa; CAR: consumo alimentar residual; CMS: consumo de matéria seca; GPR: ganho em peso residual; CGR: consumo e ganho residual.

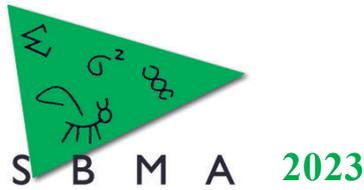
#### Agradecimentos

Os autores agradecem à Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF) pela concessão de bolsa de pesquisa ao primeiro autor (Processo nº 00193.00000922/2021-1). Os autores também agradecem à Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) pelo fornecimento das informações fenotípicas e genômicas.

#### Literatura citada

Aguilar I., Misztal I., Johnson D., Legarra A., Tsuruta S., & Lawlor T. 2010. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, 93, 743–752.

Falconer D.S., & Mackay, T.F.C.C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4ed. Edinburgh: earson Prentice Hall.



### Uso de raças fundadoras beneficiam a acurácia de genótipos imputados em bovinos da raça Canchim

Roney Teixeira da Silva<sup>1\*</sup>, Renalia Silva Militão<sup>1</sup>, Giovanna Maria dos Santos Câmara<sup>1</sup>, Maria Victória Henrique Genuíno<sup>1</sup>, Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa<sup>1</sup>, Ana Carolina de Jesus Oliveira<sup>2</sup>, Donagh Pearse Berry<sup>3</sup>; Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>4</sup>, Danísio Prado Munari<sup>2</sup>, Marcos Eli Buzanskas<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Areia, Paraíba, Brasil.

<sup>2</sup> Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV, UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>3</sup> Teagasc, Animal & Grassland Research and Innovation Centre, Moorepark, Fermoy Co. Cork., Irlanda.

<sup>4</sup> Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, São Paulo, Brasil.

\* Autor correspondente: [roneyteixeira.dasilva@gmail.com](mailto:roneyteixeira.dasilva@gmail.com)

**Resumo:** Objetivou-se neste estudo avaliar melhorias na acurácia de imputação em animais Canchim e do grupo genético MA com a incorporação de genótipos de animais Nelore e Charolês. Foram testados oito cenários de imputação, em que os genótipos de alta densidade foram reduzidos para a densidade do painel BovineSNP50 BeadChip (50K) com capacidade de 54.609 SNPs apenas para a população alvo (CA e MA). A população de referência (Nelore e Charolês) permaneceu com genótipos em alta densidade. Foi determinada a acurácia de imputação por meio da taxa de concordância e quadrado de correlação alélica. Variações foram observadas quanto ao número de marcadores após o controle de qualidade dos genótipos em cada cenário. Os cenários C5 e C7 mostraram a maior acurácia pela contribuição do maior parentesco entre populações de animais CA e do grupo genético MA, e o C2 baixa acurácia de imputação devido ao tamanho inferior da população referência. Concluiu-se que a utilização de genótipos das raças fundadoras promove aumento na acurácia para os animais CA e MA, podendo reduzir os custos de genotipagem em raças compostas. A inclusão da raça Charolês como parte da população referência, em conjunto com animais CA, resulta nos maiores ganhos em acurácia.

**Palavras-chave:** bovinocultura de corte; composição genética; genômica; marcador molecular.

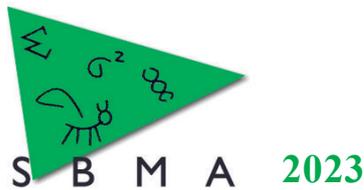
#### Using founder breeds may benefit the accuracy of imputed genotypes in Canchim cattle

**Abstract:** The objective of this study was to evaluate improvements in the imputation accuracy in Canchim animals and MA genetic group by adding genotypes from Nelore and Charolais animals. Eight imputation scenarios were built, in which high-density genotypes were reduced to the density of the BovineSNP50 BeadChip panel (50K) with a capacity of 54,609 SNPs for the target population (CA and MA). The reference population (Nelore and Charolais) remained with high-density genotypes. The imputation accuracy was determined using the concordance rate and allelic correlation square. Variations were observed regarding the number of markers, when performing the genotype quality control of each scenario. Scenarios C5 and C7 presented the highest accuracy due to a greater kinship between CA and MA animals, and C2 presented low imputation accuracy due to the smaller reference population size. It was concluded that using founder breeds promotes an increase in accuracy for CA and MA animals, and may reduce genotyping costs in composite breeds. The inclusion of Charolais breed as part of the reference population, together with CA animals, results in the greatest gains in accuracy.

**Keywords:** beef cattle; genetic composition; genomics; molecular marker.

#### Introdução

A pecuária de corte brasileira emprega diferentes estratégias de cruzamento para a formação de raças compostas, como o Canchim, que é proveniente da alternância de cruzamentos entre raças taurinas (*Bos taurus taurus*) e zebuínas (*Bos taurus indicus*), resultando em indivíduos com composição genética aproximada de 62,50% de Charolês e 37,50% de Nelore (ALENCAR, 1988). Ferramentas da genômica têm promovido avanços na produção animal, sendo os marcadores moleculares do tipo SNP (*single nucleotide polymorphisms*) os mais utilizados nesta área. Neste sentido, métodos de imputação permitem a inferência de genótipos entre painéis de diferentes densidades, em que são consideradas populações de referência, com genótipos em alta densidade, e populações de imputação, com genótipos em menores



densidades (SARGOLZAEI; CHESNAIS; SCHENKEL, 2014). A incorporação informações familiares (pedigree) (HAYES *et al.*, 2012) e a combinação de dados de diferentes raças (LARMER; SARGOLZAEI; SCHENKEL, 2014) permite melhores acurácias de imputação.

Para raças compostas, a adição de informações das raças fundadoras na imputação possibilita o aumento do número de animais com informações de painéis de alta densidade e proporciona avaliações genéticas mais confiáveis e com menor custo (VENTURA *et al.*, 2014). Desta forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a melhoria da acurácia de imputação em animais Canchim e do grupo genético MA com a incorporação de genótipos das raças fundadoras Nelore e Charolês.

### Material e Métodos

Utilizou-se genótipos de 285 animais da raça Canchim e 114 animais do grupo genético MA, cedidos pela Embrapa Pecuária Sudeste, localizada em São Carlos, SP. Como raças fundadoras, foram utilizados genótipos de 897 animais da raça Charolês e 809 animais da raça Nelore. Os animais foram genotipados com painel de alta densidade BovineHD BeadChip (HD), que apresentam 777.962 marcadores. Considerou-se apenas os cromossomos autossômicos e em posições conhecidas de acordo com o mapa ARS-UCD 1.2 (ROSEN *et al.*, 2020). Por meio do programa computacional PLINK v.1.9. foi realizado o controle de qualidade dos dados e foram excluídos SNPs e amostras com taxas de leitura inferior a 90%, SNPs com *minor allele frequency* inferior a 0,10% e SNPs com desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg inferiores a  $10^{-4}$ .

Construíram-se oito cenários de imputação, em que os genótipos de alta densidade foram reduzidos para a densidade do painel BovineSNP50 BeadChip (50K) com capacidade de 54.609 SNPs, apenas para a população alvo (Canchim e MA). As populações de referência permaneceram com genótipos em alta densidade (HD), alternando-se as raças (Tabela 1). Para a imputação, utilizou-se o algoritmo disponibilizado no programa FIMPUTE.

Tabela 1. Cenários de imputação considerando populações de referência com genótipos em alta densidade e populações alvo com genótipos de baixa densidade.

Cenário de imputação	População de referência	População alvo	
		CA	MA
C1	CA	-	x
C2	MA	x	-
C3	NE + CA	-	x
C4	NE + MA	x	-
C5	CH + CA	-	x
C6	CH + MA	x	-
C7	NE + CH + CA	-	x
C8	NE + CH + MA	x	-

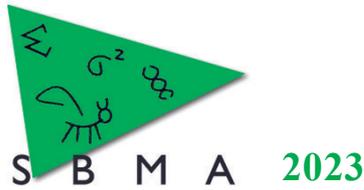
C1 a C8 = cenários; CA = Canchim; CH = Charolês; NE = Nelore; MA = grupo genético MA.

Determinou-se a acurácia de imputação por meio da taxa de concordância (TC) e quadrado de correlação ( $r^2$  alélico). Foram comparados os marcadores imputados com aqueles verdadeiros presentes no painel HD original e, em seguida, calculada a proporção de genótipos imputados corretamente, erroneamente e os não imputados, em que a taxa de concordância corresponde a proporção de genótipos imputados corretamente e o  $r^2$  alélico determinado pelo quadrado de correlação entre a contagem de alelos imputados e a contagem de alelos do genótipo original.

### Resultados e Discussão

Variações foram observadas quanto ao número de marcadores após o controle de qualidade de genótipos de cada cenário estudado (Tabela 2). Observou-se que nos cenários avaliados a medida de  $r^2$  alélico variou de 0,8764 (C2) a 0,9332 (C7) e a TC de 86,26% (C2) a 92,17% (C5). Essas variações caracterizam o C2 com menor acurácia em ambas medias testadas, e o C5 e C7 valores de acurácia mais elevados, mesmo com diferença mínima de 0,40% para a TC e 0,0015 para o  $r^2$  alélico.

Tabela 2. Número de animais das populações de referência (NPR), e de imputação (NPI) após o controle de qualidade de genótipos, taxa de concordância (TC) e  $r^2$  alélico ( $r^2$ ).



Cenário	NPR	NPI	SNPs HD*	SNPs 50K**	TC (%)	r <sup>2</sup>
C1	283	112	705272	39490	89,93	0,9080
C2	112	283	658480	39490	86,26	0,8764
C3	809	395	654258	35185	90,10	0,9148
C4	921	283	607043	35233	86,66	0,8812
C5	1180	112	635757	37969	92,17	0,9317
C6	1009	283	705567	40935	90,74	0,9192
C7	1989	112	306859	19748	91,77	0,9332
C8	1818	283	310726	20514	88,19	0,9021

C1 a C8 = cenários; C1 = CA x MA; C2 = MA x CA; C3 = NE + CA x MA; C4 = NE + MA x CA; C5 = CH + CA x MA; C6 = CH + MA x CA; C7 = NE + CH + CA x MA; C8 = NE + CH + MA x CA; CA = Canchim; CH = Charolês; NE = Nelore; MA = grupo genético MA; \*SNPs HD = *single nucleotide polymorphisms* em painel de alta densidade; \*\* SNPs 50K = *single nucleotide polymorphisms* em painel de média densidade.

Nos C5 e C7, verificou-se a maior acurácia em ambas as medidas testadas. Este resultado pode ser atribuído ao maior parentesco entre as populações de animais Canchim e do grupo genético MA. Tanto na formação da raça Canchim quanto no grupo MA, observou-se maior predominância das contribuições genéticas provenientes da raça Charolês. Buzanskas *et al.* (2017) estimaram a introgressão racial e constaram que em animais do grupo MA, houve uma contribuição genética de 24% de zebuínos e 76% de animais Charolês. Da mesma forma, em animais do grupo CA, foi observada contribuição de 27% de zebuínos e 73% de animais Charolês.

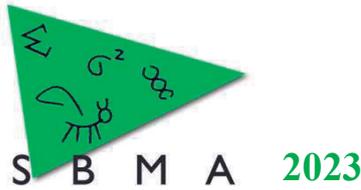
O C2 é caracterizado por apresentar uma população referência de menor tamanho em comparação aos demais cenários. Essa condição limita a capacidade de capturar toda a variação genética presente nos animais da raça Canchim na população imputada, resultando em baixa acurácia de imputação. Heidaritabar *et al.* (2016) afirmaram que a baixa acurácia pode ser atribuída às diferenças genéticas entre as raças envolvidas, desequilíbrio de ligação entre marcadores e *loci* de interesse, bem como ao tamanho inferior da população referência em relação a população imputada.

### Conclusão

A utilização de genótipos das raças fundadoras promove aumento na acurácia de imputação para os animais Canchim e MA. A inclusão da raça Charolês como parte da população referência, em conjunto com animais Canchim, resulta nos maiores ganhos de acurácia observados na imputação. A utilização de populações de referências multirraciais na imputação de genótipos pode reduzir os custos de genotipagem em raças compostas.

### Literatura citada

- BUZANSKAS, M. E. *et al.* **Study on the introgression of beef breeds in Canchim cattle using single nucleotide polymorphism markers.** PLOS ONE, v. 12, n. 2, p. e0171660, 2017.
- HAYES, B. J. *et al.* **Accuracy of genotype imputation in sheep breeds.** Animal Genetics, v. 43, n. 1, p. 323-330, 2007.
- HEIDARITABAR, M. *et al.* **Accuracy of genomic prediction using imputed whole-genome sequence data in white layers.** Journal of Animal Breeding and Genetics, v. 133, n. 3, p. 167-179, 2016.
- LARMER, S. G.; SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F. S. **Extent of linkage disequilibrium, consistency of gametic phase, and imputation accuracy within and across Canadian dairy breeds.** Journal of Dairy Science, v. 97, n. 5, p. 3128-3141, 2014.
- ROSEN, B. D. *et al.* **De novo assembly of the cattle reference genome with single-molecule sequencing.** GigaScience, v. 9, n. 3, p. 1-9, 2020.
- SARGOLZAEI, M.; CHESNAIS, J. P.; SCHENKEL, F. S. **A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives.** BMC Genomics, v. 15, n. 1, p. 478, 2014.
- VENTURA, R. V. *et al.* **Impact of reference population on accuracy of imputation from 6K to 50K single nucleotide polymorphism chips in purebred and crossbred beef cattle.** Journal of Animal Science, v. 92, n. 4, p. 1433-1444, 2014.



**Efeito de pai sobre a taxa de prenhez, taxa de perdas gestacionais e taxa de parto de novilhas expostas a reprodução aos 14 meses**

Otacílio Jarcem Escobar Junior<sup>1\*</sup>, Rogério Fonseca Guimarães Peres<sup>2</sup>, Tiago do Prado Paim<sup>3</sup>, Fernanda Bernardi Scheeren<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Agropecuária Nelore Paranã, Iaciara, Goiás, Brasil.

<sup>2</sup> FOCO Consultoria Pecuária, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil.

<sup>3</sup> Instituto Federal Goiano – Campus Rio Verde (IFGO), Rio Verde, Goiás, Brasil.

<sup>4</sup> Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Campus Jaboticabal (UNESP), Jaboticabal, Brasil.

\*Autor correspondente: otacilio.junior@agroneloreparana.com.br

**Resumo:** O desempenho reprodutivo de novilhas Nelore desafiadas aos 14 meses vem sendo largamente estudado, porém vários são os efeitos que atuam sobre tal. Neste sentido, o objetivo desse trabalho foi avaliar o efeito de pai na reprodução de novilhas desafiadas aos 14 meses de idade. Foi avaliado um banco de dados de 3.846 novilhas da raça Nelore filhas de 14 touros, que nasceram na estação 20/21 e foram desafiadas a reprodução com idade média de 14 meses na estação reprodutiva 21/22 (ER 21/22). Foi avaliada a taxa de prenhez final na ER 21/22 e taxa de perdas gestacionais após o diagnóstico final (DG final). Os dados foram analisados utilizando o programa estatístico R, considerando regressão logística com efeito fixo de pai e data de nascimento da novilha. Foi observado efeito de touro para a taxa de prenhez final ( $P=0.02$ ). Em relação ao ranqueamento dos touros, há uma forte correlação entre o parto e a probabilidade de a novilha parir precocemente ( $R=0.83$ ;  $P<0.05$ ), entre o DG final e a probabilidade de parir precoce ( $R=0.90$ ;  $P=0.05$ ) e entre o DG final e o parto ( $R=0.76$ ;  $P<0.05$ ). Touros superiores são capazes de melhorar a taxa de prenhez final e a taxa de parto precoce.

**Palavras-chave:** Genética, Novilhas, Reprodução, Pai

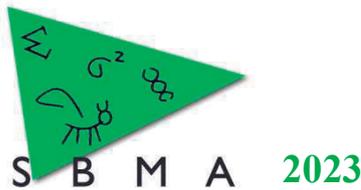
**Effect of bulls on performance in pregnancy rate and calving rate of their daughters when challenged early**

**Abstract:** The reproductive performance of Nelore heifers challenged at 14 months has been widely studied, but there are several effects that act on this. In this sense, the objective of this work was to evaluate the effect of the parents on the performance in the reproduction of heifers challenged at 14 months of age. A database of 3,846 Nelore heifers, born in the 20/21 season and challenged for reproduction at an average age of 14 months in the 21/22 breeding season (ER 21/22), was evaluated. These are daughters of 14 bulls. The final pregnancy rate was evaluated in the ER 21/22, and in the pregnancy loss rate after the final diagnosis (final DG). Data were analyzed using the R statistical program. A sire effect was observed for final pregnancy rate ( $P=0.02$ ), but no difference was observed between sires for pregnancy losses ( $P=0.28$ ). Regarding the ranking of bulls, there is a strong correlation between calving and the probability of the heifer calving early ( $R=0.83$ ;  $P<0.05$ ), between the final DG and the probability of calving early ( $R=0.90$ ;  $P=0.05$ ) and between final DG and delivery ( $R=0.76$ ;  $P<0.05$ ). Therefore, there is no sire effect on gestational losses, which can be influenced much more by the environment than by genetics, but superior sires are able to improve the final pregnancy rate, as well as the strong correlation in relation to the ranking of the sires. parents indicate the animals with superior performance within the herd.

**Keywords:** Genetics, Heifers, Reproduction, Bull

**Introdução**

O bom desempenho reprodutivo das fêmeas é um fator imprescindível para sucesso na produção pecuária. Atualmente, o bom desempenho reprodutivo tem sido caracterizado pela obtenção de intervalo entre partos de 12 meses e a primeira prenhez precoce aos 14 meses. A prenhez aos 14 meses aumenta a produção de bezerros ao longo da vida da fêmea, e eleva a quantidade de bezerros desmamados por área, além de proporcionar maior número de animais para seleção e reduzir o intervalo entre gerações. No entanto, têm sido observados uma alta taxa de perdas gestacionais nas novilhas emprenhadas aos 14 meses



e pouco se sabe sobre as causas e formas de controle dessas perdas. Provavelmente, essas perdas gestacionais estão relacionadas com causas multifatoriais, tendo relação com condições sanitárias, estresses ambientais, e fatores genéticos, considerando ainda a interação entre esses fatores. Assim, no presente trabalho, foi avaliado o efeito paterno sobre o desempenho reprodutivo de novilhas desafiadas aos 14 meses de idade.

#### Material e Métodos

Foi avaliado um banco de dados de uma propriedade localizada no nordeste goiano, onde essas informações foram provenientes de 3.846 novilhas da raça nelore filhas de 14 touros, que nasceram na estação 20/21 e foram desafiadas a reprodução com idade média de 14 meses na estação reprodutiva 21/22 (ER 21/22). Três parâmetros reprodutivos foram determinados: prenhez final na ER 21/22; as perdas gestacionais após o diagnóstico final; e o parto (novilhas que efetivamente pariram em relação as novilhas desafiadas). O resultado de cada parâmetro foi codificado como 0 (zero) para falha e 1 (um) para o sucesso para cada novilha avaliada.

Os dados foram analisados por regressão logística considerando o efeito fixo de grupo de contemporâneo (ano e mês de nascimento) e o efeito de pai. Para esta análise foi utilizada a função *glm* com a opção *family=binomial*. A função *anova()* foi utilizada para obter o p-value de cada um dos fatores fixos avaliados, sendo considerado significativo quando  $p < 0,05$ . A função *predict()* foi utilizada para obter a probabilidade de acordo com cada modelo para cada característica e para cada novilha. Probabilidade acima de 50% foi considerada como 1 e abaixo como 0, e a acurácia do modelo foi obtida pela proporção de acertos do predito em relação ao observado. A média de probabilidade de cada característica para cada pai foi obtida por quadrados mínimos e o Teste de Tukey foi aplicado para comparação de médias. Os pacotes MASS (Venables e Ripley, 2002), car (Fox e Weisberg, 2019), e emmeans (Lenth, 2023) no software R (R Core Team, 2022) foram utilizados para os modelos.

Para cada característica foi obtido o ranqueamento dos 14 touros considerando sempre o primeiro como o melhor para a característica e o 14º como o pior, ao final foi realizada análise de correlação do ranqueamento (spearman) utilizando a função *rcorr* do pacote Hmisc (Harrell 2023). A correlação foi calculada para avaliar se existe relação entre o ranqueamento dos touros para as três características.

#### Resultados e Discussão

Houve efeito de touro para a taxa de prenhez no DG final ( $P=0.02$ ), onde as filhas do Touro 1 apresentaram 68.6%, já para as filhas do Touro 10 a taxa ficou em 55.5%, uma diferença de 13.1% entre o melhor e o pior desempenho (dados apresentados na tabela 1). Assim como houve efeito de touro em relação a taxa de parto das novilhas ( $P < 0.001$ ), sendo o melhor desempenho expresso pelo Touro 1 (48.8%) e o pior pelo Touro 10 (34.2%). Em relação as perdas gestacionais, não houve efeito de touro sobre esta variável ( $P=0.28$ ) e a média permaneceu em torno de 18.2%, porém quando observamos, numericamente os resultados obtidos, há uma diferença de 14.2% entre a menor e a maior perda gestacional. Provavelmente, é necessário um número maior de informações para identificar o efeito de pai sobre as perdas gestacionais, uma vez que essas sofrem um forte efeito ambiental.

**Tabela 1.** Taxa de prenhez no diagnóstico final de gestação, perdas gestacionais do diagnóstico de gestação ao parto e o percentual de novilhas que realmente pariram, filhas de 14 touros diferentes, em relação ao desempenho reprodutivo e ao ranqueamento dos touros

Touros	Tx. DG final	% de Perdas	% Partos
Touro 1	68.6 <sup>a</sup>	14.0 <sup>a</sup>	48.8 <sup>a</sup>
Touro 2	63.9 <sup>ab</sup>	10.7 <sup>a</sup>	45.9 <sup>abc</sup>
Touro 3	65.0 <sup>ab</sup>	16.9 <sup>a</sup>	44.4 <sup>abc</sup>
Touro 4	65.6 <sup>ab</sup>	15.6 <sup>a</sup>	44.2 <sup>abc</sup>
Touro 5	62.1 <sup>ab</sup>	16.4 <sup>a</sup>	42.9 <sup>abc</sup>
Touro 6	62.6 <sup>ab</sup>	16.6 <sup>a</sup>	42.3 <sup>abc</sup>
Touro 7	60.7 <sup>ab</sup>	17.9 <sup>a</sup>	36.6 <sup>abc</sup>
Touro 8	61.2 <sup>ab</sup>	13.4 <sup>a</sup>	36.0 <sup>abc</sup>
Touro 9	61.7 <sup>ab</sup>	22.1 <sup>a</sup>	34.6 <sup>bc</sup>
Touro 10	55.5 <sup>b</sup>	21.1 <sup>a</sup>	34.2 <sup>c</sup>
Touro 11	58.4 <sup>ab</sup>	18.8 <sup>a</sup>	33.8 <sup>c</sup>
Touro 12	55.8 <sup>ab</sup>	24.9 <sup>a</sup>	33.6 <sup>bc</sup>
Touro 13	50.4 <sup>ab</sup>	24.3 <sup>a</sup>	33.6 <sup>abc</sup>
Touro 14	60.0 <sup>ab</sup>	22.7 <sup>a</sup>	32.2 <sup>abc</sup>

\*Letras diferentes na mesma coluna representam diferença estatística entre as médias ( $p < 0.05$ ) pelo teste de Tukey.

Em relação ao ranqueamento dos pais (Tabela 2), há uma forte correlação entre a probabilidade de prenhez precoce e probabilidade de parto ( $R=0.903$ ;  $P < 0.05$ ), e entre a probabilidade de parto e probabilidade de perdas gestacionais ( $R=0.837$ ;  $P < 0.05$ ). Isso demonstra que as filhas dos touros com alta probabilidade de prenhez ao final da gestação, também possuem baixa probabilidade de perdas gestacionais e consequentemente maiores probabilidades de parto precoce.

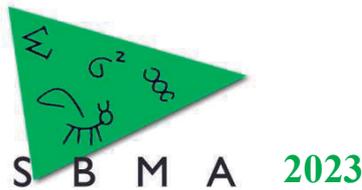
**Tabela 2.** Ranqueamento dos touros em relação ao diagnóstico final de gestação, as perdas gestacionais e ao parto de suas filhas desafiadas aos 14 meses de idade (ranqueados do melhor – 1 - ao pior - 14).

Touro	DG final	Perdas	Parto
T1	1	3	3
T2	4	1	1
T3	3	7	7
T4	2	4	4
T5	6	5	5
T6	5	6	6
T7	9	8	8
T8	8	2	2
T9	7	11	11
T10	13	10	10
T11	11	9	9
T12	12	14	14
T13	14	13	13
T14	10	12	12

Em relação a taxa de prenhez e ao parto, que houve efeito de touro, os desempenhos são afetados pela genética dos pais, pois o melhoramento genético tem buscado cada vez mais animais precoces, que aumentem sua produtividade, reduzindo o tempo improdutivo dentro do sistema (Silva et al., 2020). Isso tem um impacto direto sobre a intensidade de seleção do rebanho, bem como sua eficiência econômica.

### Conclusão

O efeito genético do touro são capazes de influenciar a taxa de prenhez final, além da quantidade de novilhas que realmente parem, e consequentemente aumentar a produção de bezerros desmamados. Os mesmos touros produzem filhas com maior probabilidade de prenhez e parto precoce, e menor probabilidade de perdas gestacionais.



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

**Literatura citada**

S.T. Reese, G.A. Franco, R.K. Poole, R. Hood, L. Fernandez Montero, R.V. Oliveira Filho, R.F. Cooke, K.G. Pohler. 2020. Pregnancy loss in beef cattle: A meta-analysis. *Animal Reproduction Science*. doi.org/10.1016/j.anireprosci.2019.106251.

João Barbosa da Silva Neto, Elisa Peripolli, Eliane Vianna da Costa e Silva, Rafael Espigolan, Juan Diego Rodríguez Neira, Gustavo Schettini, Luiz Carlos Cesar da Costa Filho, Fernanda Battistotti Barbosa, Gustavo Guerino Macedo, Ludmilla Costa-Brunes, Raysildo B. Lobo, Angelica Simone Cravo Pereira, Fernando Baldi. 2020. Genetic correlation estimates between age at puberty and growth, reproductive, and carcass traits in young Nelore bulls. *Livestock Science*. doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104266.

Venables, W. N. (2002). *Statistics complements to modern applied statistics with S* Fourth edition. (No Title).

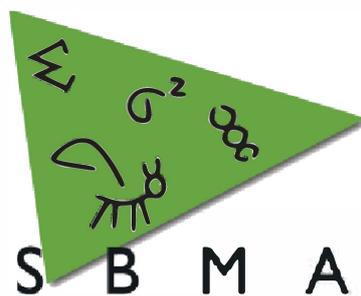
FOX, John; WEISBERG, Sanford. *An R companion to applied regression*. Sage publications, 2018. <<https://socialsciences.mcmaster.ca/jfox/Books/Companion/>>.

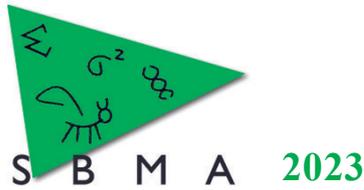
LENTH, Russell et al. *Estimated marginal means, aka Least-Squares Means*. R package version 1.2. <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>, 2018.

R CORE TEAM et al. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <http://www.R-project.org/>, 2016.

HARRELL, Frank E. et al. *Hmisc: harrell miscellaneous*. R package version, v. 3, n. 2, p. 437, 2008. <<https://CRAN.R-project.org/package=Hmisc>>.

# Bovinos de Leite





**Assinaturas de seleção em bovinos da raça Sindi provenientes do Brasil e Continente Asiático**  
Roney Teixeira da Silva<sup>1\*</sup>, Maria Victória Henrique Genuíno<sup>1</sup>, Jasmin Marques Rocha<sup>1</sup>, Giovanna Maria dos Santos Câmara<sup>1</sup>, Ana Beatriz Azevedo de Medeiros<sup>1</sup>, Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa<sup>1</sup>, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva<sup>2</sup>, Danísio Prado Munari<sup>3</sup>, Marcos Eli Buzanskas<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Areia, Paraíba, Brasil.

<sup>2</sup> Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil.

<sup>3</sup> Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV, UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

\*Autor correspondente: roneyteixeira.dasilva@gmail.com

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi identificar assinaturas de seleção presentes em animais da raça Sindi, oriundos do Brasil, utilizando como referência para a análise os genótipos de animais Sindi provenientes do continente Asiático e assim, caracterizar as variantes identificadas de acordo com sua associação aos fenótipos. Foram utilizados genótipos de 49 animais Sindi do Brasil e nove animais Sindi do Paquistão. Para a identificação das assinaturas de seleção foram utilizadas as metodologias XP-EHH (homozigose do haplótipo estendido entre populações) e o método Fst (índice de fixação de alelos). Após a obtenção dos valores de XP-EHH e Fst para cada SNP (“single nucleotide polymorphism”), foram construídas janelas com tamanho de 50kb para cada metodologia. Estas janelas continham os valores médios dos SNPs. Identificaram-se assinaturas de seleção que englobam os genes TREML1 e TREM2, associados à resistência aos carrapatos. Já o gene RAPI GAP foi relacionado ao estresse térmico. O gene U6 foi descrito como associado às características comportamentais e os genes EXOC2 e ADAMTS16 associados com características reprodutivas de fêmeas e machos, respectivamente. Concluiu-se que as assinaturas de seleção identificadas em animais Sindi do Brasil foram relacionadas à resistência a parasitas, características comportamentais e reprodutivas, indicando que houve fixação de alelos e que estes, provavelmente, permitiram à raça se adaptar às condições de produção brasileiras.

**Palavras-chave:** bovinos leiteiros, genômica, melhoramento animal, seleção artificial.

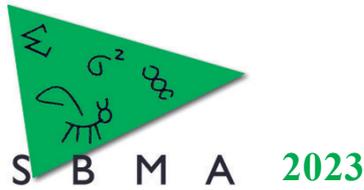
#### Selection signatures in Sindhi cattle from Brazil and Asian Continent

**Abstract:** The objective of this study was to identify selection signatures present in Sindhi animals from Brazil, using as reference for the analysis the genotypes of Sindhi animals from the Asian continent and thus characterize the identified variants according to their association with the phenotypes. Genotypes of 49 Sindhi animals from Brazil and nine Sindhi animals from Pakistan were used. To identify the selection signatures, the XP-EHH methodologies (extended haplotype homozygosity between populations) and the Fst method (allele fixation index) were used. After obtaining XP-EHH and Fst values for each SNP (“single nucleotide polymorphism”), windows with a size of 50kb were constructed for each method. These windows contained the mean values of the SNPs. The selection signatures encompassed the TREML1 and TREM2 genes, associated with tick resistance. The RAPI GAP gene was related to heat stress. The U6 gene has been described as associated with behavioral traits and the EXOC2 and ADAMTS16 genes associated with reproductive traits of females and males, respectively. It was concluded that the selection signatures identified in Sindhi animals from Brazil were related to resistance to parasites, behavioral and reproductive traits, indicating that there was fixation of alleles and that these probably allowed the breed to adapt to the Brazilian production system conditions.

**Keywords:** animal breeding, artificial selection, dairy cattle, genomics

#### Introdução

A raça Sindi, especializada na produção leiteira, é predominantemente encontrada em regiões subtropicais do Paquistão, sendo caracterizada por sua elevada rusticidade. No Brasil, o Sindi é utilizado para produção de leite em regiões semiáridas, podendo-se destacar sua capacidade de adaptação às condições climáticas e de baixa oferta de alimento de qualidade. A raça vem ganhando maior visibilidade



e interesse de produtores, sendo necessários estudos quantitativos e genômicos na busca de informações que auxiliem os programas de melhoramento genético.

A seleção artificial, além de estar relacionada à domesticação e formação das raças, é uma ferramenta utilizada para melhoria do desempenho e da produtividade nos rebanhos, podendo resultar em alterações nas frequências dos alelos de determinados genes que controlam uma variedade de características. O estudo de tais regiões, denominadas de assinaturas de seleção, só foi possível devido aos avanços estatísticos, da bioinformática e da genética molecular no desenvolvimento de plataformas de sequenciamento completo do genoma e da genotipagem em alta densidade, em que são utilizados os marcadores moleculares do tipo SNP (“single nucleotide polymorphism”).

Existem diversas ferramentas para a identificação de assinaturas de seleção, as quais irão determinar regiões que apresentem alelos fixos ou próximos à fixação, com alto desequilíbrio de ligação, com variabilidade local reduzida ou que apresentem haplótipos compartilhados. Tais regiões podem auxiliar na compreensão dos processos biológicos subjacentes aos fenótipos selecionados artificialmente e na identificação de mutações responsáveis pela divergência e caracterização populacional (SARAVANAN et al., 2020).

Assim, o objetivo deste estudo foi identificar assinaturas de seleção presentes em animais da raça Sindi, oriundos do Brasil, utilizando como referência para a análise os genótipos de animais Sindi provenientes do continente Asiático e assim, caracterizar as variantes identificadas de acordo com sua associação aos fenótipos

#### Material e Métodos

Nesse estudo, foram utilizados 49 animais Sindi do Brasil e nove animais Sindi do Paquistão. Os genótipos destes animais foram obtidos pela Embrapa Gado de Leite (Juiz de Fora/MG). Apenas cromossomos autossômicos e SNPs com posição conhecida no genoma, de acordo com a versão do genoma bovino referência ARS-UCD1.2, foram considerados. O controle de qualidade dos genótipos foi realizado para todo o conjunto de dados, ou seja, 58 animais Sindi, por meio do programa PLINK v.1.9, em que foram excluídos SNPs e amostras com “call rate” inferior a 90% e SNPs com “minor allele frequency” inferiores a 0,001. Em seguida, os genótipos foram separados de acordo com a origem dos dados e realizou-se a imputação dos genótipos faltantes por meio do programa BEAGLE v.3.3.2.

Para a identificação das assinaturas de seleção foram utilizadas as metodologias XP-EHH (homozigose do haplótipo estendido entre populações) e o método Fst (índice de fixação de alelos). Após a obtenção dos valores de XP-EHH e Fst para cada SNP, foram construídas janelas com tamanho de 50kb para cada metodologia. Estas janelas continham os valores médios dos SNPs. Para estudos posteriores, foram selecionadas as 40 janelas com maiores valores para cada metodologia.

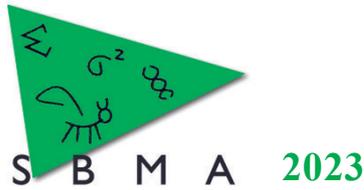
Os SNPs presentes nestas janelas foram consultados por meio da ferramenta BIOMART, presente no banco de dados ENSEMBL (<http://www.ensembl.org>) quanto ao seu posicionamento em regiões intragênica ou intergênicas. Consultou-se a literatura para identificar estudos que associassem os genes presentes em assinaturas de seleção com fenótipos de bovinos, caso contrário, buscou-se por estudos destes mesmo genes em outras espécies.

#### Resultados e Discussão

Neste estudo, foram avaliadas as assinaturas de seleção em animais Sindi oriundos do Brasil. Os animais Sindi do Paquistão foram utilizados como referência para a análise. Foram obtidas assinaturas de seleção a partir das metodologias XP-EHH e Fst e dentre os genes identificados (Tabela 1), os genes *TREML1* e *TREML2* foram associados à resistência à carrapatos em estações chuvosas e secas, sendo envolvidos com funções imunológicas (OTTO et al., 2018).

O gene *RAP1GAP* foi identificado em região de assinatura de seleção em bovinos Holandeses e foi relacionado ao estresse térmico em animais expostos a longos verões, quentes e úmidos, com chuvas abundantes e temperaturas superiores a 35°C (LIU et al., 2021). Estes resultados demonstram que estes genes corroboram com a rusticidade apresentada pelo Sindi, confirmando sua capacidade de adaptação às condições de produção do Brasil.

Alvarenga et al. (2022) identificaram que o gene *U6* foi associado às características comportamentais em animais da raça Angus. As características comportamentais têm sido cada vez mais



XV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Jataí, GO – 24 e 25 de Julho de 2023

avaliadas nos programas de melhoramento genético, pois são de grande interesse para os produtores. O comportamento do animal é relevante para a segurança dos trabalhadores, além de estar associado ao bem-estar e longevidade dos animais. Possui também relação com características de produtivas e, para a raça Sindi, busca-se animais de temperamento dócil e de fácil manejo na ordenha.

Tabela 1. Genes identificados em regiões de assinaturas de seleção em animais da raça Sindi provenientes do Brasil.

Metodologias	Genes
Fst	<i>AB11, PLEK2, PCSK2, DNAAF4, IRF4, C11H2orf50, RAB24, CCPG1, PAK6, ACBD5, MXD3, ROCK2, CD2AP, ENTPD1, IL1RL1, PRELID1, PIERCE2, FGFR4, TREM2, SLC66A3, PRICKLE2, U6, ZNF346, ADAMTS16, TREML1, NSD1, SHOC2, EXOC2, TMEM229B, ANKRD63, bta-mir-628, PIGB, OR5W39</i>
XP-EHH	<i>C18H16orf74, PAX5, RAP2A, RNF182, CCDC6, ADAM12, PTPRT, KLF10, GABRB1, ID2, MGST1, EMC8, GRK3, RBFOX2, CRISPLD2, ZNF683, GRM8, MDM1, CPNE4, SLC28A3, RAP1GAP, ANXA5, NAALADL2, C1GALT1, CLDN10, CRYBG2</i>

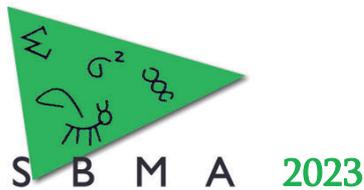
Na raça Holandesa, o gene *EXOC2* foi associado à taxa de concepção na primeira inseminação em novilhas, intervalo da primeira à última inseminação e intervalo do parto à primeira inseminação (LIU et al., 2017). Em machos, o gene *ADAMTS16* foi relacionado com funções reprodutivas em camundongos, sendo expresso nas gônadas em desenvolvimento e nos tratos reprodutivos e envolvido no desenvolvimento dos testículos (LIVERMORE et al., 2019).

### Conclusão

As assinaturas de seleção identificadas em animais Sindi do Brasil foram relacionadas à resistência a parasitas, características comportamentais e reprodutivas, indicando que houve fixação de alelos e que estes, provavelmente, permitiram à raça se adaptar às condições de produção brasileiras.

### Literatura citada

- ALVARENGA, A. B. et al. Genetic Modeling and Genomic Analyses of Yearling Temperament in American Angus Cattle and Its Relationship With Productive Efficiency and Resilience Traits. **Frontiers in Genetics**, v. 13, 2022.
- LIU, A. et al. Genome-wide Association Studies for Female Fertility Traits in Chinese and Nordic Holsteins. **Scientific Reports**, v. 7, n. 1, p. 8487, 2017.
- LIU, D. et al. Genome-wide selection signatures detection in Shanghai Holstein cattle population identified genes related to adaption, health and reproduction traits. **BMC Genomics**, v. 22, n. 1, p. 747, 2021.
- LIVERMORE, C. et al. Male mice lacking ADAMTS-16 are fertile but exhibit testes of reduced weight. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 17195, 2019.
- OTTO, P. I. et al. Genome-wide association studies for tick resistance in *Bos taurus* × *Bos indicus* crossbred cattle: A deeper look into this intricate mechanism. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 12, p. 11020–11032, 2018.
- SARAVANAN, K. A. et al. Selection signatures in livestock genome: A review of concepts, approaches and applications. **Livestock Science**, v. 241, n. 104257, 2020.



### Associações genéticas entre a razão gordura:proteína e características reprodutivas de vacas Holandesas no início da lactação

Denyus Augusto de Oliveira Padilha<sup>1\*</sup>, Suelen Fernandes Padilha<sup>1</sup>, Rafaela Martins<sup>1</sup>, Amauri Felipe Evangelista<sup>2</sup>, Altair Antônio Valloto<sup>3</sup>, Lenira El Faro Zadra<sup>4</sup>, Laila Talarico Dias<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Discente do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia (PPGZ), bolsista Capes, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

<sup>2</sup>Doutor em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

<sup>3</sup>Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa – APCBRH, Curitiba, PR, Brasil.

<sup>4</sup>Pesquisadora, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP, Brasil.

<sup>5</sup>Professor associado, Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Paraná, R. dos Funcionários, 1540 - Juvevê, 80035-050, Curitiba, PR, Brasil.

\*Autor correspondente: [denyusaugustp@gmail.com](mailto:denyusaugustp@gmail.com)

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi estimar a correlação genética entre a razão gordura:proteína (FPR) no início da lactação, idade ao primeiro parto (IPP), intervalos entre o primeiro e segundo parto (IPSP) e entre o segundo e terceiro parto (ISTP) em vacas Holandesas no estado do Paraná. Foram utilizados registros de 200.626 lactações (da primeira à terceira), de 96.054 vacas Holandesas, paridas entre 2012 e 2022, pertencentes ao banco de dados histórico da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa. Foram analisadas a FPR no dia do controle leiteiro até os 90 dias de lactação, a IPP, IPSP e ISTP. No modelo multicausal utilizado, considerou-se, como fixos, os efeitos dos grupos de contemporâneos (rebanho, ano e estação do controle para FPR; e rebanho, ano e estação de parto para IPP, IPSP e ISTP) e frequência de ordenha (duas ou três/dia), como covariáveis, o efeito linear da idade da vaca e dias em leite para FPR e idade linear da vaca ao parto para IPSP e ISTP e, como aleatórios, os efeitos genético aditivo direto e residual para todas as características e o ambiente permanente de animal para FPR. As correlações fenotípicas foram inferiores as genéticas para todas as análises. As associações genéticas variaram quanto ao sentido e magnitude, sendo mais forte entre FPR e ISTP (0,82±0,06). Portanto, a seleção para IPP resultará em resposta correlacionada para o aumento da FPR, o que pode ser desfavorável no início da lactação, pois além de impactar negativamente o equilíbrio metabólico no pós-parto, contribuirá para o aumento do intervalo entre partos.

**Palavras-chave:** bovinos leiteiros, correlação genética, período de transição.

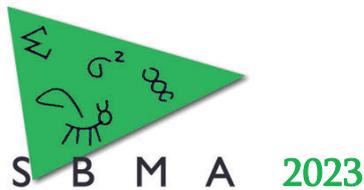
#### Genetic associations between fat:protein ratio and reproductive traits of Holstein cows in early lactation

**Abstract:** The aim of this study was to estimate the genetic correlation between fat:protein ratio (FPR) in early lactation, age at first calving (IPP), intervals between first and second calving (IPSP) and between second and third calving (ISTP) in Holstein cows in the state of Paraná. Records of 200,626 lactations (from the first to the third) of 96,054 Holstein cows, calved between 2012 and 2022, belonging to the historical database of the Paranaense Holstein Cattle Breed Association. The FPR on the day of dairy control up to 90 days of lactation, the IPP, IPSP and ISTP were analyzed. In the multitrait model used, the effects of contemporary groups (herd, year and season of control for FPR; and herd, year and calving season for IPP, IPSP and ISTP) and milking frequency (two or three/day), as covariates, the linear effect of cow age and days in milk for FPR and linear cow age at calving for IPSP and ISTP and, as random, direct and residual additive genetic effects for all traits and the animal's permanent environment for FPR. Phenotypic correlations were lower than genetic ones for all analyses. Genetic associations varied in direction and magnitude, being stronger between FPR and ISTP (0.82±0.06). Therefore, selection for IPP will result in a correlated response to the increase in RPF, which may be unfavorable in early lactation, as in addition to negatively impacting the metabolic balance in the postpartum period, it will contribute to an increase in the calving interval.

**Keywords:** dairy cattle, genetic correlation, transition period.

#### Introdução

O período de transição é uma fase crítica em rebanhos leiteiros, pois a mudança do final da gestação para o início da lactação pode levar ao balanço energético negativo (BEN) (Esposito et al., 2014). A



deficiência energética nesse período resulta em intensa mobilização de tecidos adiposos, o que leva ao aumento das concentrações de gordura no leite, também associada a ineficiente capacidade de processar no rúmen os carboidratos fermentáveis ingeridos, o que reduz o teor de proteína no leite e, consequentemente, aumenta a razão gordura:proteína (FPR) (Ranaraja et al., 2018). Quando o animal não consegue se adaptar de forma eficiente ao BEN, o desempenho reprodutivo pode ser comprometido, levando a maior FPR (Buaban et al., 2016).

Na literatura, estudos que comprovem a relação genética entre FPR, distúrbios metabólicos e reprodutivos são escassos. Com isso, estimar as correlações genéticas entre FPR com características reprodutivas permitirá a obtenção de informações relevantes para os programas de melhoramento de bovinos leiteiros. Diante disso, o objetivo deste estudo foi estimar a correlação genética entre FPR no início da lactação, idade ao primeiro parto, intervalos entre o primeiro e segundo parto e entre o segundo e terceiro parto em vacas Holandesas no estado do Paraná.

### Material e Métodos

Foram utilizados registros de 200.626 lactações (da primeira à terceira), de 96.054 vacas Holandesas, paridas entre os anos de 2012 e 2022, pertencentes ao banco de dados histórico da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH). Foram consideradas as informações da FPR avaliadas no dia do controle leiteiro, no período de 1 a 90 dias em leite, nas três primeiras lactações. A FPR foi calculada pela razão simples entre a porcentagem de gordura (PG) e porcentagem de proteína (PP) do leite. Além dessa informação, foram utilizadas as características reprodutivas: idade ao primeiro parto (IPP), intervalos entre o primeiro e segundo parto (IPSP) e entre o segundo e terceiro parto (ISTP).

A edição dos dados foi realizada pelo *software* RStudio 4.2.2 (R Core Team, 2022). Para IPP, foram considerados registros que estavam entre o intervalo de 630 e 1.000 dias e para IPSP e ISTP apenas informações entre 300 e 550 dias, restando 72.697 (IPP), 38.618 (IPSP) e 21.589 (ISTP) animais. Os grupos de contemporâneos (GCs) foram formados pelas variáveis: rebanho, ano e estação do controle para FPR e rebanho, ano e estação do parto para IPP, IPSP e ISTP. Foram eliminados das análises GCs com menos de 10 animais.

O modelo animal multicaracterísticas utilizado para estimar as correlações genéticas está apresentado a seguir:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \dots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & X_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \vdots \\ \beta_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \dots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & Z_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & \dots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & W_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ \vdots \\ p_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ \vdots \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que:  $\mathbf{y}$  é o vetor de observações das características (FPR, IPP, IPSP e ISTP);  $\boldsymbol{\beta}$  o vetor dos efeitos fixos de GCs e a frequência de ordenhas (duas ou três/dia) para todas as características; efeitos lineares da idade da vaca e dias em leite, como covariáveis para FPR, e o efeito linear de idade ao parto, como covariável, exclusivamente para IPSP e ISTP;  $\mathbf{a}$  o vetor do efeito genético aditivo;  $\mathbf{p}$  o vetor do efeito de ambiente permanente do animal apenas para FPR;  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$ ,  $\mathbf{W}$  as matrizes de incidência de  $\beta$ ,  $a$  e  $p$ , respectivamente e  $\mathbf{e}$  o vetor de resíduos.

Para composição da matriz de parentesco foram consideradas três gerações, o que resultou em 96.253 animais. Os componentes de (co)variância e as correlações genéticas e fenotípicas foram estimados por meio do *software* BLUPF90+ (Lourenço et al., 2022).

### Resultados e Discussão

As correlações genéticas e fenotípicas entre FPR e as características reprodutivas estão apresentadas na Tabela 1.

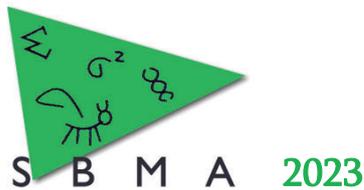


Tabela 1. Correlações genéticas (rg) e fenotípicas (rp), com os respectivos erros-padrão (ep), entre a razão gordura:proteína (FPR) no dia do controle leiteiro até os 90 dias em leite e características reprodutivas em vacas da raça Holandesa

<sup>1</sup> Características	Estimativas	
	rg±ep	rp±ep
FPR, IPP	-0,19 (0,01)	0,03 (0,003)
FPR, IPSP	0,53 (0,05)	0,03 (0,003)
FPR, ISTP	0,82 (0,06)	0,07 (0,004)

<sup>1</sup>IPP= idade ao primeiro parto (dias); IPSP= intervalo entre o primeiro e segundo parto (dias) e ISTP= intervalo entre o segundo e terceiro parto (dias).

Pela Tabela 1 pode-se observar que a correlação genética entre FPR e IPP foi negativa e de baixa magnitude (-0,19±0,01), evidenciando que a seleção para reduzir IPP resultará em maiores FPR, o que pode ser desfavorável. Na literatura não foram relatadas outras estimativas de associações genéticas diretas entre FPR e IPP.

As correlações genéticas de alta magnitude entre FPR com IPSP (0,53±0,05) e ISTP (0,82±0,06) sugerem que ao selecionar animais para menores IPP resultará, conseqüentemente, em maiores FPR e indiretamente, levará a intervalos entre partos (IEP) maiores, o que é indesejável. Resultados semelhantes foram relatados por Buaban et al. (2016) em rebanhos multirraciais tailandeses, que estimaram correlação genética positiva e alta entre FPR e IEP (entre 0,35±0,12 e 0,63±0,10) conforme o dia em leite (DEL), sendo que, a força da estimativa foi reduzindo com o aumento do DEL. Os autores concluíram que a redução de FPR resultará em menor IEP, e sugeriram que era necessário estabelecer um valor ótimo para não aumentar casos de acidose ruminal subaguda.

No entanto, considerando que os rebanhos analisados utilizam touros com habilidade predita de transmissão (PTA) para menor IPP, isso promoverá respostas correlacionadas desfavoráveis para FPR e, conseqüentemente, para IEP. Por outro lado, as correlações fenotípicas foram de baixa magnitude, entre a FPR e IPP (0,03±0,003), IPSP (0,03±0,003) e ISTP (0,07±0,004), indicando que, no início da lactação, as características não são relacionadas.

### Conclusão

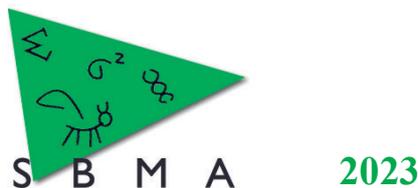
A seleção para idade ao primeiro parto resultará em resposta correlacionada para o aumento da razão gordura:proteína, o que pode ser desfavorável no início da lactação, pois além de impactar negativamente o equilíbrio metabólico no pós-parto, contribuirá para o aumento do intervalo entre partos.

### Agradecimentos

À Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa pela concessão dos dados para a realização deste trabalho e a CAPES pela bolsa de estudos.

### Literatura citada

- Buaban, S.; Duangjinda, M.; Suzuki, M.; Masuda, Y.; Sanpote, J.; Kuchida, K. Genetic Relationships of Fertility Traits with Test-Day Milk Yield and Fat-to-Protein Ratio in Tropical Smallholder Dairy Farms. **Animal Science Journal**, 2016, 87 (5), 627–637.
- Esposito, G.; Irons, P. C.; Webb, E. C.; Chapwanya, A. Interactions between Negative Energy Balance, Metabolic Diseases, Uterine Health and Immune Response in Transition Dairy Cows. **Animal Reproduction Science**, 144 (3–4), 60–71, 2014.
- Lourenço, D., Tsuruta, S., Aguilar, I., Masuda, Y., Bermann, M., Legarra, A., Misztal, I. Recent updates in the BLUPF90 software suite. In: Proceedings of the 12th world congress on genetics applied to livestock production, 36, 1–4, 2022.
- Ranaraja, U.; Cho, K.; Park, M.; Kim, S.; Lee, S.; Do, C. Genetic Parameter Estimation for Milk  $\beta$ -Hydroxybutyrate and Acetone in Early Lactation and Its Association with Fat to Protein Ratio and Energy Balance in Korean Holstein Cattle. **Asian-Australasian Journal of Animal**, 31 (6), 798–803, 2018.
- R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.



**Avaliação genômica do escore de células somáticas em animais da raça Holandesa em fazendas leiteiras de precisão**

Camila Sabino de Oliveira<sup>1\*</sup>, Izally Carvalho Gervásio<sup>1</sup>, Victor Pedrosa<sup>2</sup>, Luiz Fernando Brito<sup>3</sup>, Aline Silva Mello Cesar<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutoranda em Ciência Animal e Pastagens, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz (ESALQ), Piracicaba, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Diretor de Predição Genética, Neogen Corporation, Lincoln, Nebraska, Estados Unidos da América.

<sup>3</sup>Professor Associado, Genética e Genômica Quantitativa, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos da América.

<sup>4</sup>Professora Associada, Biologia Molecular e Genômica Funcional, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz (ESALQ), Piracicaba, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [camila.sabino@usp.br](mailto:camila.sabino@usp.br)

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi identificar regiões genômicas e genes candidatos associados à variabilidade de escore de células somáticas (SCS) com base em registros diários fornecidos por AMS sendo aplicada a metodologia ssGBLUP por um modelo de regressão aleatória. Foram utilizados dados de 4.118 vacas da raça holandesa genotipadas com chip de SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) comercial, em que os genótipos foram imputados para um conjunto de 72.820 SNPs. Para as análises de associação, foi utilizado um conjunto de 57.600 SNPs que passaram nos filtros de qualidade e dados de SCS, seguindo a metodologia ssGBLUP por um modelo de regressão aleatória por meio dos programas da família BLUPF90. Após o teste de associação foram consideradas significativas as janelas compostas por 20 SNPs que explicaram pelo menos 0,5% da variância genética total para cada coeficiente dos polinômios ortogonais de Legendre. A partir da localização genômica das janelas significativas foi realizada a busca e anotação dos genes presentes nestas janelas. Assim, neste estudo foram identificadas janelas genômicas associadas ao SCS nos cromossomos BTA 6 e BTA 15, regiões que contém genes candidatos que podem não estar diretamente ligados a SCS, mas pode-se reconhecer a importância de estudos de associação genômica para o conhecimento da arquitetura genética da população de bovinos leiteiros, especialmente com o uso da zootecnia de precisão, através de sistemas automatizados de ordenha.

**Palavras-chave:** bovinocultura de leite, ssGWAS, sistemas automatizados de ordenha.

**Genomic evaluation of somatic cell score (SCS) in Holstein animals in precision dairy farms**

**Abstract:** The objective of this work was to identify genomic regions and candidate genes associated with somatic cell score variability (SCS) based on daily records provided by AMS, applying the ssGBLUP methodology by a random regression model. Data from 4,118 Holstein cows genotyped with a commercial SNP (Single Nucleotide Polymorphism) chip were used, in which the genotypes were imputed to a set of 72,820 SNPs. For the association analyses, a set of 57,600 SNPs that passed the SCS quality and data filters was used, following the ssGBLUP methodology by a random regression model through the BLUPF90 family programs. After the association test, windows composed of 20 SNPs that explained at least 0.5% of the total genetic variance for each coefficient of the orthogonal Legendre polynomials were considered significant. From the genomic location of the significant windows, the search and annotation of the genes present in these windows was carried out. Thus, in this study, genomic windows associated with SCS were identified on chromosomes BTA 6 and BTA 15, regions that contain candidate genes that may not be directly linked to SCS, but one can recognize the importance of genomic association studies for understanding the architecture genetics of the dairy cattle population, especially with the use of precision zootechnics, through automated milking systems.

**Keywords:** dairy cattle, ssGWAS, automated milking systems.

**Introdução**

A pecuária de leite é uma significativa atividade econômica mundial e o Brasil, atualmente, é o quinto maior produtor (FAOSTAT, 2023). Buscando atender a demandas do mercado consumidor, têm sido adotadas novas tecnologias para o manejo dos animais, com o objetivo de melhorar a cadeia produtiva e o bem-estar. Cada vez mais conhecido, o termo “zootecnia de precisão” envolve o uso de sistemas automáticos para diversas finalidades; o sistema automático de ordenha (SAO, do inglês, Automatic Milking Systems - AMS) traz inúmeras vantagens ao produtor e ao melhoramento genético, já que torna possível a coleta contínua e precisa de registros individuais de cada animal do rebanho (Groher et al., 2020). Nesse contexto, a presença dos sensores no AMS permite a verificação de mastite clínica,

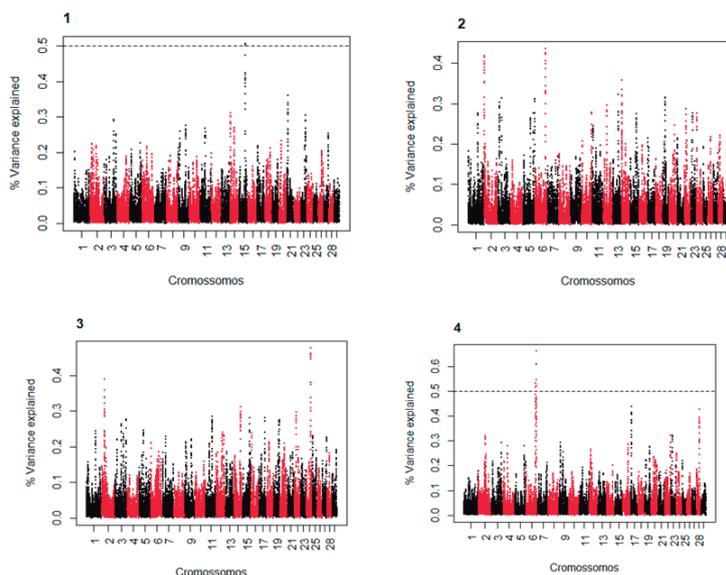
por meio da avaliação do escore de células somáticas (do inglês, *somatic cell score* - SCS). O objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar regiões genômicas e genes candidatos associados à variabilidade de escore de células somáticas com base em registros diários fornecidos por AMS sendo aplicada a metodologia ssGBLUP por um modelo de regressão aleatória.

### Material e Métodos

Foram utilizados dados de escore de células somáticas (SCS) de 4.118 vacas da raça holandesa, de acordo com os dados coletados no relatório do AMS (*Automatic milking systems*). Os animais foram genotipados utilizando chip comercial e os genótipos foram imputados e convergidos em painel de SNP (*Single Nucleotide Polimorphism*) disponível para um conjunto de 72.820 SNPs para todos os indivíduos. O controle de qualidade, excluiu aqueles SNPs com call rate abaixo de 0.9, não autossômicos (cromossomos sexuais), com alelo de menor frequência (MAF) < 0,05; com desequilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE)  $\leq 10^{-8}e$  (Misztal et al., 2018). Após o controle, o conjunto final de SNPs foi de 57.600, os quais foram considerados para as mensurações posteriores. Para as análises de associação, foi utilizada a metodologia ssGBLUP por um modelo de regressão aleatória, processando as análises por meio dos programas da família BLUPF90. Para identificar possíveis genes candidatos associados ao escore de células somáticas, os resultados foram pautados na porcentagem de variância aditiva total explicada por janela compostas por 20 SNPs adjacentes explicando pelo menos 0,5% da variância genética total, para cada coeficiente dos polinômios ortogonais de Legendre. Posteriormente, foi realizada a anotação dos genes para verificar identificar sua funcionalidade por meio da ferramenta BioMart do *Ensembl* versão 109 (Cunningham et al., 2022).

### Resultados e Discussão

No presente estudo, um método ssGBLUP foi utilizado para investigar as regiões genômicas e identificar genes candidatos responsáveis pelo escore de células somáticas. Os gráficos de Manhattan de variância genética aditiva total explicada por janelas móveis de 20 SNPs são relatados na Figura 1. Esses, por sua vez, foram plotados utilizando a variância genética total para cada coeficiente dos polinômios de Legendre (ordem 3 e grau 4). Dessa forma, a maior variância genética explicada por uma janela foi de 0,66% para SCS. No entanto, a maioria das janelas explicou menos de 0,5%, sendo apenas encontradas três regiões no cromossomo 15 com valores acima de 0,5% e sete regiões no cromossomo 6 com valores de 0,51 a 0,66% (Figura 1). As regiões genômicas associadas a SCS foram localizadas em dois cromossomos, 6 (de 103.056.415 a 103.405.065 pb, de 103.061.546 a 103.451.359 pb, de 108.225.240 a 108.910.274, de 109.022.523 a 109.835.444 pb) e 15 (de 58.925.799 a 59.589.919 pb), onde 7 são conhecidos e 3 não conhecidos (Tabela 1). Nesse contexto, as células somáticas do leite consistem em células secretoras de leite e células imunes (Buaban et al., 2022); mas, a maioria dos genes encontrados tem mecanismos indiretamente relacionados à SCS e não demonstraram influenciar a característica em estudos anteriores (Tabela 1). Por isso, foi realizado esse estudo exploratório pela porcentagem de variância total explicada para cada Polinômio de Legendre, para que em análises futuras sejam identificados genes candidatos e novas variantes para o escore de células somáticas.



**Figura 1.** Porcentagem da variância aditiva total explicada por cada janela genômica de 20 SNPs para cada coeficiente dos polinômios ortogonais de Legendre

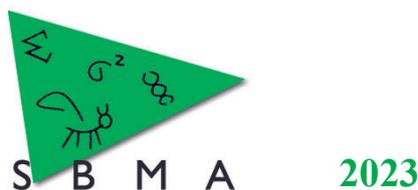


Tabela 1- Lista de genes anotados para a característica de SCS em bovinos leiteiros

Característica	CHR <sup>1</sup>	Gene	Gene start (pb <sup>2</sup> )	Gene end (pb)	Descrição Gene
SCS	6	<i>JAKMIP1</i>	103013174	1031169423	janus quinase e proteína de interação com microtúbulos 1
		ENSBTAG00000053771	103176664	103206055	
		ENSBTAG00000021729	103215398	1033100737	
		ENSBTAG00000049457	103327385	103388983	
	6	<i>CRMP1</i>	103327385	103388983	proteína mediadora de resposta à colapsina 1 Subunidade 1 do complexo ciliar EvC RAB28, membro da família onco RAS NK3 homeobox 2 biorientação dos cromossomos na divisão celular 1 como 1
	6	<i>EVC</i>	103394278	103497766	
	6	<i>RAB28</i>	108599906	108697973	
	6	<i>NKX3-2</i>	108753570	108757070	
	6	<i>BOD1L1</i>	108778999	108831026	
	15	<i>METTL15</i>	58806394	59021213	

<sup>1</sup>CHR: cromossomo; <sup>2</sup>pb: pares de base

### Conclusão

Foram encontrados genes candidatos que podem não estar diretamente ligados a SCS, mas pode-se reconhecer a importância de estudos de associação genômica para o conhecimento da arquitetura genética da população de bovinos leiteiros, especialmente com o uso da zootecnia de precisão, através de sistemas automatizados de ordenha.

### Agradecimentos

À Purdue University pelo fornecimento do banco de dados para a realização do presente trabalho. À CAPES, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela concessão da bolsa de estudos.

### Literatura citada

Buaban, S., Lengnudum, K., Boonkum, W., Phakdeedindan, P. 2022. Genome-wide association study on milk production and somatic cell score for Thai dairy cattle using weighted single-step approach with random regression test-day model. **Journal of Dairy Science**, 105(1), 468-494.

Cunningham et al. Ensembl. 2022. **Nucleic Acids Res.**, 2022, vol. 50 (1): D 988-D995. PubMed PMID:

FAO. Acesso em: 13 de jan. de 2023. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>

Groher, T.; Heitkämper, K.; Umstätter, C. 2020. Digital technology adoption in livestock production with a special focus on ruminant farming. **Animal**, [S. l.], v. 14, n. 11, p. 2404–2413.

Misztal, I., S. Tsuruta, D.A.L. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, Z. Vitezica .2018. Manual for **BLUPF90 family of programs**, University of Georgia.

**Estimativa de herdabilidade combinada para produção de embriões em bovinos: Meta-análise**

Alan Miranda Prestes<sup>1\*</sup>, Giovanni Luis Feltes<sup>2</sup>, Jaime Araújo Cobuci<sup>2</sup>, Alexandra Fabielle Pereira Viana<sup>2</sup>, Karine Aparecida Rodrigues de Souza<sup>2</sup>, Maiza Scheleski da Rosa<sup>2</sup>, Matheus Henrique Dal Bó Marin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade do Oeste de Santa Catarina, Xanxerê, SC, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.

\*Autor correspondente: [alan.prestes@unoesc.edu.br](mailto:alan.prestes@unoesc.edu.br)

**Resumo:** O objetivo desse trabalho é revisar e sumarizar o conhecimento já produzido sobre o efeito da genética aditiva na produção de embriões. Os dados foram coletados de artigos e resumos disponíveis no site Google Acadêmico e a edição e cálculo da herdabilidade combinada, erro padrão da herdabilidade combinada e dos fatores que afetam significativamente a herdabilidade foram realizados no software R. A característica com maior valor de herdabilidade combinada foi o número de oócitos  $0,29 \pm 0,068$ , seguida da herdabilidade combinada do número de embriões  $0,16 \pm 0,035$ , número de embriões viáveis  $0,14 \pm 0,039$ , número de embriões clivados  $0,15 \pm 0,13$  e número de embriões transferíveis  $0,11 \pm 0,095$ . Os fatores que afetam a herdabilidade para número de embriões e número de embriões viáveis são raça, método de transformação dos dados e número de doadoras. Para o número de oócitos somente o número de doadoras foi significativo e para as demais características não foi possível calcular devido a singularidade de alguns fatores. A herdabilidade para as características número de embriões, número de embriões viáveis e número de oócitos indicam que estas podem ser usadas em programas de seleção que ainda não utilizam estas características.

**Palavras-chave:** fertilização *in vitro*, oócitos, parâmetro genético, superovulação.

**Estimated combined heritability for bovine embryo production**

**Abstract:** The aim of this paper is to review and summarize the knowledge already produced about the effect of additive genetics on embryo production. Data were collected from articles and abstracts available on the Google Scholar website and editing and calculation of combined heritability, standard error of combined heritability, and factors that significantly affect heritability were performed in software R. The characteristic with the highest combined heritability value was the number of oocytes  $0.29 \pm 0.068$ , followed by the combined heritability of the number of embryos  $0.16 \pm 0.035$ , number of viable embryos  $0.14 \pm 0.039$ , number of cleaved embryos  $0.15 \pm 0.13$  and number of transferable embryos  $0.11 \pm 0.095$ . Factors affecting heritability for number of embryos and number of viable embryos are breed, data transformation method, and number of donors. For the number of oocytes only the number of donors was significant, and for the other characteristics it was not possible to calculate due to the uniqueness of some factors. The heritability for the traits number of embryos, number of viable embryos and number of oocytes indicates that they can be used in selection programs that do not yet use these traits.

**Keywords:** *in vitro* fertilization, oocytes, genetic parameter, superovulation.

**Introdução**

A utilização de técnicas de produção de embriões é uma forma de aumentar a disseminação de genética superior ao incrementar a taxa reprodutiva de fêmeas com alto valor genético. Essa técnica tem alto custo e grande variabilidade de resultado e, se parte dessa variabilidade tem origem genética aditiva, a seleção de animais pode ser usada para melhorar a resposta nos rebanhos.

Estimativas confiáveis de herdabilidade para características economicamente importantes são essenciais para melhorar a precisão dos valores genéticos em programas de melhoramento animal e em se tratando da área de melhoramento genético animal, existe um anseio de sumarizar o conhecimento produzido (GIANNOTTI et al., 2005). Esse conhecimento provém de diferentes países, raças e métodos de análise, para uma mesma característica ou grupo de características. Uma forma de realizar esse trabalho é através da técnica de metanálise, a qual combina resultados de diferentes estudos para aumentar o tamanho da amostra (KOOTIS et al., 1994), e assim tornar as estimativas mais confiáveis.

O objetivo desse trabalho é revisar e sumarizar o conhecimento já produzido sobre o efeito da genética aditiva nas características de produção de embriões, calcular a herdabilidade combinada e verificar quais fatores influenciam suas estimativas.

**Material e Métodos**

Foram coletadas e tabuladas informações de 14 artigos e 2 resumos (1995 até 2017) disponíveis no site Google Acadêmico. Foram incluídos na base de dados somente artigos e resumos que apresentaram

estimativa de herdabilidade e erro padrão. O tamanho de amostra variou de 56 a 59.153 doadoras, o número de coletas variou entre 235 e 145.611, sendo que as primeiras informações foram coletadas no ano de 1980 e as últimas em 2016. Os estudos são provenientes de nove países com a utilização de seis raças distintas.

As estimativas de herdabilidade foram derivadas dos métodos de máxima verossimilhança restrita e de inferência bayesiana usando modelo animal misto. Ao todo, foram coletadas estimativas de herdabilidade para 29 características relacionadas à produção de embriões porém, a grande maioria estava disponível em apenas um trabalho e assim foram excluídas. Com isso, cinco características foram selecionadas: número de embriões, número de embriões viáveis, número de oócitos, número de embriões clivados e número de embriões transferíveis.

Estas características podem ser divididas entre os embriões produzidos *in vivo* e *in vitro*. *In vivo*: número de embriões corresponde ao número total de embriões coletados após a fertilização *in vivo* na doadora, número de embriões viáveis corresponde ao número de embriões que após análise visual através de microscópio são considerados aptos a serem transferidos a uma receptora; *In vitro*: número de oócitos corresponde ao número total de gametas femininos coletados para fertilização *in vitro*, número de embriões clivados corresponde ao número de embriões produzidos por essa técnica e o número de embriões transferíveis corresponde aos embriões clivados que após análise visual através de microscópio são considerados aptos a serem transferidos a uma receptora.

As estimativas de herdabilidade coletadas na literatura foram usadas para calcular a herdabilidade combinada  $h_c^2$  para a característica  $i$  através da equação:  $h_{ci}^2 = \left[ \sum h_{ij}^2 / (EP h_{ij}^2)^2 \right] / \left[ \sum 1 / (EP h_{ij}^2)^2 \right]$ , em que  $h_{ij}^2$  é a estimativa de herdabilidade da característica  $i$  no estudo  $j$ , e  $EP h_{ij}^2$  é o erro padrão da herdabilidade estimada para a característica  $i$  no estudo  $j$ , e o erro padrão da herdabilidade combinada para a característica  $i$  foi calculado através da equação:  $EP(h_{ci}^2) = \left[ 1 / \sum (1 / (EP h_{ij}^2)^2) \right]^{0,5}$ .

Após obtidas as estimativas de herdabilidade combinada para essas características outra análise foi realizada para verificar alguns fatores que podem influenciar as estimativas através do modelo  $\hat{y}_{ijklm} = \mu + r_k + t_l + d_m + \varepsilon_{ijklm}$ , em que  $\hat{y}_{ijklm}$  representa a herdabilidade de uma dada característica,  $\mu$  representa a média geral,  $r_k$  representa o efeito da raça  $k$ ,  $t_l$  representa o efeito da transformação  $l$  o qual os dados do trabalho original foram submetidos,  $d_m$  representa o efeito do número de doadoras e  $\varepsilon_{ijklm}$  representa o erro aleatório associado a cada estudo.

O cálculo da herdabilidade combinada, erro padrão da herdabilidade combinada e dos fatores que afetam significativamente a herdabilidade foram realizados no software R (R CORE TEAM, 2017).

### Resultados e Discussão

Somente a  $h_c^2$  do número de oócitos é de valor médio, as demais são consideradas baixas (Tabela 1). De acordo com Perez et al. (2017) as características de produção de embriões apresentam valores médios e baixos. Nesse sentido, uma herdabilidade maior representa que o progresso genético será mais rápido para essa característica. Com isso, as características que responderá mais rapidamente a um programa de seleção será a de número de oócitos entretanto, as demais características não devem ser desconsideradas porque mesmo sendo consideradas baixas ainda indicam que uma parte do resultado de produção de embriões é influenciada pelos genes de efeito aditivo.

**Tabela 1.** Número de trabalhos, número de estimativas, herdabilidade combinada e erro padrão e média da herdabilidade e erro padrão para as características relacionadas a produção de embriões.

Característica	Número de trabalhos	Número de estimativas	$h_c^2$	$h_c^2$ média
Número de embriões	8	13	0,16±0,04	0,18±0,03
Número de embriões viáveis	4	12	0,14±0,04	0,16±0,04
Número de oócitos	6	14	0,29±0,07	0,25±0,09
Número de embriões transferíveis	4	7	0,11±0,10	0,08±0,08
Número de embriões clivados	2	5	0,15±0,13	0,14±0,10

$h_c^2$ : Herdabilidade combinada.

Em alguns casos, utilizar estimativas de herdabilidade combinada pode ser mais recomendável que as estimativas obtidas dentro de uma população porque estas estimativas podem ser mais precisas com o aumento do tamanho amostral (DEL CLARO et al., 2012; KOOTS et al., 1994).

A raça, o método de transformação dos dados e o número de doadoras foram fatores significativos ao nível de 5% para o número de embriões e número de embriões viáveis, e somente o número de doadoras foi significativo para o número de óocitos (Tabela 2). Não foi possível realizar a análise para número de embriões transferíveis e número de embriões clivados devido a singularidade de alguns fatores, por isso não foram demonstrados.

**Tabela 2.** Fatores que influenciam as estimativas de herdabilidade das características relacionadas a produção de embriões.

Fatores	p-valor		
	Número de embriões	Número de embriões viáveis	Número de óocitos
Raça	0,01	0,05	NS
Transformação	0,01	0,01	NS
Número de doadoras	0,01	0,05	0,05
R <sup>2</sup>	0,89	0,91	0,56

NS: Não significativo. R<sup>2</sup>: Coeficiente de determinação do modelo.

A raça afetou significativamente as estimativas de herdabilidade do número de embriões e embriões viáveis. Os trabalhos que utilizavam informações de mais de uma raça consideraram a raça como um efeito fixo, o que de acordo com os resultados dessa meta-análise é a metodologia mais adequada a ser empregada ao utilizar dados multirraciais. O método de transformação normalmente é usado para comparar as estimativas obtidas (JATON et al., 2016). Com isso, o resultado do presente estudo confirma que esses testes são necessários porque influenciam significativamente no valor da herdabilidade. O número de doadoras normalmente é único para cada trabalho entretanto, é um fator importante a ser considerado pois, estimativas com maior número de doadores tem menor erro padrão, sendo um fator interessante a ser considerado ao trabalhar com mais de uma população.

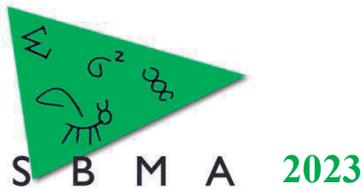
### Conclusão

As estimativas de herdabilidade combinada para o número de embriões e número de embriões viáveis podem ser usadas em programas de melhoramento que ainda não tenham registros suficientes para estimar de maneira confiável esse parâmetro genético em sua população.

### Literatura citada

- Del Claro, A.C., Mercadante, M.E.Z., Vasconcelos Silva, J.A. Meta-análise de parâmetros genéticos relacionados ao consumo alimentar residual e a suas características componentes em bovinos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, p. 302-310, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000200020>
- Giannotti, J.D.G., Packer, I.U., Mercadante, M.E.Z. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1173-1180, 2005. <https://doi.org/10.1590/s1516-35982005000400011>
- Jaton, C., Koeck, A., Sargolzaei, M., Malchiodi, F., Price, C.A., Schenkel, F.S., Miglior, F. Genetic analysis of superovulatory response of Holstein cows in Canada. **Journal Dairy Science**, v.99, n.5, p.3612-3623, 2016. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10349>
- Koots, K.R., Gibson, J.P., Smith, C., Wilton, J. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. I. Heritability. **Animal Breeding Abstracts**, v.62, p.309-338, 1994.
- Perez, B.C., Silva, F.F., Ventura, R. V., Bruneli, F.A.T., Balieiro, J.C.C., Peixoto, M.G.D.C. Count Bayesian models for genetic analysis of in vitro embryo production traits in Guzerá cattle. **Animal**, v.11, p.1440-1448, 2017. <https://doi.org/10.1017/s175173111700012x>

R Core Team. **A language and environment for statistical computing**. 2017.



## Estudos de associação genômica ampla para a tolerância ao estresse calórico na produção de leite em búfalas

Gabriela Stefani<sup>1\*</sup>; Mário Luiz Santana Júnior<sup>2</sup>; Lenira El Faro<sup>3</sup>; Humberto Tonhati<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, Brasil.

<sup>2</sup>Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso da UFR, Rondonópolis, Brasil.

<sup>3</sup>Instituto de Zootecnia - IZ, Centro de Pesquisas de Bovinos de Corte, Sertãozinho, Brasil.

\*Autor correspondente: gabriela.stefani@gmail.com

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi identificar SNPs associados a genes que tenham grandes efeitos na tolerância ao estresse calórico em búfalas leiteiras. Desta forma, estudamos 58.070 produções de leite no dia do controle de 3.459 primeiras lactações de búfalas, coletadas entre 1987 e 2018, pertencentes a 6 rebanhos (RN, SP e CE). Um total de 870 genótipos para 45.405 marcadores foram utilizados na análise. As variáveis climáticas foram combinadas em um índice de temperatura e umidade (THI). A estimativa dos valores genéticos para produção de leite no dia do controle ao longo dos valores de THI e dos dias em lactação foi realizada usando um modelo animal de regressão aleatória sob abordagens BLUP e ssGBLUP. A análise GWAS foi realizada para estimar os efeitos de cada SNP para o coeficiente de inclinação da norma de reação, que descreve a capacidade do animal de responder ao estresse térmico. Os resultados da análise GWAS foram apresentados com base na proporção da variância genética explicada por janelas de 5 SNPs adjacentes, sendo selecionadas as regiões que explicaram mais de 1% da variância da tolerância ao estresse térmico. Os marcadores associados à tolerância ao estresse calórico parecem estar próximos de genes com diferentes funções relacionadas à resposta a hormônios, a estímulos endógenos e a estímulos externos. Os genes *ESRRG*, *MYL9*, *SH3BGRL3*, *IGSF5* e *PCP4* são fortes candidatos à associação com tolerância ao calor na produção de leite.

**Palavras-chave:** estudos de associação genômica ampla, estresse calórico, regressão aleatória, predição genômica, índice de temperatura e umidade

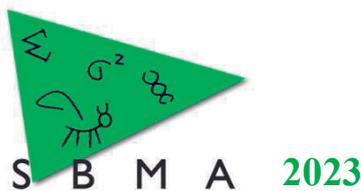
### Genome-wide association studies for heat stress tolerance in milk yield in buffaloes

**Abstract:** The aim of this study was to identify SNPs associated with genes that have large effects on heat tolerance. Thus, we studied 58,070 test-day milk yields of 3,459 first lactations, collected between 1987 and 2018, belonging to 6 herds. A total of 870 genotypes for 45,405 markers were used in the analysis. The climatic variables were combined into a temperature and humidity index (THI). The estimation of breeding values for test-day milk yield over the THI values and days in milk was performed using a genomic and a pedigree-based random regression animal models. The GWAS analysis was performed to estimate the effects of each SNP for the slope coefficient of the reaction norm, which describes the animal's ability to respond to heat stress. The results of the GWAS analysis were presented based on the proportion of genetic variance explained by windows of 5 adjacent SNPs, and the regions that explained more than 1% of the variance of tolerance to heat stress were selected. Markers associated with tolerance to heat stress appeared to be close to genes with different functions related to hormone response, endogenous stimuli and external stimuli. The *ESRRG*, *MYL9*, *SH3BGRL3*, *IGSF5* and *PCP4* genes are strong candidates for association with heat tolerance in milk yield.

**Key-words:** genome-wide association study, heat stress, random regression, genomic prediction, temperature-humidity index

### Introdução

Búfalos são animais reconhecidamente rústicos e bem adaptados à climas tropicais adversos. No entanto, há relatos na literatura de que esses animais mostram sinais de sofrimento quando expostos à elevadas temperaturas e radiação solar, pois absorvem uma grande quantidade de radiação solar através de sua pele escura e pelagem escassa, além de sua reduzida capacidade de transpiração. O estresse calórico é definido como o estado que provoca desequilíbrio no organismo do animal como resposta às condições ambientais desfavoráveis, causando uma redução na eficiência da produção de leite. O índice de temperatura e umidade (THI) permite quantificar a influência negativa do estresse térmico sobre as características de produção, e, aliado a modelos de norma de reação, permite inferir sobre o mérito genético dos animais para tolerância ao estresse calórico.



A seleção de animais geneticamente tolerantes ao calor permite manter a alta produtividade e capacidade de sobrevivência quando expostos a condições de estresse calórico, podendo tornar-se uma meta importante para programas de melhoramento genético. A avaliação genômica através do método ssGBLUP aliado a um modelo de regressão aleatória permite a caracterização de fenótipos complexos e a identificação de genes candidatos em proximidade ou desequilíbrio de ligação com marcadores associados à capacidade de tolerar o estresse calórico por meio de estudos de associação genômica ampla (GWAS), o que pode facilitar a seleção de animais geneticamente tolerantes ao calor. Apesar da importância do assunto, não há relatos de estudos de mapeamento de genes candidatos sob uma estrutura de norma de reação genômica em búfalos. Com isso, o objetivo deste estudo foi identificar marcadores SNP associados a genes que têm grandes efeitos na tolerância ao calor na produção de leite utilizando um modelo de regressão aleatória e abordagem ssGBLUP ponderada.

#### Material e Métodos

Os dados fenotípicos e genotípicos utilizados nesse estudo foram fornecidos pelo Departamento de Zootecnia da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP de Jaboticabal. Foram estudadas 58.070 produções de leite no dia do controle provenientes de 3.459 primeiras lactações de búfalas, coletadas entre 1987 e 2018. Genótipos de 870 animais contendo informações de 45.405 SNPs (Affymetrix / ThermoFisher Scientific, Santa Clara, CA) também foram utilizados na análise. Essas informações foram coletadas de animais pertencentes a seis rebanhos distribuídos em três estados brasileiros (RN, SP e CE) e criados predominantemente a pasto e em regiões caracterizadas por climas tropicais úmidos e semi-áridos. Os dados meteorológicos foram fornecidos pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). As variáveis temperatura diária de bulbo seco e umidade relativa do ar foram combinadas em um índice (THI) usando a equação descrita por NRC (1971).

A estimativa dos valores genéticos (EBV) e genômicos (GEBV) para produção de leite no dia do controle ao longo dos valores de THI e dos dias em lactação (DEL) foi realizada usando um modelo animal de regressão aleatória sob as abordagens BLUP e ssGBLUP. As curvas fixas, genéticas aditivas e de ambiente permanente foram modeladas por Polinômios de Legendre de 1ª e 3ª ordens para DEL e THI, respectivamente. Os efeitos fixos incluídos no modelo foram os grupos de contemporâneas, frequência de ordenha, regressão fixa para DEL aninhado com rebanho, regressão fixa do efeito linear de THI aninhado com DEL e a covariável idade ao primeiro parto com efeitos linear e quadrático. Foram consideradas 6 classes de variância residual. As avaliações genéticas foram realizadas por meio do programa Gibbs3F90 (Misztal et al., 2002), com um total de 1.000.000 iterações, burn-in de 600.000 e intervalo amostral de 30 iterações.

O software PostGSf90 (Aguilar et al., 2014) foi usado para estimar os efeitos SNP para o coeficiente de inclinação da norma de reação. Duas iterações foram realizadas para estimar a variância genética explicada por janelas de 5 SNP adjacentes, para a prospecção de potenciais regiões do genoma com maiores efeitos na tolerância ao estresse térmico. Um limite de 1,0% da variância genética total explicada por cada janela genômica foi usado para definir as regiões genômicas importantes associadas à característica.

O genoma de referência UOA WB v. 1 foi usado para procurar genes candidatos potencialmente associados aos SNPs selecionados. Para identificar os genes foi utilizada a ferramenta Genome Data Viewer do genoma do búfalo, disponível no site do NCBI. Os genes mapeados em 200 kb acima ou abaixo dos SNPs importantes foram considerados para capturar as regiões regulatórias e funcionais próximas aos SNPs.

#### Resultados e Discussão

No geral, a maioria das regiões genômicas explicou uma pequena (< 1%) proporção da variância genética aditiva total, indicando que a tolerância ao estresse calórico é uma característica poligênica (Figura 1). A avaliação das regiões genômicas candidatas permitiu identificar vários genes que, interessadamente, estão associados à resposta a hormônios, a estímulos endógenos e a estímulos externos. O *ESRRG* é um receptor de hormônio esteroide e desempenha um papel crítico na termogênese (Ahmadian et al., 2018), estando associado à resposta a ambientes altamente estressantes em estudos com galinhas (Gu et al., 2020), e também associado com características de produção de leite em búfalos (De Camargo et al., 2015). O gene *MYL9*, está associado aos efeitos imunomoduladores do estresse calórico em estudos com vacas (Wang et al., 2021) e galinhas (Monson et al., 2018). O gene *SH3BGRL3*, foi identificado em associação com vacas tolerantes ao calor em resposta ao estresse calórico (Garner, 2017). O *IGSF5* está associado a funções reprodutivas. Uma alteração no padrão de expressão do *IGSF5* (Seibert, 2018), além de uma associação à função placentária (Zhao et al., 2021), foi identificada em porcas prenhes sob estresse calórico. O *PCP4* funciona como um modulador da ligação do cálcio pela calmodulina. A via de sinalização cálcio /

calmodulina medeia a resposta ao estresse térmico e a aquisição de termotolerância em plantas (Wu & Jinn, 2012). Também está associado a diferenças do estado inflamatório durante o estresse calórico em vacas leiteiras (Shahzad et al., 2015).

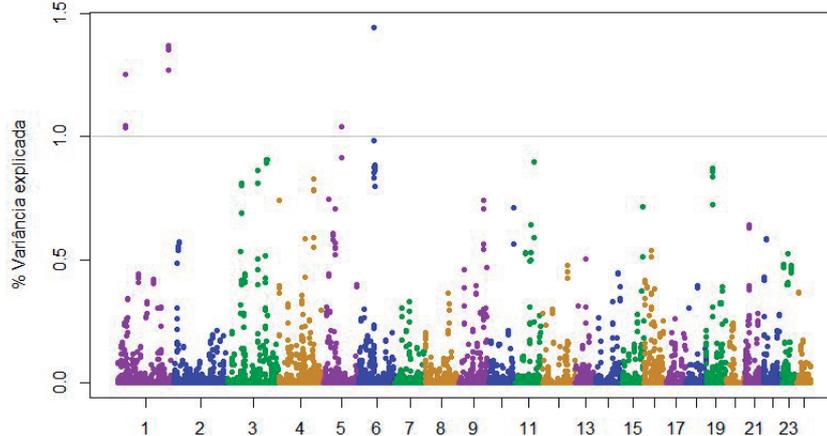


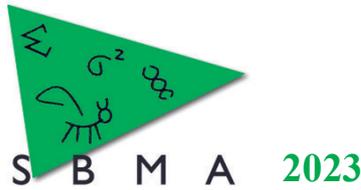
Figura 1. Porcentagem da variância genética aditiva do coeficiente de inclinação explicada por uma janela de 5 SNPs adjacentes para a produção de leite no dia do controle. No eixo x, as cores representam os cromossomos; o eixo y representa a contribuição dos marcadores; a linha horizontal cinza é o limiar (top 1,0%).

#### Conclusão

Vários genes envolvidos na resposta a hormônios, a estímulos endógenos e a estímulos externos foram identificados nas regiões genômicas candidatas, e os genes *ESRRG*, *MYL9*, *SH3BGRL3*, *IGSF5* e *PCP4* são fortes candidatos à associação com tolerância ao estresse calórico na produção de leite.

#### Literatura citada

- Aguilar, Ignacio, Ignacy Misztal, Shogo Tsuruta, Andres Legarra, e Huiyu Wang. “PREGSF90–POSTGSF90: computational tools for the implementation of single-step genomic selection and genome-wide association with ungenotyped individuals in BLUPF90 programs”. Em *10. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*. American Society of Animal Science, 2014.
- Ahmadian, Maryam, Sihao Liu, Shannon M. Reilly, Nasun Hah, Weiwei Fan, Eiji Yoshihara, Pooja Jha, C. Daniel De Magalhaes Filho, Sandra Jacinto, e Andrew V. Gomez. “ERRγ preserves brown fat innate thermogenic activity”. *Cell reports* 22, nº 11 (2018): 2849–59.
- De Camargo, G. M. F., Rusbel Raul Aspilcueta-Borquis, M. R. S. Fortes, R. Porto-Neto, Diercles Francisco Cardoso, D. J. A. Santos, S. A. Lehnert, A. Reverter, S. S. Moore, e Humberto Tonhati. “Prospecting major genes in dairy buffaloes”. *BMC genomics* 16, nº 1 (2015): 1–14.
- Garner, Josephine Beatrice. “The physiology and functional genomics of the heat stress response in dairy cattle”, 2017.
- Gu, Jingjing, Qiqi Liang, Can Liu, e Sheng Li. “Genomic analyses reveal adaptation to hot arid and harsh environments in native chickens of China”. *Frontiers in genetics* 11 (2020).
- Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, Tom Druet, e D. H. Lee. “BLUPF90 and related programs (BGF90)”. Em *Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production*, Vol. 28, 2002.
- Monson, Melissa S., Angelica G. Van Goor, Christopher M. Ashwell, Michael E. Persia, Max F. Rothschild, Carl J. Schmidt, e Susan J. Lamont. “Immunomodulatory effects of heat stress and lipopolysaccharide on the bursal transcriptome in two distinct chicken lines”. *BMC genomics* 19, nº 1 (2018): 1–15.
- NRC. *National Research Council - A guide to environmental research on animals*. National Academies, 1971.
- Seibert, Jacob Todd. “Investigating the interplay of physiological and molecular mechanisms underpinning programmable aspects of heat stress in pigs”. PhD Thesis, Iowa State University, 2018.
- Shahzad, K., H. Akbar, M. Vailati-Riboni, L. Basirico, P. Morera, S. L. Rodriguez-Zas, A. Nardone, U. Bernabucci, e J. J. Lóor. “The effect of calving in the summer on the hepatic transcriptome of Holstein cows during the peripartur period”. *Journal of dairy science* 98, nº 8 (2015): 5401–13.
- Wang, Jian, Yang Xiang, Shisong Jiang, Hongchang Li, Flurin Caviezel, Suporn Katawatina, e Monchai Duangjinda. “Involvement of the VEGF signaling pathway in immunosuppression and hypoxia stress: analysis of mRNA expression in lymphocytes mediating panting in Jersey cattle under heat stress”. *BMC veterinary research* 17, nº 1 (2021): 1–14.
- Wu, Hui-Chen, e Tsung-Luo Jinn. “Oscillation regulation of Ca<sup>2+</sup>/calmodulin and heat-stress related genes in response to heat stress in rice (*Oryza sativa* L.)”. *Plant signaling & behavior* 7, nº 9 (2012): 1056–57.
- Zhao, Weicheng, Fan Liu, Christina D. Marth, Mark P. Green, Hieu H. Le, Brian J. Leury, Alan W. Bell, Frank R. Dunshea, e Jeremy J. Cottrell. “Maternal Heat Stress Alters Expression of Genes Associated with Nutrient Transport Activity and Metabolism in Female Placentae from Mid-Gestating Pigs”. *International journal of molecular sciences* 22, nº 8 (2021): 4147.



**Frequências alélicas e genotípicas do gene CSN-2 em população de gado leiteiro em cinco municípios do Estado do Tocantins.**

Jorge Luís Ferreira<sup>1\*</sup>, Evelyn Gabrielle Braga<sup>2</sup>, Matheus Henrique Dias Rodrigues<sup>3</sup>, Fernanda Carolina Rotta Cristino Fioravante<sup>3</sup>, Aryostenes Ferreira<sup>2</sup>, Rodolfo Olinto Rotoli Garcia Oliveira<sup>4</sup>, Beatriz de Melo Natividade<sup>2</sup>, Ana Lúcia Elias Santos Pinto<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Centro de Ciências Agrárias, Campus de Araguaína, Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), Araguaína, Tocantins, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Centro de Ciências Agrárias, Campus de Araguaína, Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), Araguaína, Tocantins, Brasil.

<sup>3</sup>Programa de Pós-graduação em Sanidade Animal e Saúde Pública nos Trópicos, Centro de Ciências Agrárias, Campus de Araguaína, Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), Araguaína, Tocantins, Brasil.

<sup>4</sup>Mestre em Sanidade Animal e Saúde Pública nos Trópicos, Médico Veterinário, OLVET Serviços Veterinários, Araguaína, Tocantins, Brasil.

\*Autor correspondente: [jlferreira@mail.uft.edu.br](mailto:jlferreira@mail.uft.edu.br)

**Resumo:** O presente estudo objetivou a verificação de frequências alélicas e genotípicas dos genes da  $\beta$ -caseína em população de gado leiteiro no norte do estado do Tocantins. Para tanto, foram selecionados cinco rebanhos pertencentes às cidades de Araguaína, Arapoema, Araguatins, Colinas do Tocantins e Palmas, totalizando 1.109 animais do tipo gado leiteiro, cruzados e/ou da raça Gir leiteiro. As amostras para dois marcadores das regiões polimórficas foram caracterizadas e confirmadas por PCR em tempo real, usando um sistema de detecção de sequências ABI Prism® 7500 (Applied Biosystems). As frequências alélicas e genotípicas foram determinadas utilizando o sistema de detecção TaqMan™, no qual o primer e a sonda emitem diferentes sinais de fluorescência para cada alelo do polimorfismo. As frequências observadas apontaram maior prevalência para o alelo A2 (72,59%) em relação ao alelo A1 (27,41%). Considerando a constituição genotípica dos animais, obteve-se maior correspondência para A2A2 (54,55%) quando comparado a A1A1 (9,38%) e A1A2 (36,06%). Denota-se um futuro promissor para o desenvolvimento de atividades econômicas voltadas à produção de leite tipo-A2 na região norte do estado do Tocantins.

**Palavras-chave:** BETA CASEÍNA A1, BETA CASEÍNA A2, BOVINO LEITEIRO, TOCANTINS.

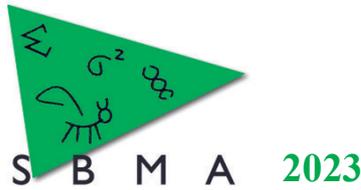
**Allelic and genotypic frequency for milk beta-casein in milk cattle raised in the Tocantins, Brazil.**

**Abstract:** The present study aims to verify the allele and genotypic frequencies of the  $\beta$ -casein genes in a dairy cattle population in the north of the state of Tocantins. For this purpose, five herds belonging to the cities of Araguaína, Arapoema, Araguatins, Colinas do Tocantins and Palmas were selected, totaling 1,109 dairy cattle, crossbreeds, and/or dairy Gir cattle. Samples for two polymorphic region markers were confirmed by real-time PCR using an ABI Prism® 7500 sequence detection system (Applied Biosystems). Allele and genotype frequencies were determined using the TaqMan™ detection system, in which the primer and probe emit different fluorescence signals for each allele of the polymorphism. The observed frequencies indicated a higher prevalence for the A2 allele (72.59%) than the A1 allele (27.41%). Considering the genotypic constitution of the animals, a greater correspondence was obtained for A2A2 (54.55%) when compared to A1A1 (9.38%) and A1A2 (36.06%). It denotes a promising future for the development of economic activities aimed at the production of type-A2 milk in the northern region of the state of Tocantins.

**Keywords:** BETA CASEIN A1, BETA CASEIN A2, DAIRY CATTLE, TOCANTINS.

**Introdução**

O leite bovino possui diversos grupos proteicos, que podem ser subdivididos em Alpha S1 e S2, Kappa e Beta caseína (HANUSOVÁ et al., 2010). A fração beta apresenta duas manifestações, a  $\beta$ -caseína A1 e a  $\beta$ -caseína A2. O que diferencia essas duas variantes genéticas é a substituição de apenas um aminoácido na posição 67 dos 209 aminoácidos que compõem esta proteína. A  $\beta$ -caseína A1 apresenta um resíduo de histidina (His67), enquanto a  $\beta$ -caseína A2 possui um resíduo de prolina (Pro67) (NGUYEN et



al., 2015). A atividade leiteira no Estado do Tocantins é caracterizada por pequenos rebanhos e grande número de unidades, oriunda principalmente de produtores da agricultura familiar, que correspondem a 60% da produção, com produção de 109 milhões de litros de leite por ano (SIDRA, 2020). Assim, o presente estudo objetivou verificar as frequências alélicas e genotípicas para a expressão de  $\beta$ -caseína, A1 e A2, em rebanhos leiteiros do norte do estado do Tocantins.

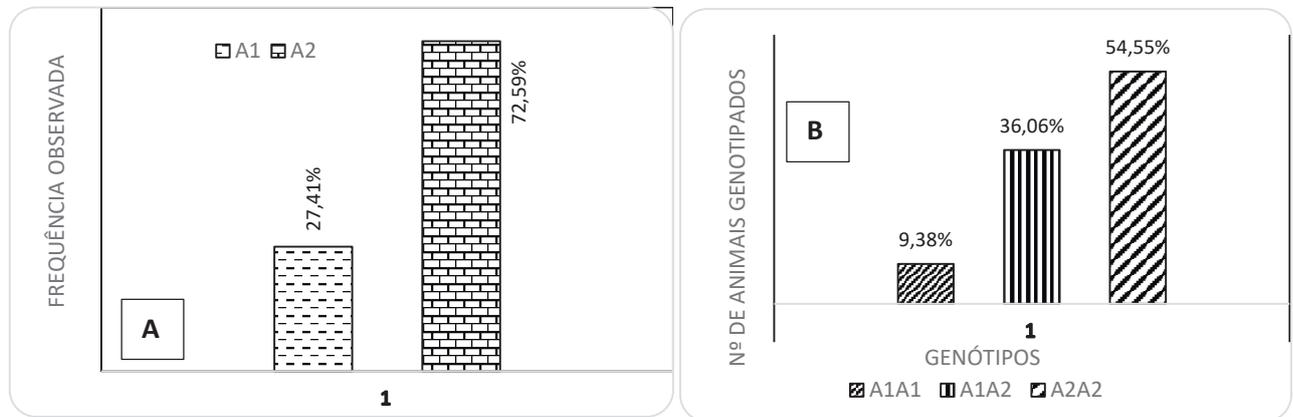
#### Material e Métodos

Esse experimento foi aprovado pelo Comitê de Ética em Experimentação Animal (CEUA) da Universidade Federal do Tocantins sob protocolo nº 23.101.002.456/2020-23. A população amostral foi composta por 1.109 animais caracterizados como tipo leiteiro provenientes de cinco propriedades rurais localizadas nos municípios de Araguaína, Arapoema, Araguatins, Colinas do Tocantins e Palmas. O perfil produtivo das propriedades corresponde a granjas leiteiras de médio porte com produção média de 700 litros diários. Os animais, em sua maioria, eram provenientes de animais cruzados e/ou da raça Gir leiteiro. O período de coleta das amostras para genotipagem foi de agosto de 2020 a setembro de 2022, em que foram coletadas amostra de pelos da vassoura da cauda (aproximadamente 80), contendo folículo piloso para extração de material genético.

As amostras foram acondicionadas em envelope lacrado devidamente identificados e, a extração de DNA realizada no Laboratório de Melhoramento Animal (LMA) do curso de Medicina Veterinária, da Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), utilizando-se o kit EXTRACTA 96 de DNA de pelo (Loccus, Cotia, São Paulo, Brasil) de acordo com as instruções do fabricante. Os primers e sondas foram desenhados baseados na sequência do gene da beta-caseína de bovinos (gene CSN2) ID 281099 (GenBank, NCBI), conforme descrito por Giglioti et al (2020). As frequências alélicas e genotípicas foram determinadas usando o sistema de detecção TaqMan™. A reação em cadeia pela polimerase (PCR) em tempo real foi estabelecida para um volume de 10  $\mu$ L sendo composta de 20 ng de DNA genômico, 0,25  $\mu$ L Assay Mix® (Applied Biosystems), e 5,0  $\mu$ L Taqman® Master Mix Universal PCR (Applied Biosystems). A reação foi realizada em termociclador QuantStudio 12K (Applied Biosystems), sob as seguintes condições: 95 °C por 10 min, seguido por 45 ciclos de desnaturação a 92 °C por 15 segundos e anelamento a 60 °C por 1 minuto, e por fim 60 °C por 30 segundos.

#### Resultados e Discussão

Ao analisar a composição genética dos 1.109 animais estudados (Gráfico 1A), observou-se uma predominância do alelo A2 em detrimento do alelo A1, 72,59% e 27,41% respectivamente. Além disso, denota-se favorável pressão de seleção para a característica analisada tendo em vista a alta frequência observada do gene A2. Observou-se também que 104 animais (9,38%) apresentavam genótipo A1A1, 400 (36,06%) correspondiam a A1A2, enquanto que 605 (54,55%) foram genotipados como A2A2 (Gráfico 1B). Nesse sentido, compreende-se que a maior parte da população analisada é eficiente em produzir leite livre de  $\beta$ -caseína A1 e, portanto, geradores de proteínas incapazes de se degradarem em compostos potencialmente alergênicos ao organismo humano.



**Gráfico 1A.** Distribuição das frequências observadas para os alelos A1 e A2 em rebanhos leiteiros da região norte do Tocantins, 2022. **1B.** Demonstrativo do número de animais genotipados como A1A1, A1A2 e A2A2 em rebanhos leiteiros da região norte do Estado do Tocantins, 2022

Com base no teste de qui-quadrado ( $\chi^2$ ), considerando as frequências genotípicas observadas e esperadas para o polimorfismo da  $\beta$ -caseína, verificou-se diferença significativa ( $P < 0,05$ ), sugerindo seleção ou cruzamento na população. Nesse sentido, é possível inferir que o panorama para a produção de leite tipo-A2 na região norte do Tocantins é favorável. No entanto, faz-se necessária avaliação com um maior número de animais para comprovar esse potencial, abordando também a viabilidade econômica do produto.

#### Conclusão

A prevalência para o genótipo A2A2 e alelo A2 observados prevalece sobre os genótipos e alelo A1 na população. Denota-se um futuro promissor para o desenvolvimento de atividades econômicas voltadas à produção de leite tipo-A2 na região norte do estado do Tocantins. No entanto, ainda há necessidade de maiores estudos, em especial voltados à área de marketing, política pública voltada ao desenvolvimento do setor e melhoramento animal.

#### Agradecimentos

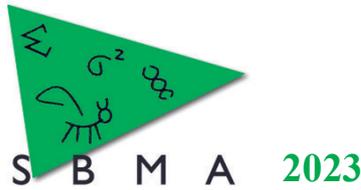
À PROPESQ/UFNT (Edital nº 071/2021 e Edital nº 011/2022) e PROCAD/Amazônia– CAPES. Ao NAPGEM/UFNT e LOCT/USP.

#### Literatura citada

HANUSOVÁ, E.; HUBA, J.; ORAVCOVÁ, M.; POLÁK, P.; VRTKOVÁ, I. Genetic variants of beta casein in Holstein dairy cattle in Slovakia. *J. Animal Sci.*, v.43, p.6366, 2010.

NGUYEN, D. D.; JOHNSON, S. K.; BUSETTI, F.; SOLAH, V. A. Formation and degradation of b-casomorphins in dairy processing. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, v.55, p.1955-1967, 2015.

SISTEMA IBGE DE RECUPERAÇÃO AUTOMÁTICA (SIDRA). SIDRA 2020. 2020. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/home/pms/brasil>.



**Frequências alélicas e genotípicas do gene da beta-caseína do leite em bovinos da raça Curraleiro Pé Duro criados no Estado do Tocantins**

Jorge Luís Ferreira<sup>1\*</sup>, Evelyn Gabrielle Braga<sup>2</sup>, Ana Carolina Mello e Barreto<sup>2</sup>, Matheus Henrique Dias Rodrigues<sup>3</sup>, Fernanda Carolina Rotta Cristino Fioravante<sup>3</sup>, Raryanne Dias Folhas<sup>2</sup>, Lucas Pereira Paes<sup>2</sup>, Lucas Alves Sousa<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Centro de Ciências Agrárias, Campus de Araguaína, Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), Araguaína, Tocantins, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Centro de Ciências Agrárias, Campus de Araguaína, Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), Araguaína, Tocantins, Brasil.

<sup>3</sup>Programa de Pós-graduação em Sanidade Animal e Saúde Pública nos Trópicos, Centro de Ciências Agrárias, Campus de Araguaína, Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), Araguaína, Tocantins, Brasil.

\*Autor correspondente: [jlferreira@mail.uft.edu.br](mailto:jlferreira@mail.uft.edu.br)

**Resumo:** O gado Curraleiro Pé Duro (CPD) é um recurso genético extremamente importante principalmente para produção de produtos com certificação identidade geográfica e sistema de produção. Assim, o objetivo do presente estudo foi identificar a frequência alélica e genotípica para beta caseína do leite, para os alelos A1 e A2, em rebanhos CPD criados no Estado do Tocantins. Foram selecionados nove (09) rebanhos CPD, totalizando 166 amostras, distribuídos em 09 municípios. Amostras para dois marcadores foram caracterizadas e confirmadas por PCR em tempo real, em sistema de detecção de sequências ABI Prism® 7500 (Applied Biosystems). Com base nos resultados observou-se maior frequência do alelo A2 (65,0%) que do alelo A1 (35,0%), com frequência de genótipos A1A1 de 16,27%, de genótipos A1A2 de 37,35%, e de genótipos A2A2 de 46,39%. A mesorregião Ocidental obteve frequência de 33,0% para o alelo A1, e 67,0% para A2, com frequências de genótipos de 16,5; 33,0 e 50,5% respectivamente para os genótipos A1A1, A1A2 e A2A2. Na Oriental a distribuição foi de 37,7% para A1 e 62,3% para A2, com frequências de 15,9; 43,5 e 40,5%, respectivamente para os mesmos genótipos. As frequências do gene de beta-caseína (CSN2) em gado Curraleiro Pé Duro criados no Estado do Tocantins foram semelhantes às frequências encontradas em outros rebanhos no Brasil. No entanto, não foi possível associar maior frequência do alelo A2 com o nível de conservação do rebanho.

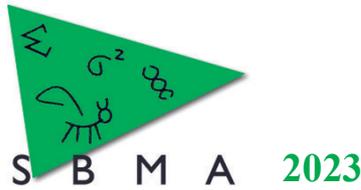
**Palavras-chave:** BOVINOS, BETA-CASEINA, CSN2, GADO CRIOULO, GADO NATIVO, TOCANTINS.

**Allelic and genotypic frequency for milk beta-casein in Curraleiro Pé duro cattle raised in the Tocantins, Brazil.**

**Abstract:** The Curraleiro Pé Duro (CPD) cattle is an extremely important genetic resource, mainly for the production of products with certified geographical identity and production systems. Thus, the objective of the present study was to identify the allele and genotype frequency for milk beta-casein, for the A1 and A2 alleles, in CPD herds raised in the State of Tocantins. Nine (09) CPD herds were selected, totaling 166 samples, distributed in 09 municipalities. Samples for two markers were characterized and confirmed by real-time PCR, using an ABI Prism® 7500 sequence detection system (Applied Biosystems). Based on the results, a higher frequency of the A2 allele (65.0%) than the A1 allele (35.0%) was observed, with a frequency of A1A1 genotypes of 16.27%, A1A2 genotypes of 37.35%, and A2A2 genotypes of 46.39%. The Western mesoregion obtained a frequency of 33.0% for the A1 allele, and 67.0% for the A2, with genotype frequencies of 16.5; 33.0 and 50.5% respectively for genotypes A1A1, A1A2, and A2A2. In Oriental, the distribution was 37.7% for A1 and 62.3% for A2, with frequencies of 15.9; 43.5, and 40.5%, respectively for the same genotypes. The frequencies of the beta-casein gene (CSN2) in Curraleiro Pé Duro cattle raised in the State of Tocantins were similar to the frequencies found in other herds in Brazil. However, it was not possible to associate a higher frequency of the A2 allele with the level of herd conservation.

**Keywords:** BETA-CASEIN, CATTLE, CSN2, CREOLE CATTLE, NATIVE CATTLE, TOCANTINS.

**Introdução**



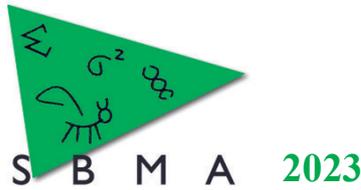
O gado Curraleiro Pé Duro é encontrado nos Biomas Cerrado e Semiárido do Brasil, sendo caracterizado pela rusticidade, capacidade de adaptação às condições adversas do meio e baixo custo de produção. Ao longo do tempo, tem-se observado o interesse de alguns produtores e pesquisadores na conservação da raça Curraleiro Pé-Duro, visando a exploração e valorização das potencialidades deste patrimônio genético e cultural do país, como também seu potencial de produção de leite diferenciado. O gado CPD vem se tornando um recurso genético extremamente importante principalmente com potencial para a produção de produtos com certificação de identidade geográfica e de sistema de produção. Assim, é importante conhecer o status alélico A1/A2 da beta caseína nesta população de bovinos. E, no Estado do Tocantins existem muitos produtores de bovinos CPD que estão empenhados em promover um melhoramento genético da raça e gerar uma estratégia que permita colocar no mercado, leite e carne, desse material genético, com selo de certificação de origem geográfica ou sistema de produção. Baseado nessa teoria, o presente trabalho teve como objetivo identificar as frequências alélicas e genotípicas para beta caseína do leite, A1 e A2, em rebanhos Curraleiro Pé Duro criados no Estado do Tocantins, Brasil.

#### Material e Métodos

O presente trabalho foi realizado no período de Agosto de 2020 a fevereiro de 2021, envolvendo nove (09) rebanhos Curraleiro Pé Duro (CPD) criados no Estado do Tocantins, Brasil. A localização geográfica dos rebanhos distribuiu-se nas mesorregiões do Tocantins, abrangendo os municípios de Araguaína, São Bento do Tocantins, Palmeirante, Monte Santo do Tocantins, Divinópolis do Tocantins (Mesorregião Ocidental), Palmas, Rio Sono, Pedro Afonso e Mateiros (Mesorregião Oriental), totalizando 166 amostras de pêlos de 166 animais. A extração do DNA do folículo piloso foi realizada no Laboratório de Melhoramento Animal (LMA) do curso de Medicina Veterinária, da Universidade Federal do Norte do Tocantins (UFNT), utilizando-se o kit EXTRACTA 96 de DNA de pêlo (Loccus, Cotia, São Paulo, Brasil) de acordo com as instruções do fabricante. A concentração e pureza do DNA foi analisada por espectrofotômetro nanodrop One/OneC (Thermo Scientific). Os primers e sondas foram desenhadas baseada na sequência do gene da  $\beta$ -caseína de bovinos (gene CSN2) ID 281099 (GenBank, NCBI), conforme descrito por Gigliotti et al (2020). As frequências alélicas e genotípicas foram determinadas usando o sistema de detecção TaqMan™, e para a reação em cadeia pela polimerase (PCR) em tempo real, estabelecida para um volume de 10  $\mu$ L foi composta de 20 ng de DNA genômico, 0,25  $\mu$ L Assay Mix® (Applied Biosystems), e 5,0  $\mu$ L Taqman® Master Mix Universal PCR (Applied Biosystems). A reação foi realizada em termociclador QuantStudio 12K (Applied Biosystems), sob as seguintes condições: 95 °C por 10 min, seguido por 45 ciclos de desnaturação a 92 °C por 15 segundos e anelamento a 60 °C por 1 minuto, e por fim 60 °C por 30 segundos.

#### Resultados e Discussão

Com base nos resultados observou-se maior frequência do alelo A2 (65,0%) que do alelo A1 (35,0%) no rebanho amostral. Do total de amostras (166) a frequência de genótipos A1A1 foi de 16,27%, de genótipos A1A2 de 37,35%, e de genótipo A2A2 de 46,39%, ou seja a raça Curraleiro Pé Duro, no Estado do Tocantins apresenta maior frequência para o alelo A2 e genótipo A2A2, que é o alelo desejável para produção de leite com maior valor agregado por ser conhecido com maior potencial hipoalergênico na indústria. Considerando-se a distribuição dos rebanhos entre as mesorregiões do Tocantins, encontrou-se para a mesorregião Ocidental uma frequência de 33,0% para o alelo A1, e de 67,0% para o alelo A2. Na mesorregião Oriental a distribuição foi de 37,7% para A1 e 62,3% para A2. Quando se apresenta os genótipos (A1A1, A1A2 e A2A2) na mesorregião Ocidental obteve-se os percentuais de 16,5; 33,0 e 50,5% respectivamente para os genótipos A1A1, A1A2 e A2A2. Enquanto que na mesorregião Oriental os genótipos apresentaram as frequências de 15,9; 43,5 e 40,5%, respectivamente para os genótipos A1A1, A1A2 e A2A2. Considerando-se o número de animais nas duas mesorregiões verificou-se maior proporção de animais genotipados na mesorregião Ocidental (n=97) que na Oriental (n=69), demonstrando que rebanhos mais conservados estão na mesorregião Ocidental, principalmente pela maior frequência de gene A2 como de genótipos A2A2. Assim, caracterizando as mesorregiões do Estado do Tocantins verificou-se



que a distribuição dos alelos A2 no gene CSN2 tem maior frequência na mesorregião ocidental, não sendo possível observar se existe impacto sobre o grau de conservação dos animais, nível tecnológico empregado nos sistemas de produção, com base nas informações coletadas. Mishra et al. (2009) e Joshi (2011) afirmaram que a maioria das raças autóctones indianas de bovinos e búfalos carregam exclusivamente variante A2. Polimorfismos no gene da caseína foram usados para a caracterização de raças domesticadas e para traçar a história evolutiva (Caroli et al., 2009), que demonstraram que a seleção e o melhoramento genético modificou o germoplasma dos ruminantes, causando efeitos estruturais na proteína do leite, uma vez que as raças servem como recurso genético para diferentes variações gênicas. No entanto, a variação nos genes, proteínas e peptídeos é importante para a produção leiteira, para que se tenha um produto com diferentes propriedades, e com valor no processamento pós-tecnológico e nutracêutico. Beja-Pereira et al. (2002) e Jann et al. (2002) forneceram evidências de que a distribuição geograficamente associada com haplótipos de caseína, demonstrando um declínio da diversidade genética para raças taurinas na Europa de sul a norte e de leste a oeste, indicando que o nível de conservação das raças nativas se correlacionam negativamente com o desenvolvimento das regiões.

#### **Conclusão**

A raça Curraleiro Pé Duro, no Estado do Tocantins, apresenta maior frequência para o alelo A2 e genótipo A2A2, semelhante ao encontrado em outros rebanhos no Brasil. Rebanhos mais conservados estão presentes na mesorregião Ocidental do estado do Tocantins pela maior frequência de genótipos A2A2. No entanto, não foi possível associar maior frequência do alelo A2 com o nível de conservação do rebanho e o nível tecnológico e industrial das regiões estudadas.

#### **Agradecimentos**

À PROPESQ/UFNT (Edital nº 071/2021 e Edital nº 011/2022) e PROCAD/Amazônia– CAPES. Ao NAPGEM/UFNT e aos criadores de bovinos da raça Curraleiro Pé-duro no Estado do Tocantins.

#### **Literatura citada**

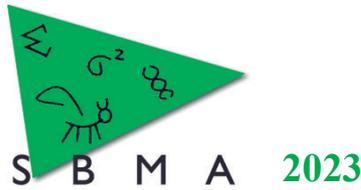
CAROLI, A. M.; CHESSA, S.; ERHARDT, G. J. Invited review: Milk protein polymorphisms in cattle: Effect on animal breeding and human nutrition. *Journal of dairy science*, v. 92, n. 11, p. 5335-5352, 2009. DOI: 10.3168/jds.2009-2461

BEJA-PEREIRA, Albano et al. Gene-culture coevolution between cattle milk protein genes and human lactase genes. *Nature genetics*, v. 35, n. 4, p. 311-313, 2003. DOI: 10.1038/ng1263

MISHRA, B. et al. Status of milk protein,  $\beta$ -casein variants among Indian milch animals. *Ind J Anim Sci*, v. 79, n. 7, p. 722-725, 2009. Disponível em: [https://vedicilluminations.com/downloads/Society%20Science%20Art/Status%20of%20milk%20protein,%20beta-casein%20variants%20among%20Indian%20milch%20animals%20\(A1,%20A2\).pdf](https://vedicilluminations.com/downloads/Society%20Science%20Art/Status%20of%20milk%20protein,%20beta-casein%20variants%20among%20Indian%20milch%20animals%20(A1,%20A2).pdf)

JOSHI, B. K. (2011). Indian cow, buffalo breeds give healthier milk. *Outlook Report New Delhi*, 104- 108. Disponível em: <https://www.newindianexpress.com/nation/2011/jun/26/indian-cow-buffalo-breeds-give-healthier-milk-266600.html>

JANN, O. et al. A new variant in exon VII of bovine  $\beta$ -casein gene (CSN2) and its distribution among European cattle breeds. *Journal of animal breeding and genetics*, v. 119, n. 1, p. 65-68, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2002.00318.x>



**Influência das características lineares do composto de pernas e pés no risco de descarte de vacas Holandesas do estado do Paraná**

Lorena Carla Gomes Vernaschi<sup>1\*</sup>, Altair Antonio Valloto<sup>2</sup>, Lenira El Faro Zadra<sup>3</sup>, Rodrigo de Almeida Teixeira<sup>4</sup>, Laila Talarico Dias<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, bolsista Capes, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, Paraná, Brasil.

<sup>2</sup>Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da raça Holandesa (APCBRH), Curitiba, Paraná, Brasil.

<sup>3</sup>Instituto de Zootecnia (IZ), Centro PTA de bovinos de corte, Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

<sup>4</sup>Professor Associado do Depto de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, Paraná, Brasil.

\*Autor correspondente: [lvernaschi.zootecnia@gmail.com](mailto:lvernaschi.zootecnia@gmail.com)

**Resumo:** A longevidade produtiva (LP) é um importante fator econômico e que afeta diretamente a lucratividade de propriedades leiteiras. Porém, além de ser uma característica medida tardiamente, apresenta baixa herdabilidade, logo ganho genético é lento. Identificar características avaliadas precocemente e geneticamente associadas a LP é um desafio. Assim, o objetivo desse estudo foi identificar quais características lineares do composto pernas e pés influenciam o risco de descarte de vacas Holandesas. Foram analisados dados de controle leiteiro oficial e de classificação linear cedidos pela Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da raça Holandesa (APCBRH). Para análise de sobrevivência considerou-se no modelo, como fixo, os efeitos de rebanho e ano de classificação (2010 a 2019), como covariável, os efeitos lineares da produção de leite aos 305 dias na 1ª lactação (kg) e a idade ao primeiro parto (meses). Fêmeas com pernas vista lateral levemente curvadas permanecem por mais tempo no rebanho. Vacas com escore linear final entre 80 e 84 pontos apresentaram menor chance de descarte no primeiro parto. Para suportarem a alta produção de leite e permanecerem por mais tempo no rebanho, as vacas devem apresentar Composto de Pernas e Pés (CPP) equilibrado. As características ângulo de casco e pernas posteriores vista lateral foram as que mais influenciaram a longevidade produtiva de vacas Holandesas.

**Palavras-chave:** bovinos leiteiros, descarte voluntário, longevidade, vida produtiva.

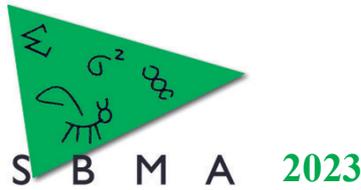
**Influence of the linear characteristics of leg and feet composite on the risk of culling Holstein cows in the state of Paraná**

**Abstract:** Productive longevity (PL) is an important economic factor that directly affects the profitability of dairy farms. However, besides being a trait measured late, it presents low heritability and therefore genetic gain is slow. Identifying traits assessed early and genetically associated with LP is a challenge. Thus, the objective of this study was to identify which linear characteristics of the legs and feet compound influence the culling risk of Holstein cows. Data from official milk control and linear classification provided by “Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da raça Holandesa” (APCBRH) were analyzed. For survival analysis it was considered in the model, as fixed, the herd effects and year of classification (2010 to 2019), as covariate, the linear effects of milk production at 305 days in the 1st lactation (kg) and age at first calving (months). Females with slightly curved lateral view legs remain longer in the herd. Cows with a final linear score between 80 and 84 points had a lower chance of being discarded at first calving. In order to support high milk production and stay longer in the herd, cows should present balanced feet and legs (CPP). The foot angle and rear legs side view characteristics were the ones that most influenced the productive longevity of Holstein cows.

**Keywords:** dairy herd, longevity, productive life, voluntary culling.

**Introdução**

A longevidade produtiva (LP) é uma característica de interesse e influencia diretamente a lucratividade de propriedades leiteiras (Miglior et al., 2017). Porém, além de ser uma característica avaliada



tardiamente na vida dos animais, apresenta herdabilidade de baixa magnitude, por ser influenciada por vários fatores ambientais, o que compromete a eficiência da seleção direta. Dessa forma, o progresso genético obtido pela seleção direta é pequeno e lento, o que justifica o uso indireto de seleção para LP. Para bovinos leiteiros a seleção é normalmente baseada na produção de leite ou em características lineares que apresentam correlação genética favorável com a LP (Clasen et al., 2017). Quando avaliadas durante a primeira lactação, essas características podem ser usadas como preditores precoces para identificação de vacas longevas (Caraviello et al., 2003), resultando em alto ganho genético e redução do intervalo de geração. Por essa razão espera-se que a classificação linear possa ser usada como uma ferramenta para a seleção indireta para a longevidade produtiva em vacas Holandesas.

Portanto, os objetivos desse estudo foram calcular o risco de descarte para as características do composto pernas e pés e identificar qual característica apresenta maior influência no descarte precoce de vacas Holandesas no estado do Paraná.

### Material e Métodos

Registros da classificação linear e do controle leiteiro oficial de 34.653 primíparas paridas entre 2010 e 2019 foram cedidos pela Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da raça Holandesa (APCBRH), Paraná, Brasil. Foram considerados no banco de dados rebanhos com mais de 50 vacas classificadas, localizados nos municípios de Castro, Carambeí, Arapoti e Witmarsum por apresentarem sistemas de produção similares e vacas com lactações entre 200 e 700 dias. O composto pernas e pés foi dividido conforme a classificação linear canadense: ângulo de casco (AC); profundidade de talão (PT); qualidade óssea (QO); pernas vista lateral (PVL) e pernas vista posterior (PVP). Duração da longevidade produtiva (DLP) foi definida como o número total de dias entre o primeiro parto e o último dia de controle leiteiro oficial. A análise de sobrevivência foi realizada pelo procedimento PHREG do software SAS/STAT 9.4 (SAS Institute, 2018) através do modelo de Regressão de Cox. O modelo usado foi:

$$\lambda(t) = \lambda_0(t)g(x'\beta),$$

onde  $\lambda(t)$  = taxa de falha,  $t$  = tempo (dias),  $\lambda_0(t)$  = componente não-paramétrico, e  $g(x'\beta)$  = função não negativa, calculada como:

$$g(x'\beta) = \exp\{x'\beta\} = \exp\{\beta_1x_1 + \dots + \beta_px_p\},$$

em que  $\beta$  = vetor associado aos parâmetros das covariáveis (características lineares do composto pernas e pés).

Considerou-se no modelo, como fixo, os efeitos de rebanho e ano de classificação (2010 a 2019), como covariável, os efeitos lineares da produção de leite aos 305 dias na 1ª lactação (kg) e a idade ao primeiro parto (meses). Para evitar o efeito de multicolinearidade, a análise de sobrevivência foi conduzida individualmente para cada característica. De acordo com o procedimento PHREG, se a vaca tem taxa de descarte ( $\lambda(t)$ ) igual a 2 quer dizer que esse animal apresenta 2 vezes mais chance de ser descartada do que os animais de referência ( $\lambda(t) = 1$ ). Como referência, foram considerados os animais que apresentam escore 9 para as características.

### Resultados e Discussão

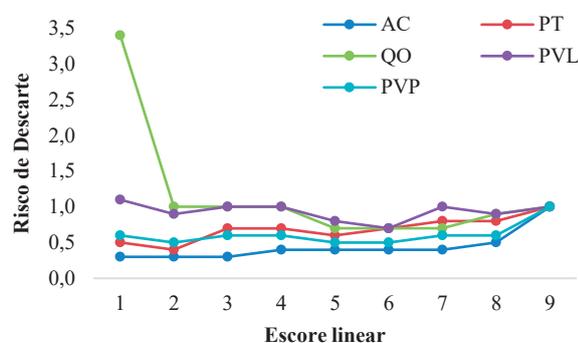
A Tabela 1 apresenta as médias e os desvios-padrão para as características do composto pernas e pés e pontuação final. Nota-se que, em geral, as médias são diferentes do escore ideal (*true type model*).

Tabela 1: Estatística descritiva das características lineares do composto de pernas e pés de vacas Holandesas do estado do Paraná

Característica	Média dos escores			Escore Ideal
	Banco de dados	Status 1	Status 0	
AC	6,17 ± 0,98	6,20 ± 0,96	6,13 ± 0,99	7
PT	5,74 ± 1,43	5,82 ± 1,46	5,66 ± 1,40	9
QO	6,82 ± 1,40	6,86 ± 1,46	6,77 ± 1,33	9
PVL	5,12 ± 1,13	5,11 ± 1,15	5,13 ± 1,10	5
PVP	6,13 ± 1,58	6,24 ± 1,63	6,02 ± 1,53	9

AC – ângulo de casco; PT – profundidade de talão; QO – qualidade óssea; PVL – pernas vista lateral; PVP – pernas vista posterior.

Vacas de 1<sup>a</sup> lactação apresentaram risco de descarte variando entre 0,3 e 3,4 (Figura 1). A maior amplitude foi verificada na característica QO, mostrando que vacas de escore 1 apresentaram 3,4 vezes mais chance de serem descartadas do que as de escore 9. Em relação a AC, fêmeas de escores 2 a 5 tiveram o menor risco de descarte (RD) indicando que vacas com AC intermediário permaneceram por mais tempo no rebanho. Vacas com curvatura moderada para PVL (escores 5 e 6) apresentaram o menor RD. De acordo com, Valloto e Ribas Neto (2012) essa característica é importante visto que tem relação direta com a mobilidade e suporte animal. Além disso, é essencial que o animal apresente boa estrutura para suportar a produção de leite (Almeida et al., 2017).



AC – ângulo de casco; PT – profundidade de talão; QO – qualidade óssea; PVL – pernas vista lateral; PVP – pernas vista posterior.

Figura 1: Risco de descarte para as características do composto pernas e pés de vacas Holandesas do estado do Paraná

### Conclusão

As características qualidade óssea e pernas vista lateral influenciam a longevidade produtiva de vacas Holandesas. Portanto, para que fêmeas de primeira lactação permaneçam por mais tempo no rebanho é essencial que tenham o composto pernas e pés bem equilibrados, especialmente, com pernas levemente curvadas e ossatura mais limpa na altura dos jarretes.

### Agradecimentos

À Capes, pela concessão da bolsa de estudos e à Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa pela concessão dos dados.

### Literatura citada

Almeida, T.P.; Kern, E.L.; Daltro, D.S.; Braccini Neto, J.; McManus, C.; Thaler Neto, A.; Cobuci, J.A. Genetic associations between reproductive and linear-type traits of Holstein cows in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 2017, v.46, p.91-98.

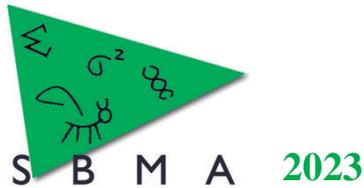
Caraviello, D.Z.; Weigel, K.A.; Gianola, D. Analysis of the relationship between type traits, inbreeding, and functional survival in Jersey cattle using a Weibull proportional hazards model. *Journal of Dairy Science*. 2003, v.86, p. 2984-2989.

Clasen, J.B.; Norberg, E.; Madsen, P.; Pedersen, J.; Kargo, M. Estimation of genetic parameters and heterosis for longevity in crossbred Danish dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2017, v.100, p.6337-6342.

Miglior, F.; Fleming, A.; Malchiodi, F.; Brito, L. F.; Martin, P.; Baes, C.F. A 100-year review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2017, v.100, p.10251-10271.

SAS Institute Inc. 2018. SAS/SAT® 9.4 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.

Valloto, A.A.; Ribas Neto, P.G. 2012. Avaliação e conformação da vaca leiteira. (1<sup>a</sup> Edição). Curitiba: SENAR, Paraná.



### Metaboloma das fezes de bovinos da raça Gir: resultados iniciais

Lenira El Faro Zadra<sup>1\*</sup>, Maria Fernanda Lourenço Sercundes<sup>2</sup>, Jessica Moraes Malheiros<sup>1</sup>, Matheus Henrique Vargas de Oliveira<sup>3</sup>, Viviane Andrade Ligori<sup>3</sup>, Joel Alves da Silva<sup>1</sup>, Pollyana Ferreira da Silva<sup>4</sup>, Luiz Alberto Colnago<sup>5</sup>, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup>Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, São Paulo, Brasil.

<sup>3</sup>Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>4</sup>Instituto de Química, Universidade de São Paulo (USP), São Carlos, São Paulo, Brasil.

<sup>5</sup>Embrapa Instrumentação, São Carlos, São Paulo, Brasil.

\*Autor correspondente: [lenira.zadra@sp.gov.br](mailto:lenira.zadra@sp.gov.br)

**Resumo:** O presente estudo teve como objetivo avaliar características de carcaça e eficiência alimentar de bovinos da raça Gir, além de identificar possíveis alterações no metaboloma fecal durante o pré e pós confinamento. No pré confinamento 19 animais receberam silagem de milho e bagaço de cana. Posteriormente, os bovinos foram submetidos ao teste de eficiência alimentar e à ultrassonografia de carcaça. No pré e pós confinamento amostras de fezes foram coletadas para os ensaios de metabolômica por meio da análise de Ressonância Magnética Nuclear (<sup>1</sup>H RMN). A área de olho de lombo (AOL) e a espessura de gordura (EGS) apresentaram valores entre 43,48-73,83 cm<sup>2</sup> e 3,14-4,71 mm, respectivamente. O ganho médio diário (GMD) variou entre 0,84 e 1,52 kg/dia e o consumo alimentar residual (CAR) apresentou resultados entre -0,43 e 0,88 kg MS/dia. Na metabolômica, as análises de componentes principais (PCA) e discriminante de mínimos quadrados parcial (PLS-DA) dos espectros de <sup>1</sup>H RMN explicaram 80,7% e 76,5% da variância total dos dados. Os resultados sugerem que bovinos da raça Gir possuem um desempenho e eficiência alimentar satisfatórios, e também demonstram a influência da dieta no metaboloma fecal.

**Palavras-chave:** *Bos taurus indicus*, eficiência alimentar, metabólitos fecais, qualidade de carcaça.

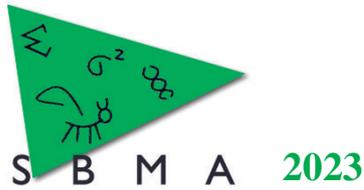
### Fecal metabolome of Gyr cattle: initial results

**Abstract:** The present study aimed to evaluate carcass and feed efficiency traits of Gyr cattle, as well as to identify possible alterations in fecal metabolome during pre and post feedlot. In pre-feedlot 19 animals received corn silage and sugarcane bagasse. Afterwards, the animals underwent a feed efficiency test and carcass ultrasound was performed. In pre and post-feedlot fecal samples were collected for metabolomic assays by Nuclear Magnetic Resonance analysis (<sup>1</sup>H NMR). The ribeye area (REA) and fat thickness (FT) showed values between 43.48-73.83 cm<sup>2</sup> and 3.14-4.71 mm, respectively. Average daily gain (ADG) varied between 0.84 and 1.52 kg/day and residual feed intake (RFI) showed results between -0.43 and 0.88 kg DM/day. In metabolomics, principal component analysis (PCA) and partial least squares discriminant analysis (PLS-DA) of <sup>1</sup>H NMR spectra explained 80.7% and 76.5% of the total data variance, respectively. The results suggest that Gyr cattle have satisfactory performance and feed efficiency, and also demonstrate the diet influence in the fecal metabolome.

**Keywords:** *Bos taurus indicus*, carcass quality, fecal metabolites, feed efficiency.

### Introdução

Os zebuínos (*Bos taurus indicus*) e seus cruzamentos com a subespécie *Bos taurus taurus* são a base do rebanho no Brasil. A raça Gir é de suma importância para a produção nacional de carne e leite, uma vez que a adaptação ao clima tropical, resistência a doenças/parasitas e carne de alta qualidade permitem a sua ampla utilização em programas de melhoramento genético. No entanto, um dos grandes entraves da pecuária de corte está diretamente relacionado a alimentação, a qual corresponde a um dos maiores investimentos. Assim, o aproveitamento eficiente dos nutrientes pode ser um fator chave na rentabilidade e sustentabilidade do negócio (Willams et al., 2013). Desse modo, são necessárias estratégias a fim de melhorar a fermentação ruminal. No entanto, procedimentos invasivos são necessários para obter amostras do líquido ruminal durante a produção animal, e a coleta de fezes torna-se mais viável para os estudos. Vale



ressaltar que uma estreita relação entre o perfil metabólico ruminal e as fezes na raça Nelore foi comprovado (Malheiros et al., 2021). Entretanto, os estudos sobre metaboloma fecal de bovinos são escassos e necessitam ser melhor explorados. Nesse contexto, o objetivo do presente estudo foi avaliar características de carcaça e eficiência alimentar de bovinos da raça Gir, além de identificar possíveis alterações no metaboloma fecal no pré e pós confinamento.

### Material e Métodos

**Produção dos animais experimentais:** o experimento foi realizado no Centro de Inovação em Genética e Nutrição Animal (CIGNA), UNESP, Botucatu-SP. Dezenove bovinos da raça Gir com aproximadamente 11 meses de idade, provenientes de propriedades situadas nos estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais, foram alojados em uma baía coletiva e receberam silagem de milho (80%) e bagaço de cana (20%), por 15 dias. Posteriormente, os bovinos foram submetidos ao teste de eficiência alimentar com período de adaptação de 21 dias e teste propriamente dito por 56 dias, com acesso *ad libitum* à dieta em cochos eletrônicos Intergado® (Intergado Ltda., Contagem, Minas Gerais, Brasil) e à água. A dieta era composta por milho grão úmido (44,6%), silagem de milho (27,6%), polpa cítrica (11,9%), farelo de amendoim (8%), bagaço de cana (4,9%), premix (1,8%) e ureia (1,2%). No final do teste, foi realizada ultrassonografia de carcaça. No pré e pós confinamento, amostras de fezes foram coletadas da ampola retal de cada bovino, imersas em nitrogênio líquido e armazenadas a -80 °C para os ensaios de metabolômica.

**Fenótipos de eficiência alimentar:** o consumo de matéria seca (CMS, kg/dia) foi calculado multiplicando o consumo individual pela matéria seca da dieta (MS, %). O ganho médio diário (GMD, kg/dia) foi estimado como coeficiente de regressão linear dos pesos em função dos dias de teste. O consumo alimentar residual (CAR, kg MS/dia) foi obtido pela regressão fenotípica do consumo de matéria seca (CMS, kg/dia) em função do ganho médio diário (GMD, kg/dia) e peso vivo metabólico (PVM, kg) (Koch et al., 1963). A conversão alimentar (CA, kg) foi calculada pela relação do consumo de matéria seca (CMS) por ganho médio diário de cada animal (CMS/GMD), e a eficiência alimentar (EA, kg) é essa relação inversa.

**Metabolômica:** 300 mg de fezes foram homogeneizadas por 60 segundos com o tampão de fosfato de sódio em óxido de deutério (0,10 M, pD 7,4) contendo 0,05% de 3-trimetilsilil-2,2,3,3-d4-propionato de sódio (TMSP-d4, SigmaAldrich). As amostras foram centrifugadas (13.000 × g, 10 min a 4 °C) e o sobrenadante foi filtrado com membrana de polietersulfona (25 mm). O volume de 600 µL de sobrenadante:óxido de deutério (3:1 vol/vol) foi adicionado em tubo de RMN. Os espectros foram obtidos por Ressonância Magnética Nuclear (<sup>1</sup>H RMN) em espectrômetro de 14 T Bruker Avance III (Bruker BioSpin, Alemanha) equipado com sonda PABBO de 5 mm. Os espectros completos foram agrupados (*binning*) a cada 0,04 ppm. Em seguida, transformados em matriz de dados, utilizando o programa MNova. Os dados foram analisados na plataforma MetaboAnalyst 5.0 (<http://www.metaboanalyst.ca>).

### Resultados e Discussão

A área de olho de lombo (AOL), a qual representa o crescimento do músculo *Longissimus thoracis*, demonstrou uma notória variabilidade no presente estudo (Tabela 1). A espessura de gordura subcutânea (EGS) apresentou-se dentro dos padrões exigidos pela indústria brasileira (>3 mm). Os bovinos apresentaram baixos valores de CMS e CA, além de GMD de 1,25 kg/dia. Além disso, os animais menos eficientes consumiram +1,31 kg MS/dia, em comparação aos mais eficientes para obter o ganho de peso previsto.

Em relação ao perfil do metaboloma das fezes pode-se observar que os dois primeiros componentes principais (PCA) explicaram 80,7% da variância total dos dados (PC1=63,7%; PC2=17%) (Figura 1A). Da mesma forma, a análise discriminante de mínimos quadrados parcial (PLS-DA) explicou 76,5% da variância dos dados com os dois primeiros componentes (Figura 1B). Para o PLS-DA, as estatísticas descritivas de acurácia de predição do modelo, estimativas da qualidade do ajuste (R<sup>2</sup>) e estimativas da predição da qualidade (Q<sup>2</sup>) foram: Componente 1) acurácia=0,89, R<sup>2</sup>=0,67 e Q<sup>2</sup>=0,64; Componente 2) acurácia=0,95, R<sup>2</sup>=0,81 e Q<sup>2</sup>=0,76. No geral, as análises revelaram uma clara separação de grupos, e demonstram que o perfil do metaboloma das fezes de bovinos Gir apresenta diferenças no pré e pós confinamento.

Tabela 1. Estatística descritiva das características de carcaça e eficiência alimentar de bovinos da raça Gir

<sup>1</sup> Características	Média	Desvio-padrão	Coefficiente de Variação (%)	Mínimo	Máximo
PIA, kg	243,65	51,82	21,27	175,00	371,00
PIP, kg	259,40	52,42	20,21	191,00	380,00
PPF, kg	329,45	53,49	16,24	238,00	453,00
AOL, cm <sup>2</sup>	58,34	7,99	13,69	43,48	73,83
MAR, pontos	2,80	0,50	18,00	1,83	3,56
EGS, mm	3,79	0,45	11,93	3,14	4,71
GMD, kg/dia	1,25	0,15	12,07	0,84	1,52
PVM, kg	70,88	9,46	13,34	56,05	92,20
CMS, kg MS/dia	6,33	0,71	11,30	5,17	7,58
CA, kg	5,13	0,75	14,61	3,93	6,46
EA, kg	0,20	0,03	15,09	0,15	0,25
CAR, kg MS/dia	-	0,36	-	-0,43	0,88

<sup>1</sup>PIA, peso no início da adaptação; PIP, peso no início da prova; PPF, peso no final da prova; AOL, área de olho de lombo; MAR, marmoreio; EGS, espessura de gordura subcutânea; GMD, ganho médio diário; PVM, peso vivo metabólico; CMS, consumo de matéria seca; CA, conversão alimentar; EA, eficiência alimentar; CAR, consumo alimentar residual.

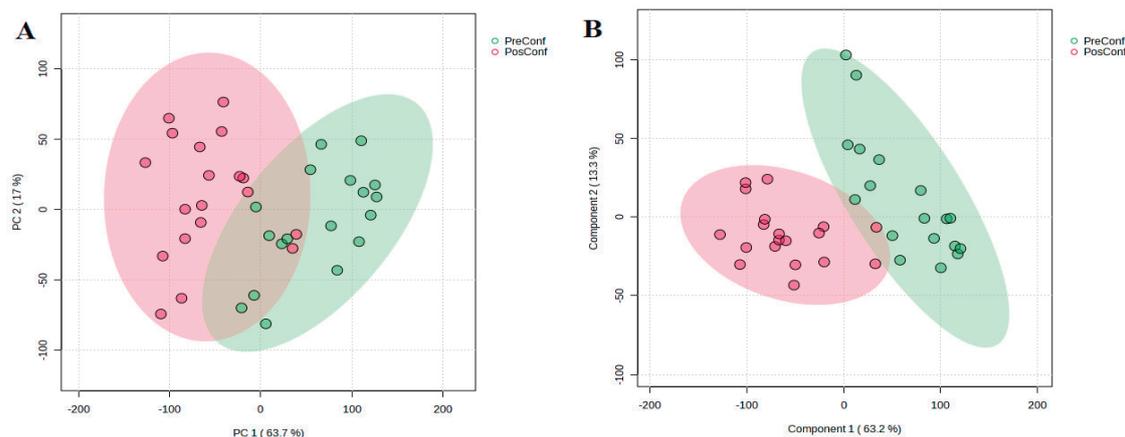


Figura 1. Metaboloma fecal de bovinos Gir no pré e pós confinamento. (A) Análise de componentes principais (PCA) dos espectros de <sup>1</sup>H NMR das fezes. (B) Análise discriminante de mínimos quadrados parciais (PLS-DA) dos espectros. Pontos de cor verde correspondem ao pré confinamento (PreConf) e os de cor vermelha ao pós confinamento (PosConf).

### Conclusão

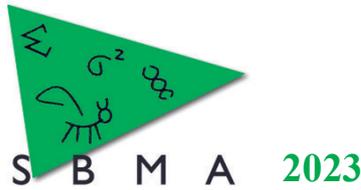
Nossos resultados demonstram que bovinos Gir possuem crescimento muscular e deposição de gordura satisfatórios e apresentam um bom desempenho durante o teste. Além disso, foi possível observar que a dieta influencia no perfil do metaboloma das fezes de bovinos da raça Gir.

### Agradecimentos

Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo FAPESP (Processos 21/08234-7 e 22/12669-1)

### Literatura citada

- Malheiros, J.M. et al. 2021. Comparative untargeted metabolome analysis of ruminal fluid and feces of Nelore steers (*Bos indicus*). **Scientific Reports**, 11:12752.
- Koch, R.M.; Swiger, L.A.; Chambers, D.; Gregory, K.E. 1963. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, 22:486-494.
- Williams, O.W.; Miller, S.P.; Wood, B.J. 2013. Aspects of selection for feed efficiency in meat producing poultry. **World's Poultry Science Journal**, 69:77-88.



**O que acontece com a estimativa de herdabilidade de características produtivas quando bovinos da raça Holandesa estão submetidos a ambientes desafiadores?**

Rafaela Martins<sup>1\*</sup>, Bárbara Mazetti Nascimento<sup>2</sup>, Denyus Augusto Padilha<sup>1</sup>, Suelen Padilha Aleixo<sup>1</sup>, Altair Antônio Valloto<sup>3</sup>, Roberto Carneiro<sup>4</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>4</sup>, Laila Talarico Dias<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Discente do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brasil e bolsista CNPq.

<sup>2</sup>Pós-doutoranda do Programa em Animal Science, University of Wisconsin, Madison, Estado Unidos.

<sup>3</sup>Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, Curitiba, Paraná, Brasil.

<sup>4</sup>Professor da Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>5</sup>Professor Associado do Depto de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

\*Autor correspondente: [rafaelamartins.zootecnia@gmail.com](mailto:rafaelamartins.zootecnia@gmail.com)

**Resumo:** O objetivo desse trabalho foi estimar as herdabilidades para produção de leite (PL305), produção de gordura (PG305) e produção de proteína (PP305) aos 305 dias de lactação, em diferentes gradientes ambientais do estado do Paraná, em bovinos da raça Holandesa. Foram utilizados dados do serviço de controle leiteiro da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), de 143.826 animais de primeira a terceira ordem de lactação, que pariram entre 2012 e 2022. Para determinar o gradiente ambiental (EG) foram utilizadas as soluções dos grupos de contemporâneo. Após a definição dos EG foram estimados os componentes de variância e os coeficientes de herdabilidade para as características estudadas. No EG em que o desafio era menor, ou seja, no melhor ambiente, as herdabilidades, em geral, apresentaram maior magnitude quando comparadas as herdabilidades estimadas no EG de maior desafio. Dessa maneira, a seleção de animais geneticamente superiores poderá ser mais eficiente quando os animais estiverem submetidos à menores desafios ambientais, na primeira lactação.

**Palavras-chaves:** bovinos leiteiros, interação genótipo ambiente, modelos de norma de reação, parâmetros genéticos, plasticidade ambiental.

**What happens to the heritability estimates of production traits when Holstein cattle are exposed to challenging environments?**

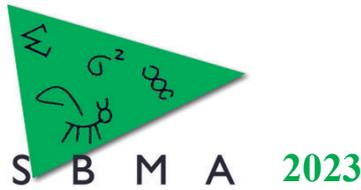
**Abstract:** The aim of this study was to estimate the heritabilities for milk production (PL305), fat production (PG305) and protein production (PP305) at 305 days of lactation, in different environmental gradients of the state of Paraná, in Holstein cattle. Data from the dairy control service of the Paranaense Associação de Criadores de Bovinos da raça Holandesa (APCBRH), from 143,826 animals of first to third order of lactation, which calved between 2012 and 2022, were used. To determine the environmental gradient (EG) the solutions of the contemporaneous groups were used. After the EGs were defined, variance components and heritability coefficients were estimated for the traits studied. In EG where the challenge was lower, that is, in the best environment, the heritabilities, in general, showed greater magnitude when compared to the heritabilities estimated in EG of greater challenge. Thus, the selection of genetically superior animals may be more efficient when the animals are subjected to lower environmental challenges in their first lactation.

**Keywords:** dairy cattle, genetic parameters, interaction genotype environment, plasticity environment, random regression.

**Introdução**

As variações ambientais podem influenciar a identificação dos animais geneticamente superiores, bem como a seleção daqueles indivíduos que tiveram seu desempenho afetado por estarem em um ambiente mais favorável ou menos favorável. De acordo com Falconer & Mackay (1996), diferentes respostas dos genótipos às variações ambientais caracterizam a interação genótipo ambiente (IGA) e ainda podem alterar as estimativas dos parâmetros genéticos.

Atualmente, os modelos de norma de reação (MNR) vem sendo utilizados para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos, pois permitem considerar a variação ambiental, o que auxilia na identificação de animais robustos às variações presentes em cada gradiente ambiental (Streit et al., 2013).



Assim sendo, o objetivo desse trabalho foi estimar as herdabilidades para produção de leite, produção de gordura e produção de proteína aos 305 dias de lactação, em diferentes gradientes ambientais do estado do Paraná, em bovinos da raça Holandesa.

### Material e Métodos

Foram utilizados dados de 143.826 vacas registradas no serviço de controle leiteiro da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), de primeira até terceira ordem de lactação, paridas entre 2012 e 2022, pertencentes a 358 rebanhos do estado do Paraná. Foram excluídos do arquivo de dados: animais com menos de 60 ou mais de 500 dias de lactação, com produção de leite inferior a 5 kg de leite/dia ou superior a 75 kg de leite/dia, porcentagens de gordura inferiores a 60 kg ou superiores a 800kg durante a lactação, e com porcentagens de proteína menores do que 60kg ou maiores que 600 kg na lactação, além de grupos de contemporâneos (GC: rebanho, ano e estação de parto) com menos de 10 animais.

Para determinar o gradiente ambiental (EG) foram utilizadas as soluções dos GC para produção de leite obtidas pelo melhor preditor não viesado (*Best linear unbiased prediction* - BLUP) por meio do software BLUPF90+ (Misztal et al., 2022). No modelo foram considerados, como fixos, o efeito de GC, como covariáveis, o efeito linear e quadrático da idade da vaca e, como aleatório, o efeito genético aditivo direto. O EG foi determinado pela equação:  $EG = (GC_{sol} - GC_{mean}) / GC_{sd}$ , em que: EG = gradiente ambiental,  $GC_{sol}$  = solução para cada GC obtido pelo modelo animal,  $GC_{mean}$  = média de soluções do CG,  $GC_{sd}$  = desvio-padrão das soluções dos GC. Como a produção de leite foi utilizada para estimar o EG, espera-se que os maiores EG correspondam a ambientes menos desafiadores, e os menores EG aos gradientes ambientes mais desafiadores aos animais. A interação genótipo x ambiente foi estimada por meio do modelo de norma de reação (MNR), como proposto por Chiaia et al. (2015).

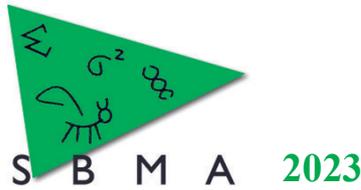
Os componentes de variância genética aditiva foram estimados através da função:  $(Var(a)|EG) = Var(a_i + b_i \cdot EG) = \alpha^2 + \alpha^2 \cdot EG^2 + 2 \cdot EG \cdot \alpha_{a,b}$ , em que:  $(Var(a)|EG)$  = variância genética aditiva por EG,  $a_i$  e  $b_i$  = intercepto e inclinação do MNR, respectivamente,  $\alpha^2$  = variância genética aditiva para o intercepto,  $\alpha^2$  = variância genética aditiva para a inclinação, EG = gradiente ambiental,  $\alpha_{a,b}$  = covariância entre o intercepto (a) e a inclinação (b). A variância ambiental para cada EG foi estimada através da função:  $(Var(e)|EG) = exp(z_0 + z_1 \cdot EG)$ , em que,  $(Var(e)|EG)$  = variância residual por EG,  $exp$  = função exponencial para transformar os valores dos coeficientes residuais pela função logarítmica,  $z_0$  = interceptação da função residual para as características,  $z_1$  = inclinação da função residual para as características no MRN, considerando variância residual heterogênea, EG = gradiente ambiental. As herdabilidades ( $h^2$ ) foram estimadas para todas as características estudadas em cada EG.

### Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade (Tabela 1) variaram de baixa a moderada sendo que, no gradiente ambiental que reflete o menor desafio, os coeficientes apresentaram maior magnitude quando comparados aos estimados no gradiente ambiental no qual desafio foi maior.

**Tabela 1.** Componentes de variância e herdabilidade para produção de leite, gordura e proteína aos 305 dias de lactação, em função da ordem de parto em bovinos da raça Holandesa, no estado do Paraná, estimados nos gradientes ambientais com menor desafio e maior desafio.

Caract	OL	Menor desafio			Maior desafio		
		$\sigma^2_a$	$\sigma^2_e$	$h^2$ (ep)	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_e$	$h^2$ (ep)
PL305	1	935.052,30	2.432.276	0,28 (0,003)	611.093,40	275.015,20	0,18 (0,002)
PL305	2	849.236,60	48.748,63	0,15 (0,003)	643.357,70	523.818,30	0,11 (0,002)
PL305	3	142.619,20	62.431,77	0,19 (0,009)	144.790,60	653.168,70	0,18 (0,008)
PG305	1	1.379,04	3.490,22	0,28 (0,003)	891,56	4.047,02	0,18 (0,002)
PG305	2	1.523,91	6.840,81	0,18 (0,004)	1.325,32	7.238,87	0,15 (0,003)
PG305	3	948,55	9.006,00	0,09 (0,004)	1.110,21	8.849,13	0,11 (0,005)
PP305	1	565,98	2.648,10	0,18 (0,002)	465,69	2.626,09	0,15 (0,002)
PP305	2	552,57	4.933,39	0,11 (0,002)	595,52	5.123,21	0,10 (0,002)



PP305 3 1.113,88 6.376,58 0,15 (0,006) 1.296,33 6190,39 0,17 (0,007)

Caract. = Característica; OL = ordem de lactação; PL305; PG305 e PP305 = produção de leite, gordura e proteína truncadas aos 305 dias de lactação, respectivamente.  $\sigma^2_a$  = variância genética aditiva;  $\sigma^2_e$  = variância ambiental;  $h^2$  = herdabilidade; e.p. = erro padrão.

Os resultados estão de acordo com relatados por Mulim et al. (2021) ao avaliarem as herdabilidades para as produções de leite (0,18 a 0,23), gordura (0,21 a 0,27) e proteína (0,14 a 0,20) em vacas primíparas Holandesas, que relataram que o aumento da temperatura influenciou a herdabilidade das características.

Ainda, é possível observar pela Tabela 1 que, em ambientes com menor desafio, a variância genética aditiva foi maior, o que resultou nos maiores coeficientes de herdabilidade. De acordo com Calus & Veerkamp (2003), as diferenças nas estimativas dos componentes de variância podem evidenciar a variabilidade que há quando se trata de sensibilidade ambiental entre os animais. Dessa forma, identificar animais mais eficientes a determinados ambientes ou que produzam filhos mais adequados a ambientes ou sistemas de produção pode resultar em resultados desejáveis para os programas de melhoramento de bovinos leiteiros.

#### Conclusão

Na primeira lactação, a seleção de bovinos leiteiros submetidos à menores desafios ambientais poderá ser mais eficientes.

#### Agradecimentos

À Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) pela concessão dos dados para a realização deste trabalho. Ao CNPq e a CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

#### Literatura citada

Calus, M. P. L., & Veerkamp, R. F. 2003. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, 86(11), 3756–3764.

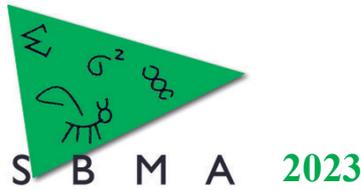
Chiaia, H. L. J., De Lemos, M. V. A., Venturini, G. C., Aboujaoude, C., Berton, M. P., Feitosa, F. B., Carvalheiro, R., Albuquerque, L. G., De Oliveira, H. N., & Baldi, F. 2015. Genotype  $\times$  environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nellore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. **Journal of Animal Science**, 93(4), 1503–1510.

Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th Edition, Addison Wesley Longman, Harlow.

Misztal, I., Aguilar, I., Tsuruta, S., Masuda, Y., Lourenco, D. A. L., & Legarra, A. 2018. BLUPF90 suite of programs for animal breeding. **The 11th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production**, February, 11.751.

Mulim, H. A., Carneiro, P. L. S., Malhado, C. H. M., Pinto, L. F. B., Mourão, G. B., Valloto, A. A., & Pedrosa, V. B. 2021. Genotype by environment interaction for fat and protein yields via reaction norms in Holstein cattle of southern Brazil. **Journal of Dairy Research**, 88(1), 16–22.

Streit, M., Wellmann, R., & Reinhardt, F. 2013. Usando análise de associação de todo o genoma para caracterizar a sensibilidade ambiental de características do leite em gado leiteiro. *G3: Genes*, 72(2), 201 - 217.



**O que acontece com a estimativa de herdabilidade de características reprodutivas quando bovinos da raça Holandesa estão submetidos a ambientes desafiadores?**

Rafaela Martins<sup>1\*</sup>, Bárbara Mazetti Nascimento<sup>2</sup>, Denyus Augusto Padilha<sup>1</sup>, Suelen Padilha Aleixo<sup>1</sup>, Altair Antônio Valloto<sup>3</sup>, Roberto Carneiro<sup>4</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>4</sup>, Laila Talarico Dias<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Discente do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brasil e bolsista do CNPq.

<sup>2</sup>Pós-doutoranda do Programa em Animal Science, University of Wisconsin, Madison, Estado Unidos.

<sup>3</sup>Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, Curitiba, Paraná, Brasil.

<sup>4</sup>Professor da Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>5</sup>Professor Associado do Depto de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

\*Autor correspondente: [rafaelamartins.zootecnia@gmail.com](mailto:rafaelamartins.zootecnia@gmail.com)

**Resumo:** O objetivo desse trabalho foi estimar as herdabilidades para idade ao primeiro parto (IPP), idade ao primeiro serviço (IPS) e intervalo entre partos (IEP) para animais da raça Holandesa submetidos a diferentes desafios ambientais. Foram utilizados dados de 179.492 vacas, paridas entre 2012 a 2022, pertencentes ao arquivo histórico da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH). Para determinar o gradiente ambiental (EG) foram usadas as soluções dos grupos contemporâneos (GC) obtidas por meio do melhor preditor linear não viesado (BLUP). Após a definição dos EG foram estimadas as variâncias genéticas aditivas, ambientais e, posteriormente, as herdabilidades. Os coeficientes de herdabilidade variaram de baixo a moderado, sendo de 0,18 a 0,23, 0,17 a 0,20 e 0,02 a 0,05 para IPP, IPS e IEP, respectivamente. As herdabilidades para IPP e IEP foram superiores no EG que refletia o menor desafio (melhor ambiente). A seleção de animais geneticamente superiores para menores idade ao primeiro parto e intervalo entre partos será mais eficiente nos ambientes menos desafiadores.

**Palavras-chaves:** gado leiteiro, idade ao primeiro parto, interação genótipo ambiente, intervalo entre partos, modelos de norma de reação, parâmetros genéticos.

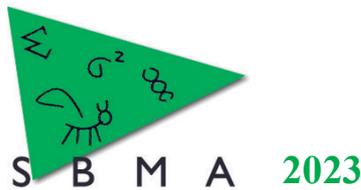
**What happens to the heritability estimates of reproductive traits when Holstein cattle are subjected to challenging environments?**

**Abstract:** The aim of this study was to estimate the heritabilities for age at first calving (IPP), age at first service (IPS) and calving interval (IEP) for animals of the Holstein breed subjected to different environmental challenges. Data from 179,492 cows, calved between 2012 to 2022, belonging to the historical archive of the Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) were used. To determine the environmental gradient (EG), the solutions of the contemporary groups (CG) obtained through the best linear unbiased predictor (BLUP) were used. After the EGs were defined, the additive and environmental genetic variances and, subsequently, the heritabilities were estimated. The heritability coefficients ranged from low to moderate, being 0.18 to 0.23, 0.17 to 0.20 and 0.02 to 0.05 for IPP, IPS and IEP, respectively. The heritabilities for IPP and IEP were higher in the EG that reflected the lowest challenge (best environment). Selection of genetically superior animals for lower age at first calving and calving interval will be more efficient in the less challenging environments.

**Keywords:** age at first calving, calving interval, dairy cattle, genetic parameters, interaction genotype environment, model of reaction norms.

**Introdução**

A seleção para características reprodutivas não é simples, pois são fortemente influenciadas pelo ambiente e, em geral, apresentam herdabilidades de baixa magnitude, o que faz com que o ambiente influencie mais o fenótipo (Fleming et al., 2018). De acordo com Falconer & Mackay (1996), diferentes respostas dos genótipos às variações ambientais caracterizam a interação genótipo ambiente (IGA), e ainda, podem alterar parâmetros genéticos, como por exemplo, a herdabilidade. Todavia, os programas de melhoramento genético não consideram as variações ambientais em seus modelos de seleção.



Assim sendo, o objetivo desse trabalho foi estimar as herdabilidades para idade ao primeiro parto (IPP), idade ao primeiro serviço (IPS) e intervalo entre partos (IEP) em bovinos da raça Holandesa criados em diferentes gradientes ambientais do estado do Paraná.

### Material e Métodos

Foram utilizados registros de 179.492 animais, sendo 74.290, 67.965 e 37.237 animais com informações de IPP, IPS e IEP, respectivamente, de vacas paridas entre 2012 a 2022, de 358 rebanhos pertencentes a Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH). A edição dos dados foi realizada pelo *software estatístico R*, em que foram excluídas: informações de fêmeas com IPP menor do que 600 ou maior que 1.080 dias, IPS menor que 330 ou maior do que 700 dias, IEP inferior a 300 ou superior a 1200 dias e grupos de contemporâneos (GC: rebanho, ano e estação de parto) com menos de 10 animais.

Os gradientes ambientais (EG) foram determinados por meio das soluções dos GC para produção de leite (característica usada como referência) por meio do modelo animal (*Best linear unbiased prediction* -BLUP) através do software BLUPF90+ (Misztal et al., 2022), utilizando no modelo, como fixos, o efeito de GC, como covariáveis, o efeito linear e quadrático da idade da vaca e, como aleatório, o efeito genético aditivo direto. O EG foi determinado pela equação:  $EG = (GC_{sol} - GC_{mean}) / GC_{sd}$ , em que: EG = gradiente ambiental,  $GC_{sol}$  = solução para cada GC obtido pelo modelo animal,  $GC_{mean}$  = média de soluções do GC,  $GC_{sd}$  = desvio-padrão das soluções dos GC. Como foi utilizada a produção de leite para estimar o EG, espera-se que os maiores EG correspondam a ambientes menos desafiadores, e os menores EG aos gradientes ambientes mais desafiadores aos animais. A interação genótipo x ambiente foi estimada por meio do mesmo modelo de norma de reação (MNR) proposto por Chiaia et al. (2015).

Os componentes de variância genética aditiva foram estimados através da função:  $(Var(a)|EG) = Var(a_i + b_i \cdot EG) = \alpha^2 + \alpha^2 \cdot EG^2 + 2 \cdot EG \cdot \alpha_{a,b}$ , em que:  $(Var(a)|EG)$  = variância genética aditiva por EG,  $a_i$  e  $b_i$  = intercepto e inclinação do MNR, respectivamente,  $\alpha^2$  = variância genética aditiva para o intercepto,  $\alpha^2$  = variância genética aditiva para a inclinação, EG = gradiente ambiental,  $\alpha_{a,b}$  = covariância entre o intercepto (a) e a inclinação (b). A variância ambiental para cada EG foi estimada através da função:  $(Var(e)|EG) = exp(z_0 + z_1 \cdot EG)$ , em que,  $(Var(e)|EG)$  = variância residual por EG,  $exp$  = função exponencial para transformar os valores dos coeficientes residuais, obtidos pela função logarítmica,  $z_0$  = interceptação da função residual para as características,  $z_1$  = inclinação da função residual para as características no MRN, considerando variância residual heterogênea, EG = gradiente ambiental. As herdabilidades ( $h^2$ ) foram estimadas para cada característica em cada EG.

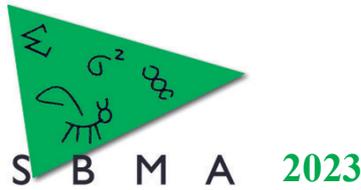
### Resultados e Discussão

Na Tabela 1 estão apresentadas as médias das características para os gradientes ambientais com menor, intermediário e maior desafio.

**Tabela 1.** Média das características Idade ao primeiro parto (IPP), Idade primeiro serviço (IPS) e Idade entre partos (IEP), em dias, em função do gradiente ambiental, para bovinos da raça Holandesa.

Característica	Gradiente Ambiental (EG)		
	Menor desafiador	Intermediário	Maior desafiador
IPP	751,00	762,71	816,50
IPS	470,54	468,57	473,00
IEP	413,00	417,00	425,16

É possível observar que no gradiente ambiental com menor desafio as médias foram menores para as características reprodutivas, principalmente, quando comparadas as médias obtidas no gradiente ambiental mais desafiador (Tabela 1).



**Tabela 2.** Estimativas de herdabilidade, em função do gradiente ambiental, para idade ao primeiro parto (IPP), idade ao primeiro serviço (IPS) e intervalo entre partos (IEP) bovinos da raça Holandesa no estado do Paraná.

Caract	Menor desafio			Maior desafio		
	$\sigma^2a$	$\sigma^2e$	$h^2$ (ep)	$\sigma^2a$	$\sigma^2e$	$h^2$ (ep)
IPP	1191,23	3862,75	0,23 (0,03)	706,83	3101,36	0,18 (0,02)
IPS	257,56	1.268,21	0,17 (0,02)	211,29	816,35	0,20 (0,03)
IEP	314,87	6.232,84	0,05 (0,01)	121,13	5061,65	0,02 (0,004)

Caract. = Característica;  $\sigma^2a$  = variância genética aditiva;  $\sigma^2e$  = variância ambiental;  $h^2$  = herdabilidade; e.p. = erro padrão.

Pela Tabela 2, observa-se que as estimativas de herdabilidade variaram de baixa a moderada magnitude entre os gradientes ambientais e, em geral, no EG cujo o desafio foi menor, os coeficientes foram superiores. Muuttoranta et al. (2019) relataram que apesar da influência ambiental ser maior em características relacionadas à reprodução é possível obter progresso genético quando seleciona-se animais mais adaptados, considerando-se a interação genótipo ambiente para a escolha de reprodutores.

Estimativas de herdabilidade semelhantes foram relatadas por Atrian-Afiani et al. (2020) para bovinos da raça Holandesa, quando avaliaram a IGA em 3 regiões do Irã. Os autores estimaram herdabilidades de  $0,171 \pm 0,008$  a  $0,218 \pm 0,011$  para IPP e  $0,042 \pm 0,004$  a  $0,048 \pm 0,005$  IEP, e concluíram que as maiores herdabilidades foram observadas em ambientes de clima frio, o que para raça Holandesa seria o ambiente com menor desafio.

#### Conclusão

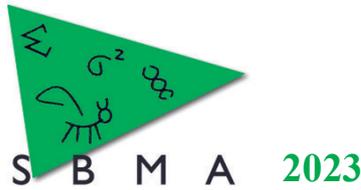
A seleção e a identificação de animais geneticamente superiores para IPP e IEP será mais eficiente nos ambientes menos desafiadores.

#### Agradecimentos

À Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) pela concessão dos dados para a realização deste trabalho. Ao CNPq e a CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

#### Literatura citada

- Atrian-Afiani, F., Gao, H., Joezy-Shekalgorabi, S., Madsen, P., Aminafshar, M., Ali, S., & Jensen, J. 2021. Genotype by climate zone interactions for fertility, somatic cell score, and production in Iranian Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 104(12), 12994-13007.
- Chiaia, H. L. J., De Lemos, M. V. A., Venturini, G. C., Aboujaoude, C., Berton, M. P., Feitosa, F. B., Carneiro, R., Albuquerque, L. G., De Oliveira, H. N., & Baldi, F. 2015. Genotype  $\times$  environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nellore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. *Journal of Animal Science*, 93(4), 1503–1510.
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th Edition, Addison Wesley Longman, Harlow.
- Fleming, A., Abdalla, E. A., Maltecca, C., & Baes, C. F. 2018. Invited review: Reproductive and genomic technologies to optimize breeding strategies for genetic progress in dairy cattle. *Archives Animal Breeding*, 61(1), 43–57.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., & Vitezica, Z. 2022. Manual for BLUPF90 family of programs. *University of Georgia, Athens, USA*, 125.
- Muuttoranta, K., Tyrisevä, A. M., Mäntysaari, E. A., Pösö, J., Aamand, G. P., & Lidauer, M. H. 2019. Genetic parameters for female fertility in Nordic Holstein and Red Cattle dairy breeds. *Journal of Dairy Science*, 102(9), 8184–8196.



**Parâmetros genéticos para características de conformação do úbere derivadas de coordenadas cartesianas geradas por sistemas de ordenha automáticos em bovinos da raça Holandês da América do Norte**

Gabriel Costa Medeiros<sup>1,2</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>1</sup>, Victor Breno Pedrosa<sup>2</sup>, Luiz F. Brito<sup>2,\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Department of Animal Science, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos

\*Autor correspondente: [britol@purdue.edu](mailto:britol@purdue.edu)

**Resumo:** Os sistemas automáticos de ordenha (AMS) tornaram-se populares no mundo todo. Em cada visita, o AMS registra a localização e a posição dos quatro tetos como coordenadas cartesianas, que podem ser usadas para derivar as características de conformação do úbere (UC). O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para as características de UC derivadas de registros de AMS em bovinos da raça Holandês. Os fenótipos foram coletados por AMS em 4.480 vacas, de 2017 a 2021, resultando em 5.317.488 registros. Um total de 4.118 dessas vacas foram genotipadas. Cinco UC foram derivadas, a saber: balanceamento do úbere (UB, mm), profundidade do úbere (UD, mm), distância entre tetos craniais (FTD, mm), distância entre tetos caudais (RTD, mm) e distância craniocaudal (DFR, mm). Os parâmetros genéticos para UB, UD, FTD, RTD e DFR foram estimados com base em um modelo animal de repetibilidade. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade ( $\pm$  erro padrão, EP) para UB, UD, FTD, RTD e DFR são  $0,41 \pm 0,02$ ;  $0,79 \pm 0,01$ ;  $0,53 \pm 0,02$ ;  $0,40 \pm 0,02$ ; e  $0,65 \pm 0,02$ , respectivamente. As estimativas dos coeficientes de repetibilidade ( $\pm$  SD) para UB, UD, FTD, RTD e DFR são  $0,82 \pm 0,01$ ,  $0,93 \pm 0,01$ ,  $0,87 \pm 0,01$ ,  $0,83 \pm 0,01$  e  $0,88 \pm 0,01$ , respectivamente. Nossos resultados sugerem que as UC derivadas de coordenadas cartesianas de AMS são altamente herdáveis. Essas descobertas contribuirão para programas de seleção genômica que visem melhorar a conformação de úbere em bovinos da raça Holandês.

**Palavras-chave:** conformação de úbere, coeficiente de herdabilidade, coeficiente de repetibilidade, genômica, ordenha robótica.

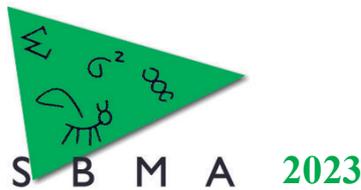
**Genetic parameters for udder conformation traits derived from Cartesian coordinates generated by automatic milking systems in North American Holstein cattle**

**Abstract:** Automatic milking systems (AMS) have become popular around the world. In each milking visit, AMS record the location and position of the four teats as Cartesian coordinates, which can then be used for deriving udder conformation (UC) traits. The aim of this study was to estimate genomic-based genetic parameters for UC traits derived from AMS records in North American Holstein cattle. The Cartesian teat coordinates measured in each visit were collected by AMS in 4,480 Holstein cows from 2017 to 2021, resulting in 5,317,488 records. A total of 4,118 of these Holstein cows were also genotyped for 57,600 SNPs. Five UC traits were derived: udder balance (UB, mm), udder depth (UD, mm), front teat distance (FTD, mm), rear teat distance (RTD, mm), and distance front-rear (DFR, mm). Variance components and genetic parameters for UB, UD, FTD, RTD, and DFR were estimated based on a repeatability animal model. The estimates of heritabilities ( $\pm$  standard deviation, SD) for UB, UD, FTD, RTD, and DFR are  $0.41 \pm 0.02$ ,  $0.79 \pm 0.01$ ,  $0.53 \pm 0.02$ ,  $0.40 \pm 0.02$ , and  $0.65 \pm 0.02$ , respectively. The repeatability estimates ( $\pm$  SD) for UB, UD, FTD, RTD, and DFR are  $0.82 \pm 0.01$ ,  $0.93 \pm 0.01$ ,  $0.87 \pm 0.01$ ,  $0.83 \pm 0.01$ , and  $0.88 \pm 0.01$ , respectively. Our results suggest that UC traits derived from Cartesian coordinates from AMS are moderately to highly heritable. These findings will contribute to the design of genomic selection schemes for improving udder conformation in North American Holstein cattle.

**Keywords:** genomics, heritability, milking robots, repeatability, udder conformation.

### Introdução

Tradicionalmente, a conformação do úbere tem sido medida com base em sistemas de pontuação subjetiva ou medições manuais de baixa precisão e acurácia (MIGLIOR et al., 2017). Com o desenvolvimento e disponibilidade mais recentes de sistemas de ordenha automáticos (AMS; ou sistemas de ordenha robótica), as interações entre humanos e vacas reduziram substancialmente. Além disso, o AMS



registra muitas variáveis e dados que descrevem diversos aspectos do processo de ordenha. Por exemplo, a conformação do úbere pode ser frequentemente medida pelo AMS usando o registro automático das coordenadas cartesianas dos tetos (POPPE et al., 2019). A conformação do úbere influencia a eficiência do AMS, pois o sistema deve ser capaz de identificar a posição de cada teto e ordenhá-lo com o mínimo de falhas possível (CARLSTRÖM et al., 2016). O uso de informações genômicas para estimar parâmetros genéticos e prever valores genéticos tornou-se uma prática comum em programas de melhoramento animal (MISZTAL et al., 2020), especialmente quando informações precisas de pedigree não estão disponíveis. A associação de informações genômicas com dados de AMS representa uma grande oportunidade para o desenvolvimento de novas características a serem avaliadas genomicamente e utilizadas em programas de seleção com o objetivo de melhorar a eficiência da produção em fazendas leiteiras. Portanto, os principais objetivos deste estudo foram estimar parâmetros genéticos, utilizando informações genômicas, para características de conformação do úbere derivadas de coordenadas cartesianas registradas por AMS em bovinos da raça Holandês e interpretar os valores estimados, visando identificar a possibilidade do estabelecimento de seleção para estas características em programas de melhoramento genético animal.

### Material e Métodos

Os dados utilizados foram coletados por 36 robôs Lely® AMS (Lely®, Maassluis, Holanda) instalados em uma fazenda comercial localizada em Plymouth, IN, EUA. Um total de 5.317.488 registros fenotípicos de 4.480 vacas, medidas entre 2017 e 2021 estavam disponíveis para este estudo. As variáveis incluídas nos conjuntos de dados são as coordenadas cartesianas dos tetos registradas em cada visita de ordenha. O controle de qualidade (QC) envolveu a remoção de *outliers*, registros sem informações das coordenadas de um dos tetos, registros com dias em lactação (DIM) menores que cinco dias e maiores que 305 dias também foram eliminados. Finalmente, 4.232.026 registros de visitas de 4.280 animais foram mantidos para derivar as características de conformação do úbere.

As coordenadas cartesianas no AMS são compostas de eixos xyz para cada um dos quatro tetos. O eixo x refere-se ao eixo látero-lateral da vaca, ou seja, o eixo perpendicular ao eixo mais longo do robô. O eixo y refere-se ao eixo craniocaudal da vaca, ou seja, o eixo mais longo do robô. O eixo z é perpendicular ao chão, referindo-se ao eixo ventro-dorsal da vaca. A partir das coordenadas registradas pelo AMS, podemos calcular cinco características de conformação do úbere, a saber: balancamento do úbere (UB, mm); profundidade do úbere (UD, mm); distância entre tetos craniais (FTD, mm); distância entre tetos caudais (RTD, mm); e distância craniocaudal (DFR, mm) (POPPE et al., 2019).

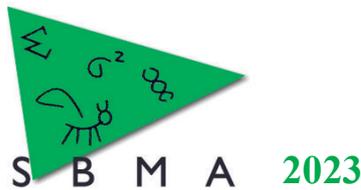
Um total de 4.118 vacas foram genotipadas usando diferentes painéis SNP e atribuídas a um conjunto comum de 72.820 SNPs usando o software FImpute 2.2 (SARGOLZAEI et al., 2014). O QC genômico foi realizado usando o pacote PREGSf90 da família de softwares BLUPF90 (MISZTAL et al., 2018). Os componentes de variância e parâmetros genéticos para todas as características foram estimados usando o software AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2018). O modelo de repetibilidade pode ser descrito como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$$

No qual  $\mathbf{y}$  é o vetor contendo registros fenotípicos repetidos para a(s) característica(s) analisada(s),  $\mathbf{b}$  é um vetor contendo os efeitos fixos de DIM, ordem de lactação (1, 2 ou 3+) e concatenação de ano e estação (março – maio, junho – agosto, setembro – novembro, dezembro – fevereiro) do parto;  $\mathbf{u}$  é um vetor contendo os efeitos genéticos aditivos das vacas incluídas em  $\mathbf{y}$ ,  $\mathbf{u} \sim N(0, \mathbf{G}\sigma_u^2)$  em que  $\mathbf{G}$  é a matriz de parentesco genômico e  $\sigma_u^2$  é a variância genética aditiva;  $\mathbf{p}$  é um vetor contendo os efeitos ambientais permanentes das vacas em  $\mathbf{y}$ ,  $\mathbf{p} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_{pe}^2)$ , onde  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade e  $\sigma_{pe}^2$  é a variância ambiental permanente;  $\mathbf{e}$  é um vetor contendo os efeitos residuais aleatórios,  $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$ , onde  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade e  $\sigma_e^2$  é a variância residual.  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$  são as matrizes de incidência que conectam os registros fenotípicos aos efeitos fixos, efeitos genéticos aditivos e efeitos ambientais permanentes, respectivamente.

### Resultados e Discussão

Os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados estão apresentados na Tabela 1. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade observadas são superiores às relatadas na literatura (POPPE et al., 2019; CARLSTRÖM et al., 2016), o que pode ser devido à menor variação ambiental



existente no rebanho, pois todos os registros foram coletados em uma única fazenda. Estudos anteriores utilizaram amostras a cada 20 visitas e consideraram as características de conformação do úbere como diferentes em cada lactação (POPPE et al., 2019), porém relataram correlações genéticas muito altas entre as lactações. Portanto, analisamos juntos os registros de conformação do úbere de diferentes lactações e ajustamos modelos de repetibilidade. As estimativas de repetibilidade variaram de 0,82 (0,01) para UB a 0,93 (0,01) para UD, o que justifica nossas análises considerando todos os registros como a mesma característica. Além disso, os dados de todas as visitas do AMS foram considerados nas análises para evitar perda de informações. Isso também pode ter contribuído para coeficientes de herdabilidade mais altos e estimativas mais precisas em comparação com os relatos da literatura. Além dos efeitos genéticos aditivos, é necessário estimar simultaneamente os efeitos ambientais permanentes ao ajustar registros repetidos ao longo do período de lactação e nas múltiplas lactações. Observamos que as estimativas médias de repetibilidade foram superiores a 0,80 para todas as cinco características, o que sugere que é razoável tratar todos os registros de diferentes lactações como a mesma característica. A alta repetibilidade também sugere que podemos amostrar e analisar registros mais esparsos para predição de valores genéticos.

Tabela 1. Estimativas (erro padrão) dos componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e repetibilidade para características de conformação de úbere em bovinos da raça Holandês Norte-americanos.

Característica	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_{pe}$	$\sigma^2_e$	$\sigma^2_p$	$h^2$	T
UD	2.479,6 (105,4)	427,2 (32,9)	231,7 (0,2)	3.139,2 (86.1)	0,79 (0,01)	0,93 (0,0)
UB	126,2 (9,0)	124,9 (5,1)	53,9 (0,0)	305,0 (7.0)	0,41 (0,02)	0,82 (0,0)
DFR	470,7 (23,8)	164,4 (9,3)	86,0 (0,1)	721,2 (18.9)	0,65 (0,02)	0,88 (0,0)
FTD	616,6 (36,7)	387,9 (17,5)	155,2 (0,1)	1,159,7 (28.8)	0,53 (0,02)	0,87 (0,0)
RTD	228,7 (16.6)	244,6 (9,6)	99,8 (0,1)	573,1 (12.9)	0,40 (0,02)	0,83 (0,0)

UD: profundidade de úbere; UB: balanceamento de úbere; DFR: distância craniocaudal; FTD: distância entre tetos craniais; RTD: distância entre tetos caudais;  $\sigma^2_a$ : variância genética aditiva;  $\sigma^2_{pe}$ : variância de ambiente permanente;  $\sigma^2_e$ : variância residual;  $\sigma^2_p$ : variância fenotípica;  $h^2$ : coeficiente de herdabilidade; T: coeficiente de repetibilidade.

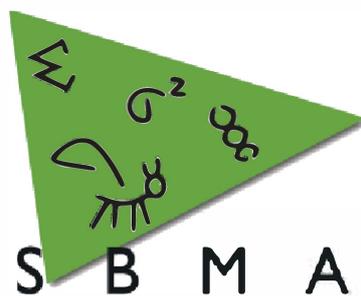
### Conclusão

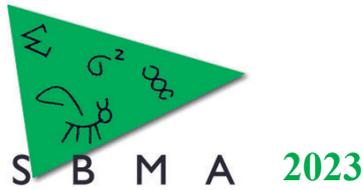
As características de conformação do úbere derivadas de coordenadas cartesianas de sistemas de ordenha robótica são altamente herdáveis, indicando que um progresso genético rápido pode ser alcançado por meio de seleção genética ou genômica direta. Além disso, todas as características são altamente repetíveis, indicando que os registros da primeira lactação são suficientes para estimar valores genéticos para características de conformação do úbere.

### Literatura citada

- Carlström, C., Strandberg E., Pettersson G., Johansson K., Stålhammar H. & Philipsson J. 2016a. Genetic associations of teat cup attachment failures, incomplete milkings, and handling time in automatic milking systems with milkability, temperament, and udder conformation. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A—Animal Science*, 66, 75-83.
- Miglior, F., Fleming, A., Malchiodi, F., Brito, L.F., Martin, P. And Baes, C.F., 2017. A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 100,10251-10271.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D.A.L. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, And Z. Vitezica. 2018. **Manual for BLUPF90 family of programs**, Athens: University of Georgia.
- Misztal, I., D. Lourenco, And A. Legarra. 2020. Current status of genomic evaluation. *Journal of Animal Science*. 98:skaa101.
- Poppe M., Mulder H.A., Ducro B.J., & Jong G. 2019. Genetic analysis of udder conformation traits derived from automatic milking system recording in dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 102, 1386-1396.

# Organismos Aquáticos





**Associação genética entre características de crescimento de tilápias do Nilo na presença de interação genótipo ambiente**

Mário L. Santana<sup>1\*</sup>, Mônica D. Mourão<sup>1</sup>, Annaiza B. Bignardi<sup>1</sup>, Rodrigo J. Pereira<sup>1</sup>, Carlos A.L. de Oliveira<sup>2</sup>, Ricardo P. Ribeiro<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso, Curso de Zootecnia, ICAT, UFR, Rondonópolis, Mato Grosso, Brasil

<sup>2</sup>Núcleo de Pesquisa PeixeGen, Departamento de Zootecnia, UEM, Maringá, Paraná, Brasil

\*Autor correspondente: [santana@ufr.edu.br](mailto:santana@ufr.edu.br)

**Resumo:** Diversos estudos conduzidos sobre a interação genótipo ambiente (G×E) em espécies de aquicultura tem utilizado abordagem uni-característica, no entanto os programas de melhoramento tem selecionado para várias características. Assim, foi nosso interesse utilizar um modelo de reação multi-características para analisar o relacionamento genético entre características de crescimento de tilápias do Nilo na presença de G×E. Um modelo de norma de reação multi-características foi aplicado aos dados de 12.192 animais avaliados para peso vivo (PV), comprimento do tronco (CT) e porcentagem de cabeça (PC). O descritor ambiental adotado foram as soluções de grupos de contemporâneos para PV. A razão entre variância aditiva de inclinação e intercepto das normas de reação variou de 0,59 a 0,70, o que demonstrou a presença de G×E para PV, CT e PC. As estimativas de herdabilidade exibiram variação de até 300% ao longo do descritor ambiental. Assim, as respostas à seleção para PV, CT e PC devem ser diferentes dependendo do ambiente de produção. Dadas as estimativas de correlação genética acima de 0,85 ao longo do descritor ambiental, a seleção para aumento de PC ou CT levará a reposta correlacionada recíproca favorável independentemente do ambiente. As correlações genéticas entre PV e PC e entre CT e PC alcançaram valores negativos em ambientes melhores. Assim, a seleção para aumento de PC ou CT contribui para redução mais expressiva da PC em ambientes de produção favoráveis.

**Palavras-chave:** norma de reação, peixes, plasticidade fenotípica, sensibilidade ambiental.

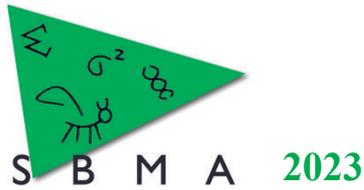
**Genetic association between growth traits of Nile tilapia in the presence of genotype by environment interaction**

**Abstract:** Several studies conducted on genotype by environment interaction (G×E) in aquaculture species have used a single-trait approach, however breeding programs have selected for several traits. Thus, it was our interest to use a multiple-trait reaction norm model to analyze the genetic relationship between Nile tilapia growth traits in the presence of G×E. A multiple-trait reaction norm model was applied to data from 12,192 animals evaluated for body weight (BW), trunk length (TL) and head percentage (HP). The adopted environmental descriptor was the solutions of contemporary groups for BW. The ratio between slope and additive genetic intercept of the reaction norms ranged from 0.59 to 0.70, which demonstrated the presence of G×E for BW, TL, and HP. The heritability estimates showed variation of up to 300% along the environmental descriptor. Thus, the selection responses for BW, TL, and HP should be different depending on the production environment. Given genetic correlation estimates greater than 0.85 across the environmental descriptor, selection for increased BW or TL will lead to a favorable reciprocal correlated response regardless of environment. The genetic correlations between BW and HP and between TL and HP reached negative values in better environments. Thus, the selection to increase the BW or TL contributes to a more expressive reduction of the HP in favorable production environments.

**Keywords:** environmental sensitivity, fish, phenotypic plasticity, reaction norm.

**Introdução**

A maioria dos estudos conduzidos sobre a interação genótipo ambiente (G×E) em espécies de aquicultura tem utilizado abordagem uni-característica, no entanto os programas de melhoramento genético tem selecionado para múltiplas características simultaneamente. Como a G×E pode afetar os parâmetros genéticos e a resposta à seleção para diferentes características, é necessário que sejam avaliados esses parâmetros para todas as características que se deseja selecionar nos diferentes ambientes. Diferente dos



modelos de estado discreto para análise da  $G \times E$  em que, uma mesma característica mensurada em ambientes distintos é assumida como diferente, os modelos de norma de reação possibilitam a visualização das curvas de resposta de genótipos sobre um gradiente ambiental (Via e Lande, 1985; Kirkpatrick e Heckman, 1989). Além disso, as normas de reação possibilitam de forma prática detectar a presença da  $G \times E$  e o grau de sensibilidade ambiental dos genótipos. Foi nosso interesse neste estudo utilizar um modelo de norma de reação multi-características para analisar o relacionamento genético entre características de crescimento de tilápias do Nilo na presença de  $G \times E$ .

#### Material e Métodos

Os dados de tilápias do Nilo da linhagem Tilamax cultivadas em tanques-rede foram obtidos do Programa de Melhoramento Genético de Tilápias do Nilo da UEM. Os animais foram pertencentes a seis gerações de peixes melhorados geneticamente derivados originalmente do projeto GIFT. As características avaliadas foram peso vivo (PV, g), comprimento do tronco (CT, cm) e porcentagem de cabeça (PC, %). O CT foi calculado como a diferença entre o comprimento padrão e o comprimento da cabeça, e a PC foi calculada como o comprimento da cabeça dividido pelo comprimento padrão multiplicado por 100. Foram analisados fenótipos de 12.192 tilápias oriundas de 413 famílias. Inicialmente foram estimadas as soluções de grupos de contemporâneos (GC: tanque-rede e ano de cultivo) para PV por meio de um modelo animal padrão. Essas soluções foram então utilizadas como descritor ambiental em um modelo de norma de reação para a estimação de componentes de (co)variância. O modelo de norma de reação multi-características considerou o efeito genético aditivo de animal regredido sobre o descritor ambiental, GC, sexo, idade da mensuração (covariável linear e quadrática), efeito comum de meio (família) e o resíduo (três classes: ambiente inferior, médio e superior). A matriz de parentesco incluiu 12.687 animais. A análise foi realizada por abordagem bayesiana usando o programa GIBBS3F90 (Misztal et al., 2002). Uma cadeia com 1.000.000 de amostras foi gerada, com um período de burn-in de 100.000 e um intervalo de descarte de 100 amostras.

#### Resultados e Discussão

A razão entre variância aditiva de inclinação e intercepto das normas de reação foi de 0,59, 0,65 e 0,70 para PV, CT e PC, respectivamente. A magnitude dessas estimativas é suficientemente grande para confirmar a presença de  $G \times E$  e verificar substancial variação genética associada à resposta genética dos animais ao ambiente de produção para as características estudadas. O PV apresentou as maiores estimativas médias de herdabilidade (0,40) com valores variando de 0,36 a 0,73. O CT apresentou média posterior das estimativas de herdabilidade de 0,34 (0,20 a 0,48) e a PC de 0,12 (0,07 a 0,21). Nesse sentido, as respostas à seleção para PV, CT e PC no programa de melhoramento genético em questão devem ser diferentes dependendo da qualidade do ambiente de produção das tilápias. Esses resultados foram consistentes com aqueles reportados por Araújo et al. (2020) para a mesma população de tilápias analisada aqui.

A média posterior das estimativas de correlação genética entre PV e CT foi forte e positiva (0,92) nos diferentes ambientes de produção (Figura 1), variando de 0,85 a 0,97. Portanto espera-se que a seleção para maior PV leve a aumento expressivo do CT. Para PV e PC as correlações genéticas foram relativamente baixas e negativas (média de -0,12), com exceção dos valores obtidos nos ambientes favoráveis, onde as correlações foram fortes e negativas (-0,63). Assim a seleção para maior PV terá como resposta correlacionada uma redução favorável da PC em ambientes favoráveis. O mesmo comportamento foi observado para a correlação entre CT e PC. A média posterior das estimativas de correlação genética entre CT e PC foi de -0,28 (-0,05 a -0,77). Nesse sentido, a seleção para CT contribui para desejável redução da PC especialmente em ambientes melhores.

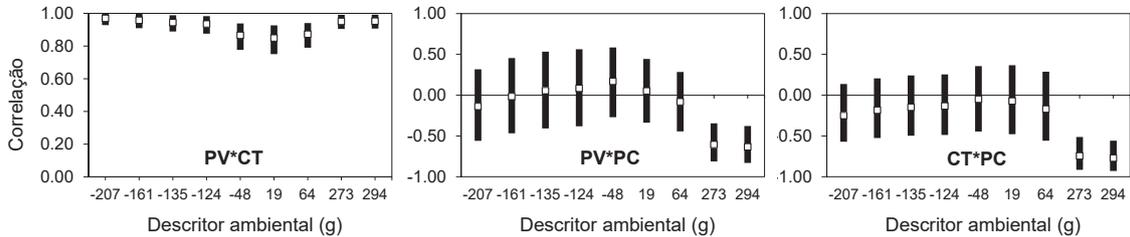


Figura 1. Médias (quadrados brancos) e intervalos de credibilidade 95% (barras verticais) das estimativas de correlação genética ao longo do descritor ambiental entre peso vivo (PV), comprimento de tronco (CT) e porcentagem de cabeça (PC) de tilápias do Nilo criadas em tanques-rede.

### Conclusão

O modelo de norma de reação multi-características se mostrou como ferramenta útil para analisar o relacionamento genético entre características de crescimento na presença de G×E. Foi observada G×E para o PV, CT e PC de tilápias do Nilo criadas em tanques-rede. A seleção para aumento de PC ou CT levará a reposta correlacionada recíproca favorável independentemente do ambiente de produção. Adicionalmente, a seleção para aumento de PC ou CT contribui para redução mais expressiva da PC em ambientes de produção favoráveis.

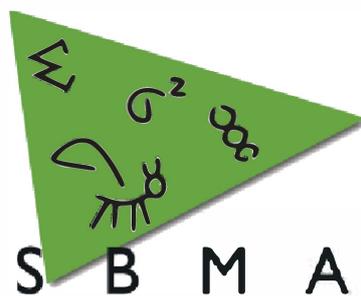
### Agradecimentos

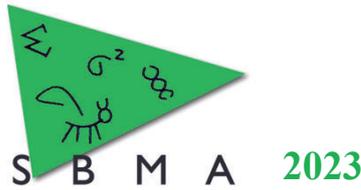
Agradecemos à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT, processo nº: 0350812/2021) pela bolsa de Mestrado recebida por Mônica D. Mourão. Agradecemos também ao CNPq pelas bolsas de pesquisa recebidas por Annaiza B. Bignardi (305879/2019-7), Rodrigo J. Pereira, Ricardo P. Ribeiro e Mário L. Santana (305898/2019-1).

### Literatura citada

- Araújo, F.C.T., Oliveira, C.A.L., Campos, E.C., Yoshida, G.M., Lewandowski, V., Todesco, H., Nguyen, N.H., & Ribeiro, R.P. 2020. Effects of genotype × environment interaction on the estimation of genetic parameters and gains in Nile tilapia. **Journal of Applied Genetics**, 61, 575-580.
- Kirkpatrick, M. & Heckman, N. 1989. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, 27, 429-450.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T. & Lee, D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Anais... In: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France, p. Vol. 28, No. 07.
- Via, S. & Lande, R. 1985. Genotype-environment interaction and the evolution of phenotypic plasticity. **Evolution**, 39, 505-522.

# Bem estar e Comportamento





**Análises *in silico* revelam deleção na região promotora do gene *PRLR* em população da raça Gir: um possível papel na tolerância ao estresse térmico**

Julianna Marie Torres<sup>1\*</sup>, Pablo Henrique Ferreira<sup>1</sup>, Emily Alves Rodrigues Almeida<sup>1</sup>, Josimara Rocha Pereira<sup>1</sup>, Marta Fonseca Martins<sup>2</sup>, João Claudio Panetto<sup>2</sup>, Marco Antonio Machado<sup>2</sup>, Marcos Vinícius<sup>2</sup>, Ana Fabrícia Braga Magalhães<sup>1</sup>, Lucas Lima Verardo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales de Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), Diamantina, Minas Gerais, Brasil.

<sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Gado de Leite (EMBRAPA), Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil.

\*Autor correspondente: [julianna.torres@ufvjm.edu.br](mailto:julianna.torres@ufvjm.edu.br)

**Resumo:** Estratégias em busca de explorar características como a tolerância ao estresse térmico para raças menos adaptadas ganham um espaço cada vez maior dentro da produção animal. Em se considerando o estresse térmico, o gene receptor da prolactina (*PRLR*) necessita ser mais estudado, uma vez que diferentes mutações neste gene, também conhecido como *slick hair*, estão relacionadas à maior tolerância em animais *Bos taurus* adaptados. Assim, objetivou-se, com este estudo, analisar *in silico* a região à montante do gene *PRLR* em busca de variantes (inserções e deleções) na raça Gir com possíveis efeitos na ligação de fatores de transcrição (FT) associados ao estresse térmico. Para isso, dados de ressequenciamento de 13 animais da raça Gir foram utilizados para identificar tais variantes, sendo selecionadas apenas aquelas na região à montante do gene *PRLR*. Como resultado, observou-se uma nova deleção de 10 pb na sua região promotora. As sequências desta região (original e mutante) foram utilizadas para buscar sítios de ligação de fatores de transcrição (FT), tendo sido observado que a sequência contendo a deleção apresentou ligação do FT *KLF4* no local. Assim, como o *PRLR*, este FT pode estar relacionado à resposta ao calor, e desta forma, podem atuar juntos na tolerância ao estresse térmico em bovinos, sendo necessários estudos *in vitro* e *in vivo* para confirmar sua possível ação na tolerância ao estresse térmico em bovinos da raça Gir.

**Palavras-chave:** ANÁLISES FUNCIONAIS, BOVINOCULTURA, GENÔMICA, INDEL.

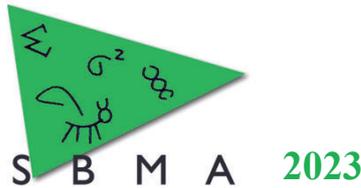
***In silico* analyses reveals a deletion in the *PRLR* promoter gene of the Gir breed population: a possible role in thermal tolerance stress**

**Abstract:** Strategies that explore traits like thermal stress resistance for less adapted breeds are gradually gaining ground in animal production. Considering the thermal stress, the prolactin receptor gene (*PRLR*) needs to undergo further studies due to mutations in this gene, also known as *slick hair* and has been shown to be related to a higher thermal tolerance in adapted *Bos taurus* animals. Thus, the aim of this study was to analyze *in silico* the upstream region of *PRLR* gene, looking for variants (insertions and deletions) in the Gir breed with possible effects on the binding of transcription factors (TF) associated with heat stress. Therefore, resequencing data from 13 animals of Gir breed were used to identify those variants. Only those in the upstream regions of *PRLR* gene were selected. As a result, a new deletion of 10bp in its promoter region was observed. The sequences of this region (original and mutant) were used to search for transcription factor binding sites. It was observed that the sequence with a deletion included a binding site for *KLF4* TF. Like *PRLR*, this TF can be related to thermal response, and thus, they could possibly play a role together in thermal resistance in cattle. Overall, *in vitro* and *in vivo* studies are necessary to confirm their possible action in the thermal tolerance of Gir breed population.

**Keywords:** CATTLE FARMING, FUNCTIONAL ANALYSIS, GENOMICS, INDEL.

### Introdução

Os produtores de bovinos com propriedades localizadas em regiões tropicais buscam ferramentas que melhorem a produção, enquanto tentam reduzir os efeitos dos climas quentes e, ou úmidos sobre os animais. Entre as possíveis alternativas para mitigar este efeito está o cruzamento entre raças zebuínas e europeias, o qual objetiva melhorar os índices produtivos e reprodutivos, tanto em raças leiteiras quanto de corte. Considerando as raças leiteiras, o cruzamento mais utilizado é o envolvendo as raças Gir e Holandesa, produzindo um animal mais tolerante ao clima tropical e com melhores performances reprodutivas e



produtivas. Esse cruzamento, inclusive, inspirou a formação da raça sintética Girolando (Silva et al., 2022), que vem ganhando cada vez mais espaço entre os produtores justamente pela sua boa produção aliada a rusticidade. Um fator crucial na capacidade de tolerância e rusticidade destes animais pode ser explicado pela sua habilidade em tolerar o estresse térmico por calor.

Neste sentido, o gene do receptor da prolactina (*PRLR*) apresenta um grande potencial de estudo por ser associado a resistência ao estresse térmico (Hansen, 2020). Além disso, esse gene contém as mutações chamadas *slick-hair* que promovem a tolerância ao estresse térmico em animais *Bos taurus* adaptados (Florez Murillo et al. 2021), porém mais informações sobre possíveis variantes em uma raça zebuína como o Gir ainda precisam ser exploradas. Assim, objetivou-se analisar *in silico* a região a montante do gene *PRLR* em busca de variantes na raça Gir com possíveis efeitos na ligação de fatores de transcrição (FT) associados ao estresse térmico por calor.

#### Material e Métodos

Foram utilizados dados de resequenciamento de 13 animais da raça Gir. O sequenciamento, mapeamento e identificação das variantes foram realizados de acordo com o preconizado no projeto 1000Bulls, sendo obtido um total de 375.802.569,5 *reads*, com 99,75% de mapeamento e cobertura de 15,77 X. Inserções e deleções foram identificadas de acordo com a montagem atualizada do genoma bovino (ARS-UCD1.2). Uma vez identificadas, as variantes foram classificadas de acordo com sua posição e selecionadas apenas aquelas na região à montante do gene *PRLR* usando a ferramenta Ensembl Variant Effect Predictor (VEP, version 84).

Dentre as variantes identificadas, uma nova deleção de 10 pb foi observada a aproximadamente 739 pb de distância do início de transcrição do gene *PRLR*, mais especificamente, na isoforma (*XM\_005221579.4*). Assim, sua sequência à montante (3000kb) foi obtida no banco de dados do NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/281422>), para a obtenção de dois arquivos FASTA, sendo um com a sequência original do bovino e outra com a deleção. Estas sequências foram utilizadas como entrada no programa TFM-explorer para buscar por sítios de ligação de fatores de transcrição (SLFT) usando matrizes de peso do banco de dados de vertebrados JASPAR.

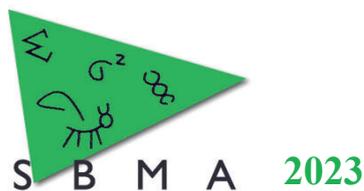
#### Resultados e Discussão

Foi observado que a sequência contendo a deleção apresentou um novo sítio de ligação do FT *KLF4* no local (Figura 1). Assim como o *PRLR*, este FT está relacionado com a resposta ao estresse térmico por calor em camundongos e em ensaios celulares (Liu et al., 2006). Além disso, o gene *KLF4* codifica a proteína Kruppel-like fator 4, e apresenta funções diversas, sendo expressa em tecidos como coração, pulmões, cérebro, rins e músculo esquelético (Liu et al., 2006). Entre as funções deste gene, observa-se uma relação com o crescimento celular, sendo identificado nas células-tronco do folículo piloso em camundongos (Li et al., 2012). Uma vez que o gene *PRLR* atua na regulação do crescimento do folículo piloso (Littlejohn et al., 2014) e o *KLF4* como um regulador do crescimento celular, é possível que esses dois genes atuem juntos para influenciar, não somente o crescimento folicular, mas também na regulação do estresse térmico.

WT            5' – GGGCAGCGGTGGTGGTGGGGGGGGGGGGGGGTGGGCAG – 3'



MT            5' – GGGCAGCGGTGGTGGGGGGGGGTGGGCAG – 3'



**Figura 1.** Região promotora do gene *PRLR* em bovinos (WT) e a região com a deleção observada na população da raça Gir (MT). As bases em caixa vermelha mostram o sítio de deleção da variante em amarelo. As bases em azul correspondem ao sítio de ligação para o fator de transcrição *KLF4* (balão azul).

#### Conclusão

Neste estudo observamos que uma nova deleção identificada na região promotora do gene *PRLR* da raça Gir apresentou um novo sítio de ligação do fator de transcrição *KLF4*. Uma vez que estes compartilham ações biológicas relacionadas ao estresse térmico, sugere-se que a deleção identificada neste estudo possa ser utilizada em futuros estudos *in vitro* e *in vivo* para confirmar sua possível ação na resistência ao estresse térmico em bovinos da raça Gir.

#### Agradecimentos

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG (processo APQ-01834 -18) pelo apoio financeiro.

#### Literatura citada

Flórez Murillo J.M., Landaeta-Hernández A.J., Kim E.S., Bostrom J.R., Larson, S. A., Pérez O'Brien A. M., Montero-Urdaneta M.A., Garcia J.F., & Sonstegard T.S. 2021. Three novel nonsense mutations of prolactin receptor found in heat-tolerant *Bos taurus* breeds of the Caribbean Basin. **Animal Genetics**, 52(1), 132-134.

Hansen P. J. 2020. Prospects for gene introgression or gene editing as a strategy for reduction of the impact of heat stress on production and reproduction in cattle. In **Theriogenology** Vol. 154, pp. 190–202. Elsevier Inc.

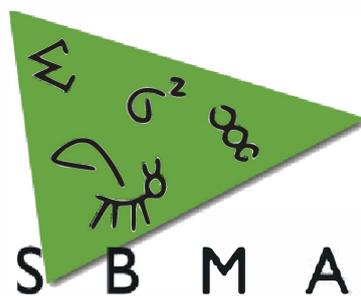
Li J., Zheng H., Wang J., Yu F., Morris R. J., Wang T. C., Huang S., & Ai W. 2012. Expression of kruppel-like factor *KLF4* in mouse hair follicle stem cells contributes to cutaneous wound healing. **PLoS ONE**, 7(6).

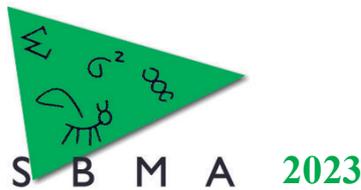
Littlejohn M. D., Henty K. M., Tiplady K., Johnson T., Harland C., Lopdell T., Sherlock R. G., Li W., Lukefahr S. D., Shanks B. C., Garrick D. J., Snell R. G., Spelman R. J., & Davis S. R. 2014. Functionally reciprocal mutations of the prolactin signaling pathway define hairy and slick cattle. **Nature Communications**, 5.

Liu Y., Wang J., Yi Y., Zhang H., Liu J., Liu M., Yuan C., Tang D., Benjamin I. J., & Xiao X. 2006. Induction of *KLF4* in response to heat stress. In **Cell Stress & Chaperones** (Vol. 11, Issue 4). Cell Stress Society International.

Silva M.V.G.B., Ferreira Junior E., Panetto J. C. C., Paiva L.C., Machado M.A., Faza D.R.L.R., Dos Santos Daltro D., Negri R., Kluska S., Martins M.F., & Borges C. A. V. 2022. **Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando - avaliação genética/genômica de fêmeas**. (1ª Edição). Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite.

# Estatística Aplicada ao Melhoramento Animal





**Acurácia, correlação, dispersão, e vies de predições genômicas para a característica consumo alimentar residual em animais Nelore**

Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva<sup>1</sup>, Émerson Guimarães de Moraes<sup>2</sup>,  
Leonardo F. N. Souza<sup>2</sup>, Henrique Nunes Oliveira<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, FMVZ/UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

<sup>2</sup> Qualitas Melhoramento Genético, Aparecida de Goiânia, GO, Brasil

<sup>3</sup> Departamento de Zootecnia, FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [augusto.ii@unesp.br](mailto:augusto.ii@unesp.br).

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi avaliar a precisão da predição dos valores genéticos genômicos com a inclusão de dados genotípicos e fenótipos da característica consumo alimentar residual (CAR) de bovinos Nelore. Dados de CAR nos TEA realizados de 2010 a 2022, de 1.522 touros Nelore, com idade média de 20 m e peso médio de 540kg, progênie de 280 touros e 1395 matrizes, foram analisados. Todos os touros com fenótipo possuíam genótipos e fazem parte de banco de 4.743 animais genotipados. Análises para obter os valores genéticos para o CAR foram realizadas com o pacote BLUPF90+, usando modelo animal considerando o método SGBLUP. A precisão da predição dos valores genéticos genômicos foi estimada com base nos valores genéticos genômicos do banco de dados completo (todos os fenótipos e genótipos existentes, AVAL\_GF) e três bancos de dados parciais formado pela eliminação dos genótipos e fenótipos (AVAL\_00), somente dos genótipos (AVAL\_0F) e somente dos fenótipos (AVAL\_G0) dos 109 touros do TEA de 2022. De posse dos valores genéticos do banco completo ( $\hat{u}_c$ ) e dos bancos parciais ( $\hat{u}_p$ ) foram calculados os procedimentos constantes no método LR. Os valores obtidos dos procedimentos demonstraram que as predições dos valores genéticos dos 109 animais foram acuradas. Touros jovens podem ter seus valores genéticos genômicos estimados com precisão para a característica consumo alimentar residual com base em população referência.

**Palavras-chave:** *Bos taurus indicus*, imputação, touros.

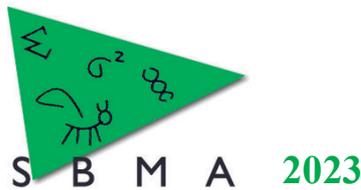
**Accuracy, bias, correlation, and dispersion of genomic predictions for residual feed intake trait in Nelore animals**

**Abstract:** The objective of this work was to evaluate the accuracy of prediction of genomic genetic values with the inclusion of genotypic data and phenotypes of the trait residual feed intake (RFI) of Nelore cattle. CAR data in the TEA carried out from 2010 to 2022 of 1,522 Nelore bulls, with an average age of 20 m and average weight of 540 kg, progenies of 280 bulls and 1395 matrices, were analyzed. All bulls with phenotype had genotypes and are part of a bank of 4,743 genotyped animals. Analyzes to obtain genetic values for CAR were performed with the BLUPF90+ package, using an animal model considering the SGBLUP method. Prediction accuracy of genomic breeding values was estimated based on genomic breeding values from the complete database (all existing phenotypes and genotypes, AVAL\_GF) and three partial databases formed by eliminating genotypes and phenotypes (AVAL\_00), only from genotypes (AVAL\_0F) and only the phenotypes (AVAL\_G0) of the 109 bulls from the 2022 TEA. With the genetic values of the complete bank ( $\hat{u}_c$ ) and partial banks ( $\hat{u}_p$ ) the procedures constant in the LR method were calculated. The values obtained from the procedures demonstrated that the predictions of the genetic values of the 109 animals were accurate. Young bulls can have their genomic genetic values accurately estimated for the trait residual feed intake based on a reference population.

**Keywords:** *Bos taurus indicus*, imputation, sires.

**Introdução**

Os modelos de avaliação genética dos desempenhos de animais de produção foram modificados com a incorporação dos marcadores genéticos do tipo SNPs, o consagrado método BLUP que incorporava o parentesco dos animais por meio da inclusão do pedigree dos animais com fenótipos e de seus colaterais e ancestrais, foi alterado com a inclusão do parentesco genômico, passando a ser descrito como GBLUP (BLUP genômico) e a partir de 2010, Aguilar et al. (2010) implementaram o SGBLUP (Single Step



GBLUP), que em passo único permite a obtenção dos valores genéticos genômicos combinando além dos fenótipos e pedigree, os genótipos dos animais.

Segundo Legarra e Reverter (2018), as propriedades dos modelos genéticos genômicos raramente são bem conhecidas, o que pode levar a resultados inesperados, e apresenta como exemplo as previsões dos valores genéticos genômicos viesadas de touros jovens em bovinos de leite na Nova Zelândia, onde os valores se apresentaram superestimados, conforme verificado por teste de progênie posteriormente. Ressaltando a importância de ferramentas para classificar e quantificar o comportamento das previsões.

Metodologias de validação foram descritas na literatura, Legarra e Reverter (2018) descrevem algumas limitações e apresentam procedimentos semi-paramétricos, denominado método LR (Regressão linear), para verificar a precisão analisando os dados com e sem genótipos, e com arquivos de dados total e parciais.

O objetivo deste foi avaliar a precisão da predição dos valores genéticos genômicos com a inclusão de dados genotípicos e fenótipos da característica consumo alimentar residual (CAR) de bovinos Nelore.

### Material e Métodos

Os dados para o desenvolvimento do estudo foram disponibilizados pelo Programa de Melhoramento Nelore Qualitas, que reúne 59 propriedades em oito estados brasileiros, que possuem em sua maioria sistema alimentar extensivo, com uso de suplementação no período seco. Os reprodutores são selecionados com base em índice empírico, composto pelo peso à desmama, ganho pós desmama, e perímetro escrotal e musculosidade aos 450 dias de idade. A cada safra de nascimento, os 25% melhores com base no índice recebem CEIP, e os 120 melhores são escolhidos para participar de teste de eficiência alimentar (TEA).

Dados de CAR nos TEA realizados de 2010 a 2022, de 1.522 touros Nelore, com idade média de 20 m e peso médio de 540kg, progênies de 280 touros e 1395 matrizes, foram analisados. Todos os touros com fenótipo possuíam genótipos e fazem parte de banco de 4.743 animais genotipados em painéis de diferentes tamanhos (~777k, 609; ~74k, 958; ~70k, 128; ~56k, 345; ~54, 1.991 e ~29k, 712).

A imputação dos SNPs ausentes nos painéis de menor densidade para a referência do painel BovineHD foi realizada com o programa FImpute v.3 (Sargolzaei et al., 2014), com utilização do pedigree dos animais. Trabalhos descreveram que a imputação de marcadores para o painel BovineHD é possível em gado Nelore (Hermisdorff et al. 2020). O uso de painéis HD de referência melhora a precisão dos genótipos imputados e fornece genótipos dos marcadores em baixa frequência para uso em análises.

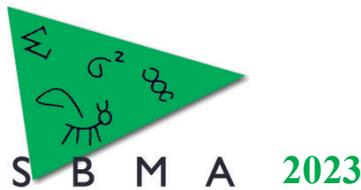
Controle de qualidade (QC) dos dados genotípicos após a imputação foi realizado, SNPs não autossômicos, não mapeados ou duplicados foram descartados, bem como aqueles com *call rate* menor que 0,98, MAF menor que 0,05 e valor de p menor que  $10^{-5}$  para o teste de Hardy-Weinberg. Apenas amostras com *call rate* superior a 0,90 foram mantidas. O QC foi realizado utilizando o programa preGSf90 (Miształ et al., 2023). Após QC, o número de animais e SNPs retidos foi de 4.743 e 468.658, respectivamente.

Análises para obter os valores genéticos para a característica CAR foram realizadas com o pacote BLUPF90+, usando modelo animal considerando o método SSGBLUP de etapa única da seguinte forma:  $y = X\beta + Za + e$ , onde  $y$  é o vetor de CAR;  $\beta$  é um vetor com os efeitos fixos do GC (definido pelos animais participantes do teste no mesmo ano e baía) e idade no início do teste como uma covariável linear;  $a$  é um vetor de efeitos genéticos aditivos assumidos como normalmente distribuído  $N(0, H \otimes \sigma_a^2)$ , em que  $\sigma_a^2$  é a variância genética aditiva e  $H$  é a matriz de pedigree genômico,  $\otimes$  é o produto de Kronecker, e  $e$  é um vetor residual, assumido  $N(0, I \otimes \sigma_e^2)$ , onde  $I$  é a matriz identidade, e  $\sigma_e^2$  é a variância residual. Os  $X$  e  $Z$  são matrizes de incidência relacionando os efeitos fixos e genéticos aditivos, respectivamente.

O  $H$  é uma matriz que combina pedigree e informações genômicas, e sua inversa ( $H^{-1}$ ) é dado por:  $H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$ , onde  $A^{-1}$  é a matriz inversa de pedigree,  $A_{22}^{-1}$  representa a matriz inversa de parentesco aditivo dos genotipados e  $G^{-1}$  é a matriz inversa de parentesco genômica. O pedigree agregou os ascendentes até a quarta geração resultando em 13.812 animais, filhos de 1.306 touros e 8.468 matrizes.

A precisão da predição dos valores genéticos genômicos foi realizada estimada com base nos valores genéticos genômicos do banco de dados completo (todos os fenótipos e genótipos existentes, AVAL\_GF) e três bancos de dados parciais formado pela eliminação dos genótipos e fenótipos (AVAL\_00), somente dos genótipos (AVAL\_0F) e somente dos fenótipos (AVAL\_G0) dos 109 touros do TEA de 2022.

De posse dos valores genéticos do banco completo ( $\hat{u}_c$ ) e dos bancos parciais ( $\hat{u}_p$ ) foram calculados os procedimentos constantes no método LR:



Acúrcia ( $ACC_{LR}$ )	Dispersão ( $Dis_{LR}$ )	Correlação
$r_{A\hat{A}} = \sqrt{\frac{cov(\hat{u}_c, \hat{u}_p)}{(1 + F + 2P)\sigma_g^2}}$	$b_{c,p} = 1 - \left(\frac{cov(\hat{u}_c, \hat{u}_p)}{var(\hat{u}_p)}\right)$	$\rho_{p,c} = \frac{cov(\hat{u}_c, \hat{u}_p)}{\sqrt{var(\hat{u}_c) * var(\hat{u}_p)}}$

onde F e 2P é o coeficiente de endogamia e parentesco médio dos 109 touros do TEA de 2022, respectivamente, e  $\sigma_{g,i}^2$  é a variância genética estimada considerando o banco de dados total. Foi também calculado o viés ( $Vies_{LR}$ ) segundo o Método LR, por meio da diferença da média dos valores genéticos do banco completo ( $\hat{u}_c$ ) e dos bancos parciais ( $\hat{u}_p$ ) dos 109 touros do TEA de 2022.

### Resultados e Discussão

Os valores obtidos dos procedimentos demonstraram que as predições dos valores genéticos (VG) dos 109 animais do TEA de 2022 foram precisos (Tabela 1), incluindo ou não os fenótipos e/ou genótipos. Os valores sugerem que a população referência se apresenta adequada para as estimativas dos VG do CAR.

O aumento na acurácia da previsão, por meio dos procedimentos avaliados do grupo AVAL\_OF com relação aos dois outros pode ser atribuído em parte às relações de parentesco entre os touros participantes dos TEA. Como o número de medidas fenotípicas ainda é relativamente pequeno (os 109 fenótipos incluídos representam 7% do total de fenótipos) é natural que haja aumento maior com a inclusão dos fenótipos dos animais avaliados do que com a inclusão dos genótipos. A correlação apresentada na última coluna da Tabela 1, indica que após a inclusão dos fenótipos o aumento possível na acurácia com a inclusão dos genótipos é pequeno (pouco mais de 7%). Por outro lado, após a inclusão dos genótipos, a inclusão dos fenótipos representaria um aumento de quase 30% na acurácia. Ainda assim, a genotipagem dos animais sem fenótipo garante ganho importante de acurácia para a predição dos valores genéticos para essa característica. Com relação ao procedimento  $Vies_{LR}$ , os dados parciais que inclui somente os genótipos demonstraram maior acurácia. Este resultado sugere que o procedimento  $Vies_{LR}$  pode estar mais relacionado com a presença dos genótipos na base de dados da avaliação, que neste caso apresentou maior importância que os fenótipos de CAR.

**Tabela 1.** Acúrcia ( $ACC_{LR}$ ), viés ( $Bias_{LR}$ ) e dispersão ( $Dis_{LR}$ ) e correlação dos valores genéticos genômicos para característica consumo alimentar residual

	$ACC_{LR}$	$Dis_{LR}$	$Vies_{LR}$	Correlação
AVAL_00	0,278	0,932	-0,011	0,546
AVAL_OF	0,454	1,015	-0,011	0,929
AVAL_G0	0,362	0,919	-0,001	0,706

### Conclusão

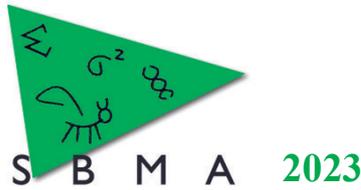
Touros jovens podem ter seus valores genéticos genômicos estimados com precisão para a característica consumo alimentar residual com base em população referência

### Agradecimentos

Ao Programa Nelore Qualitas pela cessão dos dados, apoio e financiamento do estudo.

### Literatura citada

- Legarra A, Reverter A. 2008. Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genet. Sel. Evol.** 50, 53.
- Aguilar, I.; Misztal, I.; Johnson, D.L.; Legarra, A.; Tsuruta, S.; Lawlor, T.J. 2010. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **J. Dairy Sci.** 93, 743–752.
- Sargolzaei, M.; Chesnais, J.P.; Schenkel, F.S. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. **BMC Genomics** 15, 1–12.
- Hermisdorff, I.D.C.; Costa, R.B.; Albuquerque, L.G.; Pausch, H.; Kadri, N.K. 2020. Investigating the accuracy of imputing autosomal variants in Nelore cattle using the ARS-UCD1.2 assembly of the bovine genome. **BMC Genomics.** 21, 772.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Lourenco, D.; Aguilar, I.; Legarra, A.; Vitezica, Z. 2023. Manual for BLUPF90 Family of Programs, Univ. Georg, Athens, USA. [http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/xe/fetch.php?media=blupf90\\_all8.pdf](http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/xe/fetch.php?media=blupf90_all8.pdf)



### Ajuste de curva de produção de ovos utilizando modelos não lineares em codornas poedeiras

Ana Carolina de Jesus Oliveira<sup>1\*</sup>, Tádía Emanuele Stivanin<sup>1</sup>, Rafael Nakamura Watanabe<sup>1</sup>, Julia Lisboa Rodrigues<sup>1</sup>, Roney Teixeira da Silva<sup>3</sup>, Marcos Eli Buzanskas<sup>3</sup>, Elias Nunes Martins<sup>2</sup>, Danísio Prado Munari<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV-UNESP), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup>Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Areia, Paraíba, Brasil.

\*Autor correspondente: [ana.j.oliveira@unesp.br](mailto:ana.j.oliveira@unesp.br)

**Resumo:** A aplicação de modelos matemáticos não lineares na análise da produção de ovos em codornas poedeiras possibilita identificação de pico de postura e a persistência ao longo do tempo. Neste estudo, foi utilizado banco de dados de uma linhagem de codornas de postura, contendo registros da produção de ovos ao longo de 31 semanas de postura de 1.248 fêmeas. Entre os modelos testados, e o modelo Logístico I apresentou o melhor ajuste aos dados da taxa de postura. Embora todos os modelos tenham demonstrado valores semelhantes de coeficiente de determinação ( $R^2$ ), indicando que foram capazes de explicar a variabilidade observada na produção de ovos, o critério de Akaike apontou o Logístico I como o modelo mais adequado. Esses resultados mostram que a aplicação desses modelos pode contribuir para maximizando a produção de ovos e contribuindo o programa de melhoramento genético de aves poedeiras.  
**Palavras-chave:** Coturnix coturnix japônica, curvas de produção de ovos, modelagem matemática

### Curve fitting of egg production using nonlinear models in laying quails

**Abstract:** In this study, a database of a commercial strain of laying quails was used, containing records of egg production over 31 weeks from 1,248 female quails. Different nonlinear models were tested, and the Logistic I model showed the best fit to the data of the laying rate. Although all models demonstrated similar coefficient of determination ( $R^2$ ) values, indicating their ability to explain the observed variability in egg production, the Akaike criterion identified the Logistic I model as the most suitable. These results demonstrate that the application of these models can contribute maximizing egg production and improving the genetic breeding program for laying quails.

**Keywords:** Coturnix coturnix japonica, egg production curves, mathematical modeling.

### Introdução

As codornas se destacam no setor avícola como aves de pequeno porte e fácil manejo. A produção de ovos é utilizada como critério de seleção e a taxa de postura como uma das métricas de desempenho nos programas de melhoramento genético de codornas poedeiras, visando aprimorar a eficiência produtiva e a qualidade dos ovos. A utilização de modelos não lineares na avaliação de linhagens de codornas poedeiras permite descrição mais precisa da curva de produção de ovos e interpretação biológica dos parâmetros estimados do pico de produção de ovos e da persistência de postura ao longo do ciclo produtivo (Savegnago et al., 2012).

Com base nessas informações, os melhoristas podem tomar decisões estratégicas visando otimizar a produção de ovos, garantir produtos de alta qualidade, atender às demandas do mercado e maximizar a eficiência e rentabilidade do setor avícola. O objetivo deste trabalho foi utilizar modelos não lineares para ajustar curvas de produção de ovos em uma linhagem de codornas de postura.

### Material e Métodos

No presente estudo foi utilizado banco de dados proveniente de linhagem comercial de codornas de postura, cedido pelo programa de melhoramento genético da empresa Vicami Codornas, localizada em Assis, SP. Registros de produção de ovos foram colhidos de 1.248 fêmeas, nascidas em três períodos de incubação. O período de colheita de dados abrangeu 31 semanas de produção de ovos, desde a 5<sup>a</sup> até a 35<sup>a</sup> semana de idade das aves. Registros de aves com produção inferior a 50 ovos foram excluídos do banco de dados. Para ajustar a curva de produção de ovos, foram utilizados os seguintes modelos não lineares:

- A. Brody, (Brody, 1945):  $y_t = a(1 - b_e^{-ct})e^{-xt}$
- B. Richards, (Richards, 1959):  $y_t = a(1 - b_e^{-ct})^d e^{-xt}$

C. Logístico I (Nelder, 1961):  $y_t = a(1 + b e^{-ct})^{-d} e^{-xt}$

D. Logístico II (Cason e Britton, 1988):  $y_t = a[1 + e^{(c+dt)}]^{-1} e^{-xt}$

Em todos os modelos apresentados, "y" representa a taxa de postura em "t" semanas. O parâmetro "a" corresponde ao valor assintótico da produção de ovos no pico de postura, enquanto "b" está associado ao crescimento da curva. A constante "c" desempenha papel adicional na equação. Por sua vez, o parâmetro "x" representa o decréscimo da produção após o pico, indicando a diminuição de ovos por fêmea por semana. No modelo Richards, o parâmetro "d" possui interpretação biológica específica, representando a idade à maturidade sexual, ou seja, a idade em que as aves iniciam a postura. Nos demais modelos, o parâmetro "d" não possui interpretação biológica. A estimação dos parâmetros do modelo foi realizada por meio do procedimento NLIN do programa SAS versão 9.2.

A qualidade do ajuste de cada modelo não linear foi avaliada por meio do critério de informação de Akaike (AIC), erro quadrático médio (MSE), coeficiente de variação ( $R^2$ ) e por análise gráfica. O critério de informação de Akaike foi calculado da seguinte forma:  $AIC = n \ln \left( \frac{SS_{\text{Erro}}}{n} \right) + 2 \cdot K$ , em que "n" é o número de pontos da curva de dados, "k" é o número de parâmetros no modelo e "SS<sub>Erro</sub>" representa a soma de quadrados do resíduo. Por sua vez, o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) foi calculado pela razão entre a soma dos quadrados do modelo e a soma total dos quadrados.

### Resultados e Discussão

Os parâmetros estimados para cada modelo e as métricas de avaliação de ajuste são apresentados na Tabela 1. Nos modelos Brody e Richards o valor do parâmetro "a" ultrapassou a unidade, indicando superestimava da produção de ovos no pico de postura, enquanto os modelos Logístico I e II apresentaram valor para o parâmetro "a" mais próximo ao valor real da taxa de postura. O modelo logístico II apresentou menor estimativa para o parâmetro "x" indicando maior persistência da postura para esta linhagem.

Ao analisarmos o critério de Informação de Akaike (AIC), verificamos que o modelo Logístico I (C) apresentou o menor valor, indicando ajuste mais adequado aos dados. O critério de Akaike leva em consideração tanto a qualidade do ajuste quanto a complexidade do modelo. Os valores de MSE indicam os modelos analisados tiveram erros residuais próximos de zero e os desvios durante o ciclo de produção de ovos foram semelhantes entre os modelos não lineares. Esses resultados são coerentes com os encontrados por Savegnago et al. (2012), em aves poedeiras da linhagem White Leghorn.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros dos modelos (a, b, c, d, x), critério de Akaike (AIC), coeficiente de determinação ( $R^2$ ) e erro quadrático médio (MSE) dos modelos utilizados para ajustar dados de produção semanal de ovos na população de codornas L1

Modelo	a	b	c	D	x	AIC	$R^2$	MSE
<b>Brody</b> (A)	1,0238	1,5629	0,5905	-	0,0069	142,85	92,36	0,0624
<b>Richards</b> (B)	1,0929	1,3145	0,2804	0,4424	0,0096	144,84	92,39	0,0622
<b>Logístico I</b> (C)	0,9786	16,4582	1,3994	-	-	141,38	92,27	0,0632
<b>Logístico II</b> (D)	0,9786	-	2,8005	-1,3992	0,0049	143,47	92,27	0,0632

Ao avaliarmos o  $R^2$ , constatou-se que não houve diferença expressiva entre os modelos estudados. Todos os modelos demonstraram valores de  $R^2$  próximos, sugerindo que foram capazes de explicar parcela semelhante da variabilidade observada na produção de ovos. Esses resultados indicam que, embora o modelo Logístico I apresente o melhor ajuste de acordo com o critério de Akaike, sua capacidade de explicar a variação nos dados não difere dos demais (Figura 1). Considerando tanto a qualidade do ajuste quanto a simplicidade do modelo, o Logístico I (C) pode ser indicado como a melhor opção para descrever a curva de produção de ovos das codornas poedeiras neste estudo.

### Conclusão

A aplicação de modelos não lineares na análise da produção de ovos em codornas poedeiras permite compreender melhor a curva de produção, identificando picos de postura e a persistência ao longo do tempo. O modelo logístico I é indicado para prever a produção semanal de ovos nessa linhagem, levando em conta a interpretação biológica dos parâmetros estimados e critérios estatísticos utilizados.

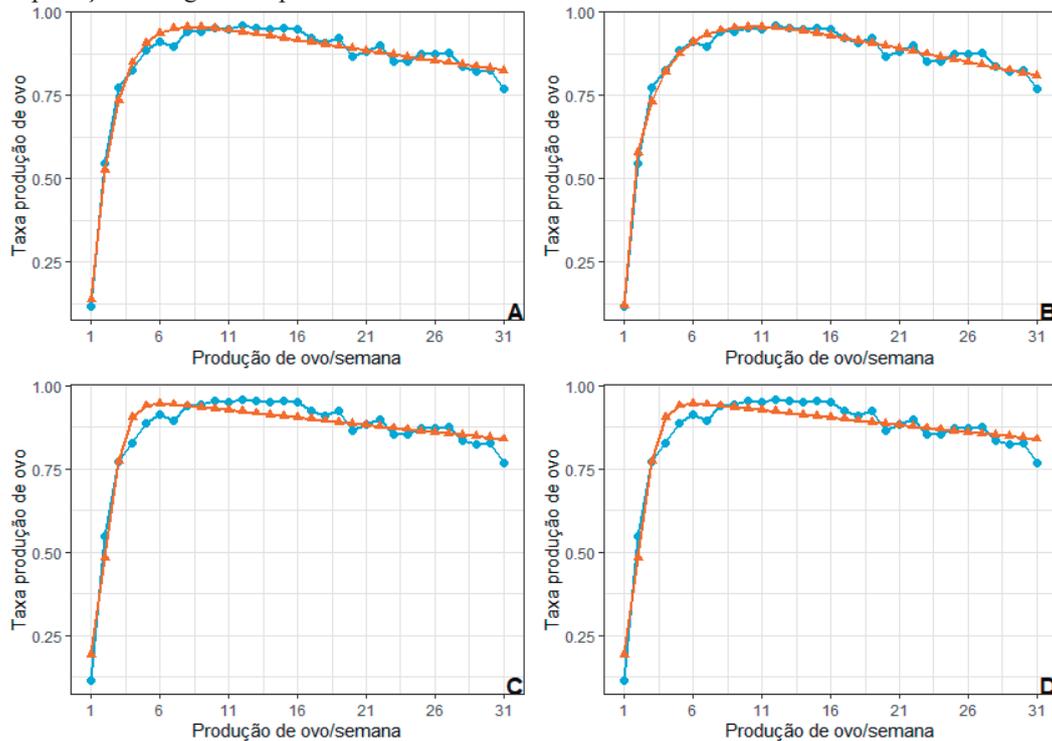


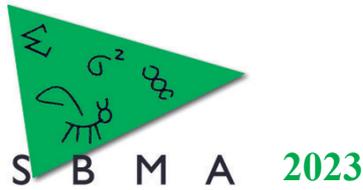
Figura 1. Curva de produção de ovos por semana utilizando modelos Brody (a), Richards (b), Logístico I (c) e LogísticoII (d). As previsões de ovos pelo modelo são representadas pela linha em laranja ▲, enquanto a produção de ovos observada é representada pela linha em azul ●.

#### Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudos e ao programa de melhoramento genético da empresa Vicami Codornas pela concessão dos dados.

#### Literatura citada

- Brody, S., Ragsdale, A. C., & Turner, C. W. (1923). THE RATE OF GROWTH OF THE DAIRY COW: IV. Growth and Senescence as Measured by the Rise and Fall of Milk Secretion with Age. **The Journal of General Physiology**, 6(1), 31-40.
- Cason, J. A., & Britton, A. W. (1988). Comparison of compartmental and Adams-Bell models of poultry egg production. **Poultry Science**, 67(2), 213-218.
- Nelder, J. A. (1961). The fitting of a generalization of the logistic curve. **Biometrics**, 17(1), 89-110.
- Richards, F. J. (1959). A flexible growth function for empirical use. **Journal of experimental Botany**, 10(2), 290-301.
- Savegnago, R. P., Cruz, V. A. R., Ramos, S. B., Caetano, S. L., Schmidt, G. S., Ledur, M. C., ... & Munari, A. D. (2012). Egg production curve fitting using nonlinear models for selected and nonselected lines of White Leghorn hens. **Poultry science**, 91(11), 2977-2987.



**Aplicação da abordagem de metafundadores na avaliação genômica da característica stayability em fêmeas da raça Nelore**

Larissa Bordin Temp<sup>1\*</sup>, Ludmilla Costa Brunes<sup>2</sup>, Gabriel Gubiani<sup>1</sup>, Claudio Ulhoa Magnabosco<sup>3</sup>, Raysildo Barbosa Lôbo<sup>4</sup>, Ignacio Aguilar<sup>5</sup>, Rodrigo López Correa<sup>6</sup>, Fernando Baldi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, Brazil.

<sup>2</sup> Pesquisadora Júnior, Embrapa Cerrados e Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal, Brasília, DF, Brazil.

<sup>3</sup> Pesquisador A, Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Brasília, DF, Brazil

<sup>4</sup> Presidente, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, SP, Brazil.

<sup>5</sup>Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA, Uruguay

<sup>6</sup>Departamento de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de La República, Montevideo, Uruguay.

\*Autor correspondente: [larissa.b.temp@unesp.br](mailto:larissa.b.temp@unesp.br)

**Resumo:** Características relacionadas a precocidade sexual e longevidade em fêmeas bovinas, por exemplo stayability, tendem a apresentar baixa herdabilidade e difícil mensuração pela avaliação tardia. Neste caso, o uso de ferramentas capazes de reduzir o viés e aumentar a acurácia de predição como os metafundadores (MF), é de extrema importância. Objetivou-se com esta pesquisa avaliar o impacto da utilização de diferentes critérios para avaliar a inclusão de metafundadores nas estimativas de acurácia, viés e dispersão na característica reprodutiva stayability em bovinos da raça Nelore. Foram realizadas análises unicaracterísticas utilizando modelo animal e melhor preditor linear não viesado (BLUP), BLUP em passo único com informação genômica e sem MF (ssGBLUP) e ssGBLUP com uso de MF (ssGBLUP + MF). A inclusão de MF, no geral, proporcionou melhora evidente nos parâmetros de viés e dispersão para os animais da validação, ao contrário da acurácia que em alguns casos observou-se leve redução. Quanto maior o número de indivíduos presentes na população de validação, maior o impacto na melhora dos parâmetros de viés e dispersão. Se observa baixo incremento nas estimativas de acurácia do (G)EBV independentemente do tipo de metafundador utilizado. A incorporação de metafundadores no ssGBLUP permitiu manter os níveis de acurácia do ssGBLUP tradicional e promoveu maior impacto na correção do viés e dispersão dos dados.

**Palavras-chave:** *Bos indicus*, longevidade, paternidade incerta, seleção genômica, ssGBLUP

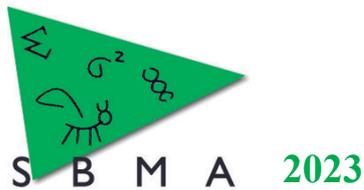
**Application of the metafounders approach in the genomic evaluation of the stayability trait in Nelore females.**

**Abstract:** Traits related to sexual precocity and longevity in bovine females, for example stayability, tend to present low heritability and difficult measurement by late evaluation. In this case, the use of tools capable of reducing bias and increasing prediction accuracy, such as metafounders (MF), is extremely important. This study aimed to evaluate the impact of using different criteria to evaluate the inclusion of metafounders in the estimates of accuracy, bias and dispersion in the reproductive trait stayability in Nelore cattle. Single-character analyses were performed using animal model and unbiased best linear predictor (BLUP), single-step BLUP with genomic information and without MF (ssGBLUP) and ssGBLUP with use of MF (ssGBLUP + MF). The inclusion of MF, in general, provided evident improvement in the bias and dispersion parameters for the validation animals, unlike the accuracy that in some cases was observed slight reduction. The greater the number of individuals present in the validation population, the greater the impact on the improvement of bias and dispersion parameters. A low increase in (G)EBV accuracy estimates was observed regardless of the type of meta-founder used. The incorporation of MF in ssGBLUP allowed to maintain the accuracy levels of traditional ssGBLUP and promoted greater impact on the correction of bias and dispersion of the data.

**Keywords:** *Bos indicus*, genomic selection, longevity, ssGBLUP, uncertain paternity

**Introdução**

A característica stayability (STAY) vem sendo estudada nos últimos anos e detêm grande importância econômica para os sistemas de produção de bovinos de corte, visto que a duração da fase reprodutiva das vacas no rebanho aumenta, tendo como consequência menores custos com reposição e maior número de progênes. Características relacionadas a precocidade sexual e longevidade em fêmeas



bovinas tendem a apresentar baixa herdabilidade e número reduzido de observações fenotípicas por estarem vinculadas a um sexo. Além disso, a STAY apresenta dificuldade de mensuração devido a avaliação tardia. Desta forma, é importante o desenvolvimento de ferramentas capazes de aumentar a acurácia e reduzir o viés das avaliações genômicas. Uma alternativa é utilizar os metafundadores (MF), método proposto por Legarra et al. (2018) que permite a inclusão de várias gerações base através de pseudo-indivíduos considerados ao mesmo tempo como pai e mãe da população base, possibilitando avaliar a ancestralidade comum entre os indivíduos, que baseado em informações disponíveis não estariam relacionados. Diante do exposto, objetivou-se com esta pesquisa avaliar o impacto da utilização de diferentes critérios para a inclusão de metafundadores nas estimativas de acurácia, viés e dispersão na característica reprodutiva STAY em bovinos da raça Nelore.

### Material e Métodos

Foram utilizados 232.529 registros fenotípicos para STAY advindos de fazendas localizadas nas regiões Centro-oeste, Sudeste, Nordeste e Norte do Brasil, pertencentes a Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, SP). As fêmeas com pelo menos 3 bezerros nascidos até os 76 meses de idade tinham seus fenótipos caracterizados como de sucesso (1), ou fracasso (0) caso não fosse confirmado 3 partos. O grupo de contemporâneos (GC) foi composto por animais de mesma fazenda, ano e estação de nascimento. Grupos com menos de 20 e mais de 100 animais foram excluídos da análise. Aproximadamente 60 mil animais foram genotipados com painel de baixa densidade (CLARIFIDE® Nelore 3.0), e imputados para um painel de 70k (CLARIFIDE® Nelore 4.0) utilizando o software Fimpute 2.2. Como população de referência para a imputação foram usados 25.000 animais fundadores genotipados com o CLARIFIDE® Nelore 4.0. Os metafundadores utilizados foram baseados em animais com e sem registro, incerteza do pedigree do animal ou patriarcas (indivíduos nascidos no Brasil, filhos de animais importados). Para obter a informação dos patriarcas foi realizada uma análise de pedigree onde determinou-se a respectiva porcentagem acerca de cada indivíduo, agrupando desta forma os metafundadores. Foram realizadas análises unicaracterísticas para STAY utilizando modelo animal e melhor preditor linear não viesado (BLUP), BLUP em passo único com informação genômica e sem metafundadores (ssGBLUP) e ssGBLUP com uso de metafundadores (ssGBLUP + MF). Os critérios utilizados para avaliar o impacto do uso de MF foram acurácia, viés e dispersão dos GEBVs estimados de modo similar ao proposto pelo método LR (Legarra e Reverter, 2018) fazendo uso do subconjunto completo (w) composto por animais genotipados com progênie e fenótipos de animais não genotipados. A dispersão foi calculada como a inclinação da regressão dos valores genéticos preditos com a população completa nos valores genéticos preditos com a população parcial. Já a acurácia foi calculada como a correlação dos EBV's dos animais da população parcial sobre os EBVs dos animais na população completa. O subconjunto parcial (p) consistiu de 1.094 animais jovens, genotipados e sem registros de progênie nascidos em 2015/2016, onde as informações fenotípicas foram omitidas do conjunto de dados completo. As estimativas dos valores genéticos e componentes de variância (sem inclusão de MF) foram obtidas utilizando-se os programas da família BLUPF90.

### Resultados e Discussão

A inclusão de MF, no geral, proporcionou melhora evidente nos parâmetros de viés e dispersão para os animais da validação, ao contrário da acurácia que em alguns casos observou-se leve redução, como exposto na tabela 1. Na literatura, alguns trabalhos realizados com metafundadores expõem o benefício destes na predição genômica com melhora na estimativa das tendências genéticas, redução do viés e aumento da acurácia de predição quando comparada a avaliação tradicional sem MF (Garcia-Baccino et al., 2017; Bradford et al., 2019). Cabe ressaltar que no caso dos metafundadores não está sendo incluída nova informação, e sim, feita a correção de lacunas existentes no pedigree frente aos laços genéticos.

O viés se refere a diferença entre o valor genético estimado (EBV) e o valor verdadeiro, ou seja, o viés está relacionado ao progresso genético estimado nos candidatos à seleção. Este, variou de -0,016 a -0,042 e -0,010 a -0,035 para o modelo sem e com inclusão de MF, respectivamente. Os vieses negativos indicam subestimação de GEBV do conjunto de dados parcial. Os MFs 1 (indivíduos com registro), 3 (patriarca Ludy de Garça), 4 (patriarca 1646 da M.N.), 6 (patriarca Rambo da Mundo Novo) e 7 (patriarca Zefec Abdala) com maior população de validação apresentaram resultados menos viesados. Na maioria dos casos, quanto maior o número de indivíduos presentes na população de validação, maior o impacto na

melhora dos parâmetros de viés e dispersão. O patriarca Zefec Abdala ao ser usado como MF apresentou o resultado menos viesado, o qual obteve redução de -0,018 para -0,010.

Tabela 1. Viés, dispersão e acurácia de predição de valores genômicos para probabilidade de parto precoce aos 30 meses em fêmeas da raça Nelore, obtidos utilizando modelos sem e com metafundadores.

MF	Viés	Viés*	Disp.	Disp. *	Acc	Acc*	N val
Critério do metafundador: Animais com registro ou sem registro							
1	-0,020	-0,015	0,946	1,009	0,928	0,925	1091
Critério do metafundador: Incerteza do pedigree do animal							
2	-0,020	-0,015	0,947	1,009	0,928	0,925	104
Critério do metafundador: Patriarcas ou linhagens							
3	-0,024	-0,016	0,992	1,015	0,924	0,935	125
4	-0,019	-0,015	0,979	1,058	0,941	0,922	224
5	-0,028	-0,025	0,984	0,990	0,885	0,856	22
6	-0,016	-0,013	0,931	1,005	0,920	0,924	333
7	-0,018	-0,010	0,938	1,019	0,918	0,935	203
8	-0,021	-0,017	0,895	0,970	0,929	0,905	37
9	-0,024	-0,020	0,916	0,944	0,907	0,898	90
10	-0,026	-0,020	1,009	1,059	0,905	0,919	16
11	-0,042	-0,035	0,956	0,988	0,956	0,942	27

MF: metafundadores; 1: animais com registro; 2: pai e mãe conhecidos; 3: Ludy de Garça; 4: 1646 da M.N.; 5: Riacho OB; 6: Rambo da Mundo Novo; 7: Zefec Abdala; 8: Fajardo da GB; 9: Nurmahal Col; 10: Paysandu de Nav; 11: Voltaire Te Jr; \*: uso de MF no modelo; Disp: dispersão; Acc: acurácia; N val: animais jovens, genotipados e sem registros de progênie nascidos em 2015/2016.

Os resultados de dispersão variaram de 0,895 a 1,009 e 0,944 a 1,059 para os modelos ssGBLUP e ssGBLUP+MF. Esse coeficiente de regressão deve estar próximo de um para garantir que não haja inflação (b1 inferior a 1) ou deflação (b1 superior a 1) no (G)EBV para animais de validação. Os resultados mostraram uma pequena ou nenhuma alteração na inflação/deflação de (G)EBV quando MFs foram adicionados aos modelos.

O parâmetro de acurácia variou de 0,885 a 0,956 e 0,856 a 0,942 nos modelos sem e com inclusão de metafundadores. De maneira geral, se observa baixo incremento nas estimativas de acurácia do (G)EBV independentemente do tipo de metafundador utilizado. Considerando os três parâmetros, o modelo mais equilibrado foi obtido ao incluir os MF patriarcas Ludy de Garça e Zefec Abdala.

### Conclusão

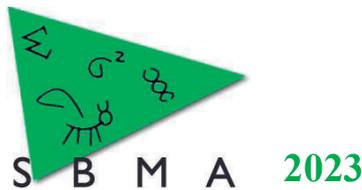
A incorporação de metafundadores no ssGBLUP permitiu manter os níveis de acurácia do ssGBLUP tradicional e promoveu maior impacto na correção do viés e dispersão dos dados.

### Agradecimentos

Os autores agradecem ao apoio financeiro fornecido pelo CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e a Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, SP) pela concessão dos dados.

### Literatura citada

- Bradford, H. L., Masuda, Y., Vanraden, P.M., Legarra, A., Misztal, I. 2019. Modeling missing pedigree in single-step genomic BLUP. **Journal of Dairy Science**, 102, 2336 – 2346.
- Garcia-Baccino, C. A., Legarra, A., Christensen, O. F., Misztal, I., Pocrnic, I., Vitezica, Z. G., Cantet, R. J. C. 2017. Metafounders are related to fst fixation indices and reduce bias in single-step genomic evaluations. **Genetics Selection Evolution**, 49, 1-14.
- Legarra, A., Reverter, A. 2018. Semi-Parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genetics Selection Evolution**, 50, 1 – 18.



### Assinaturas de seleção em ovinos da raça Texel

Julia Lisboa Rodrigues<sup>1\*</sup>, Larissa Graciano Braga<sup>1</sup>, Rafael Nakamura Watanabe<sup>1</sup>, Ana Carolina De Jesus Oliveira<sup>1</sup>, Marcos Eli Buzanskas<sup>2</sup>, Donagh Pearse Berry<sup>3</sup>, Danísio Prado Munari<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, UNESP/FCAV, Jaboticabal, São Paulo, Brasil..

<sup>2</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Areia, Paraíba, Brasil.

<sup>3</sup> The Agriculture and Food Development Authority (Teagasc), Co. Cork, Irlanda.

\*Autor correspondente: [lisboa.rodrigues@unesp.br](mailto:lisboa.rodrigues@unesp.br)

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi identificar assinaturas de seleção em ovinos Texel e relacioná-las com os aspectos funcionais da raça. Foram considerados 3.399 animais genotipados com painel Illumina OvineSNP50 Beadchip (50.166 SNPs - *Single Nucleotide Polymorphisms*). O pacote *rehh*, foi utilizado para calcular os escores iHS (Escore de Integração dos Haplótipos) considerando janelas não sobrepostas de 500kb. As top 1% maiores médias dos escores |iHS| foram identificadas dentro das janelas e consideradas regiões sob seleção positiva. A localização dos genes e QTLs (quantitative trait *loci*) nas regiões de assinaturas de seleção foram obtidas por meio do pacote GALLO. Os QTLs identificados nas regiões sob seleção correspondem às características de carne e carcaça, saúde, leite, e lã. Foram identificados 514 genes que, após análise de enriquecimento, foram associados à função molecular, às vias de transdução do paladar e às vias de metabolismo da vitamina B6. O processo de seleção artificial em ovinos da raça Texel deixou padrões nos genomas relacionados às características de interesse econômico. A identificação de genes relacionados à resistência aos endoparasitas apresenta potencial uso nos programas de melhoramento genético ovino.

**Palavras-chave:** genômica, haplótipos, marcadores moleculares

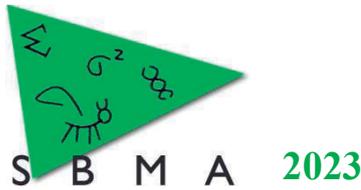
### Selection signatures in Texel sheep

**Abstract:** The aim of this study was to identify selection signatures in Texel sheep and relate them to the functional aspects of the breed. We considered 3,399 animals genotyped with the Illumina OvineSNP50 Beadchip panel (50,166 SNPs - *Single Nucleotide Polymorphisms*). The *rehh* package was used to calculate the iHS scores (Haplotype Integration Score) considering non-overlapping windows of 500kb. The top 1% highest average scores |iHS| were identified within the windows and considered regions under positive selection. The location of genes and QTLs (quantitative trait *loci*) in the selection signature regions were obtained using the GALLO package. The QTLs identified in the regions under selection correspond to the traits of meat and carcass, health, milk, and wool. We identified 514 genes that, after enrichment analysis, were associated with molecular function, taste transduction pathways, and vitamin B6 metabolism pathways. The artificial selection process in Texel sheep left patterns in the genomes related to traits of economic interest. Identifying genes related to endoparasite resistance has potential use in sheep genetic improvement programs.

**Keywords:** genomics, haplotype, molecular markers

### Introdução

O ovino doméstico (*Ovis aries*), é uma das principais espécies de pequenos ruminantes altamente adaptadas às diversas condições climáticas e geográficas. Esses animais são amplamente disseminados e explorados economicamente para produção de lã, leite e carne. No Brasil, dentre as raças terminais mais utilizadas nos sistemas de produção, animais da raça Dorper, Texel e Suffolk se destacam pelas características de carne e carcaça e pela elevada rusticidade. Ovinos da raça Texel possuem elevada musculatura, área de olho de lombo (AOL), qualidade de carcaça e baixa deposição de gordura, sendo amplamente utilizados nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. A demanda por carne ovina de animais precoces, com alto rendimento de carcaça, boa conformação corporal e marmoreio, vem crescendo (Rodrigues et al., 2020), no Brasil e no mundo. O aumento da pressão de seleção positiva torna-se uma importante ferramenta para atender tais



demandas e, como consequência, este processo pode alterar as frequências alélicas e favorecer mutações desejáveis, e quando se fixam, formam padrões no genoma ovino denominados assinaturas de seleção.

As assinaturas de seleção, podem fornecer informações complementares aos genes associados às características adaptativas, evolutivas e de interesse econômico. Dentre os métodos utilizados para identificar as assinaturas de seleção, o método do Escore de Integração dos Haplótipos (iHS) é amplamente utilizado. Esse método foi desenvolvido por Voight et al. (2006) e baseia-se no desequilíbrio de ligação, para identificar assinaturas recentes. Diante da necessidade em obter carne ovina padronizada e de qualidade, estudos para identificação de padrões genéticos relacionados a estas características são de suma importância e apresentam potencial para serem utilizados em programas de melhoramento genético ovino. Desta forma, este trabalho teve como objetivo identificar assinaturas de seleção e relacioná-las com os aspectos funcionais de ovinos da raça Texel.

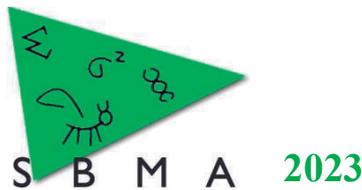
### Material e Métodos

Ovinos da raça Texel ( $n = 3.399$ ) foram genotipados com painel Illumina OvineSNP50 Beadchip, com densidade de 50.166 SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*). Os dados genômicos são provenientes do banco de dados do centro de pesquisa irlandês “The Agriculture and Food Development Authority” (Teagasc). O controle de qualidade foi realizado via PLINK v1.9. SNPs e indivíduos com *call rate* <95%, SNPs com frequência do alelo menos frequente <0,01 e desvio extremo do Equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $P < 10^{-6}$ ) foram descartados. Os SNPs foram posicionados de acordo com a versão 3.1 do genoma ovino (OAR 3.1). A inferência das fases de ligação e construção dos haplótipos foi realizada pelo programa Beagle versão 3.3.2. Os escores iHS foram calculados pelo pacote *rehh* 2.0 do programa R, considerando janelas não sobrepostas de 500kb. As top 1% maiores médias de escores |iHS| foram identificadas dentro das janelas e consideradas regiões sob seleção positiva (Voight et al., 2006). Informações sobre os genes e QTLs presentes nestas regiões, foram obtidas por meio do banco de dados Ensembl Genes e SheepQTLdb, respectivamente. O pacote GALLO (Fonseca et al., 2020), do programa R, foi utilizado para identificar genes e QTLs localizados no intervalo de 500kb ao redor das top 1% regiões. Os QTLs foram enriquecidos pelo mesmo pacote considerando taxa de falsos positivos (FDR) <0,10. Termos do banco de dados Gene Ontology e vias biológicas preditas pelo banco de dados KEGG foram enriquecidos ( $P < 0,10$  e  $FDR < 0,10$ ) por meio do software DAVID.

### Resultados e Discussão

O controle de qualidade filtrou SNPs e indivíduos, permanecendo 30.045 SNPs autossômicos e 3.330 animais. Escores extremos de iHS tanto positivos quanto negativos podem indicar regiões que passaram ou passam por processo de seleção, seja esta natural ou artificial. Assim, a identificação de ambos escores é de suma importância e foram considerados neste estudo. Escores positivos indicam que os alelos ancestrais estão em maior frequência, e permaneceram na população ao longo dos anos. Esses alelos podem estar relacionados principalmente a características adaptativas. Escores negativos estão associados ao aumento na frequência de alelos selecionados, devido à pressão de seleção artificial ou ao surgimento de mutações benéficas. Os escores extremos tendem a produzir agrupamentos ao longo das regiões sob seleção, os quais podem ser identificados pela visualização por janelas. O total de 4.270 janelas com média de 6,2 SNPs e desvio-padrão de 2,53 foram identificadas. Foram identificadas 7, 9, 16, 4, 4, 1 e 1 janelas nos cromossomos 1, 2, 3, 4, 6, 15 e 17, respectivamente. Os top 1% maiores escores de |iHS| foram considerados como regiões sob seleção positiva.

Próximo às regiões sob seleção foram identificadas 73 QTLs, os quais foram enriquecidos e destes foram identificados 14 QTLs sobrepostos às regiões sob seleção, referentes às características de carne e carcaça (57,2%), saúde (28,6%), leite (7,1%) e lã (7,1%). Na categoria carne e carcaça, foram identificadas QTLs relacionadas ao peso do osso na carcaça, peso de carcaça quente, porcentagem de carne magra, deposição de gordura na área de olho de lombo e cor da carne. Tais QTLs estão localizadas principalmente no cromossomo 2 corroborando com os resultados encontrados por Fariello et al. (2013) para ovinos da raça Texel. A categoria saúde, compreendeu QTLs relacionadas à resistência ao endoparasita *Haemonchus contortus* e à contagem de ovos por grama de fezes dos helmintos *Haemonchus contortus* e *Trichostrongylus colubriformis*. Ambos endoparasitas causam grandes danos à saúde dos animais e



consequentemente afetam seu desempenho produtivo. Assim, a seleção de animais resistentes aos endoparasitas é uma importante ferramenta do melhoramento genético ovino.

Nas regiões de assinatura de seleção, foram identificados 514 genes. Após a análise de enriquecimento, foram observados 13 genes relacionados à função molecular (*TAS2R3*, *TAS2R38*, *TAS2R4*, *TAS2R7*, *LOC101115110*, *W5QHG6\_SHEEP*, *LOC101123171*, *LOC101122747*, *CD27*, *W5QHG7\_SHEEP*, *W5QCB1\_SHEEP*, *W5QCB2\_SHEEP* e *LAG3*), 12 genes relacionados às vias de transdução do paladar (*LOC101123171*, *LOC101122747*, *GNB3*, *CACNA1C*, *SCNN1A*, *TAS2R3*, *TAS2R38*, *TAS2R4*, *TAS2R7*, *LOC101115110*, *LOC101121003* e *LOC101114857*) e quatro genes relacionados às vias de metabolismo da vitamina B6 (*AOXI*, *LOC101102548*, *LOC101104808* e *PDXP*).

Os genes pertencentes à família de receptores gustativos (*TAS2R*) são localizados no cromossomo 3 e 4 e estão associados ao sabor amargo. Os receptores do sabor amargo são acoplados à proteína G, a qual é regulada por genes presentes na via de transdução do paladar. A percepção do sabor amargo pode ter evoluído como ferramenta para prevenir o consumo de plantas tóxicas, bem como pode ser utilizada como ferramenta de escolha do uso de pastagens, pois apresenta implicações práticas à produção animal (Ferreira et al., 2012). Os genes *CD27* e *LAG3* estão relacionados às respostas imunes, as quais podem ser associadas às QTLs de resistência aos endoparasitas. A vitamina B6 participa da conversão de ácido linoléico em ácido araquidônico, o qual desempenha papel importante na construção muscular e está interligado ao crescimento muscular e, portanto, está de acordo com aptidão na produção de carne da raça.

### Conclusão

O processo de seleção artificial em ovinos da raça Texel deixou padrões nos genomas relacionados às características de interesse econômico, tais como saúde, qualidade de carcaça e produção de carne. A identificação de genes relacionados à resistência aos endoparasitas apresenta potencial uso nos programas de melhoramento genético ovino, por se tratar de uma característica de grande interesse para a ovinocultura.

### Agradecimentos

Ao centro de pesquisa irlandês “The Agriculture and Food Development Authority” (Teagasc) por ceder os dados genômicos e às agências de fomento “Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo” - FAPESP (Processo: 2022/13986-0) e “Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico” - CNPq (Processo: 130045/2022-5) pela bolsa de pesquisa.

### Literatura citada

#### Artigos:

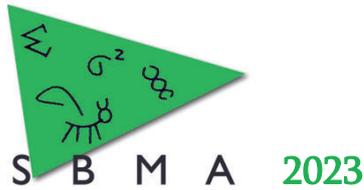
Fariello, M. I., Boitard, S., Naya, H., Sancristobal, M., & Servin, B. (2013). Detecting signatures of selection through haplotype differentiation among hierarchically structured populations. *Genetics*, 193(3), 929–941. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.147231>.

Ferreira, A. M., Araújo, S. S., Sales-Baptista, E., & Almeida, A. M. (2012). Identification of novel genes for bitter taste receptors in sheep (*Ovis aries*). *Animal*, 7(04), 547–554. doi:10.1017/s1751731112002030.

Fonseca, P., Suarez-Vega, A., Marras, G., Cánovas, A. (2020). “GALLO: An R package for genomic annotation and integration of multiple data sources in livestock for positional candidate loci.” *GigaScience*, 9(12). doi:10.1093/gigascience/giaa149.

Rodrigues, J. L., Pereira-Junior, S. A. G., Filho, E. S. C., Costa, R. V., Barducci, R. S., Van Cleef, E. H. C. B., & Ezequiel, J. M. B. (2020). Effects of elevated concentrations of soybean molasses on feedlot performance and meat quality of lambs. *Livestock Science*, 104155. doi:10.1016/j.livsci.2020.104155.

Voight, B.F., Kudravalli, S., Wen, X., Pritchard, J.K. (2006). Correction: a map of recent positive selection in the human genome. *Plos Biology* 4(4): e154. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0040154>.



**Avaliação da redução no tempo de processamento de cálculos e inversão de matrizes de parentesco por meio de bibliotecas que utilizam CPU (Central processing unit) e GPU (Graphic processing unit)**

Fernando Jean Dijkstra<sup>1,2,\*</sup>, Rodrigo Almeida Teixeira<sup>1,3</sup>, Lenira El Faro<sup>4</sup>, Laila Talarico Dias<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>2</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil, bolsistas Capes e CNPq, respectivamente.

<sup>3</sup>Professor associado do Departamento de Zootecnia e do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>4</sup> Pesquisadora do Instituto de Zootecnia, APTA - Sertãozinho, 14160-900, Brasil.

\*e-mail autor: fernando.dijkstra@ufpr.br

**Resumo:** A avaliação genética e as estimativas de parâmetros genéticos, em geral, dependem de operações com alta demanda computacional e prolongado tempo de processamento. Contudo, essas operações matriciais podem ser aceleradas ao utilizar bibliotecas que utilizam processadores gráficos (Graphic processing unit, GPU). Dessa forma, o objetivo do presente estudo foi comparar o tempo de processamento de cálculos de matrizes e inversão de matrizes de parentesco de populações de diferentes tamanhos por meio de bibliotecas que utilizam CPU (Central processing unit, Numpy) e GPU (Cupy). A partir do banco de dados reais de bovinos da raça Holandesa concedidos pela GenMate Genética LTDA, foram formados 5 arquivos de dados: 5.000, 10.000, 15.000, 20.000 e 25.000 animais. A matriz de parentesco foi calculada por meio de algoritmo recursivo, conforme Henderson (1976). A inversa da matriz de parentesco foi obtida de duas formas: inversão direta ou decomposição LL' (Quaas, 1976). Os resultados mostraram que o tempo de processamento foi menor quando utilizada a biblioteca que emprega GPU, devido a possibilidade de paralelização dos cálculos, conferindo grandes vantagens principalmente no processo de inversão de matrizes, o que indica que GPUs podem ser um grande aliado no melhoramento genético.

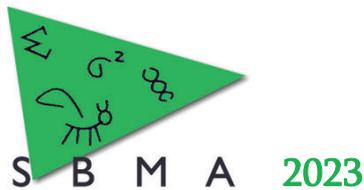
**Palavras-chave:** Unidade de processamento gráfico, Unidade de processamento central, melhoramento animal, Python

**Abstract:** Genetic evaluation and estimation of genetic parameters typically require computationally intensive operations with prolonged processing time. However, these matrix operations can be accelerated by using libraries that utilize Graphic Processing Units (GPU). Therefore, the aim of this study was to compare the processing time of matrix calculations and inversion of pedigree matrices for populations of different sizes using libraries that utilize Central Processing Units (CPU - Numpy) and GPU (Cupy). For this purpose, five datasets were created from real data of Holstein cattle provided by GenMate Genetics LTDA, with each dataset containing 5,000, 10,000, 15,000, 20,000, and 25,000 animals. The pedigree matrix was calculated using a recursive algorithm, according to Henderson (1976), and the inverse of the pedigree matrix was obtained using two methods: direct inversion or LL' decomposition (Quaas, 1976). The results showed that processing time was lower when using the GPU library due to the possibility of parallelization of calculations, which offers significant advantages especially in the matrix inversion process. This indicates that GPUs can be a great ally in animal breeding.

**Keywords:** Animal breeding; Central processing unit; Graphic processing unit; Python.

### Introdução

Este estudo realiza uma comparação do tempo de processamento para a composição e inversão de matrizes de parentesco em populações de bovinos de corte e leite de diferentes tamanhos, utilizando bibliotecas que operam em CPU (Numpy) e GPU (Cupy). Em face do crescimento substancial dos bancos de dados de rebanhos e do consequente aumento do custo computacional para a estimação de parâmetros genéticos e avaliações genéticas, torna-se necessário explorar alternativas mais eficientes. Embora existam métodos que envolvam a decomposição da matriz de parentesco, como os propostos por Henderson (1976) e Quaas (1976), sejam úteis, eles ainda podem apresentar tempo de cálculo elevado para populações



grandes. Contudo, a utilização de GPUs, por meio de bibliotecas como CuPy, surgem como uma solução potencial, permitindo uma aceleração significativa da composição e inversão de matrizes devido a capacidade e potencial de paralelização. Essa abordagem pode ser especialmente útil para análises de grandes bancos de dados de pedigree como também contendo dados genômicos, onde o volume de dados é expressivamente grande.

### Material e Métodos

Os dados de genealogia de bovinos da raça Holandesa, fornecidos pela GenMate Genética LTDA (Carambeí, Paraná), foram utilizados neste estudo. Esses dados foram obtidos a partir de 37 rebanhos distintos selecionados aleatoriamente e foram divididos em cinco arquivos, cada um contendo um número crescente de animais, variando de 5.000 a 25.000. Todos os animais foram numerados sequencialmente de 1 a n, enquanto aqueles com pais desconhecidos foram identificados com o valor zero.

Para as análises foram utilizadas a biblioteca Numpy para a manipulação e operação de matrizes baseados em CPU e o pacote Cupy para a computação baseada em GPU para a linguagem Python de computação. A GPU utilizada para o processamento dos dados foi a NVIDIA Tesla P100 16gb VRAM (3.584 núcleos) e a CPU empregada foi Intel Xeon 2 core 13gb RAM (2 núcleos). A matriz de parentesco (A) foi calculada utilizando algoritmo recursivo computando as relações entre pai e mãe para cada indivíduo para os componentes fora da diagonal e computando a endogamia para os componentes na diagonal, conforme Henderson (1976). Para a Inversão da matriz de parentesco foram utilizados dois métodos: inversão direta e método da decomposição LL'

A inversão direta da matriz de parentesco foi realizada por meio da função *numpy.linalg.inv()* da biblioteca Numpy para a análise utilizando CPU como unidade de processamento e a função *cupy.linalg.inv()* da biblioteca Cupy para a análise utilizando GPU como unidade de processamento. Para ambas as análises, a matriz de parentesco foi recalculada com base na biblioteca de interesse, sendo que, o tempo foi contabilizado para as análises como a soma do tempo para o cálculo da matriz de parentesco e a sua inversão. Para a inversão matricial pelo método de decomposição foi utilizada a metodologia proposta por Quaas (1976), onde a matriz  $A^{-1}$  pode ser obtida pela multiplicação entre a matriz  $L^{-1}$  e  $L'^{-1}$ , onde L é a matriz triangular inferior e L' é a sua transposta, da mesma forma, foi utilizado a biblioteca Numpy para acesso a CPU e Cupy para acesso a GPU.

### Resultados e Discussão

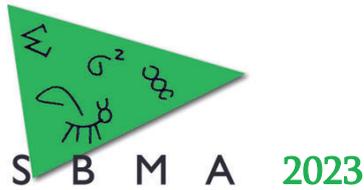
A utilização do processamento baseado em GPU proporcionou redução no tempo de processamento em relação as análises realizadas por meio de CPU (Tabela 1). Na literatura, Bauer e Garland (2019) e Lykov et al. (2021) que compararam algoritmos baseados em bibliotecas que se baseiam em CPU e GPU (Numpy e Cupy) também reportaram significativos ganhos em performance ao utilizarem as arquiteturas baseadas em GPU, inferindo que o uso de bibliotecas baseadas em GPU trazem ganhos significativos em operações envolvendo matrizes e vetores.

**Tabela 1 – Tamanho da amostra, tempo de processamento para obtenção da matriz de parentesco e sua inversa, em função dos métodos utilizados**

n	CPU A	GPU A	CPU Ainv	GPU Ainv	CPU LL'	GPU LL'
5.000	1,7565	0,7565	9,7029	0,8696	11,1247	0,8127
10.000	8,7991	1,8350	66,5814	1,8175	74,5738	1,7433
15.000	21,8376	2,2726	202,4706	3,0365	230,2386	3,0967
20.000	41,7930	3,4536	468,3290	8,1934	540,0220	4,7183
25.000	68,9041	5,4901				

n = número de animais; CPU\_A = Matriz de parentesco calculada por CPU; CPU\_Ainv = Matriz inversa diretamente calculado por CPU; Matriz inversa pelo método LL' calculado por CPU; GPU\_A = Matriz de parentesco calculado por GPU; GPU\_Ainv = Matriz inversa diretamente calculado por GPU; Matriz inversa pelo método LL' calculado por GPU.

Pela Tabela 1 pode-se notar também que, para banco com 5.000 animais, a redução no tempo de cálculo da matriz de parentesco foi de 57% e para o banco de 25.000, a redução foi de 92%, quando se



utilizou a GPU. No método de inversão direta a redução foi de 91% para o menor conjunto e 98% para o maior conjunto utilizando GPU, e para os métodos de inversão pela decomposição a redução foi de 93% e 99% para o primeiro e último conjunto, respectivamente.

Para ambos os modelos o consumo de memória foi similar, mas o tempo de processamento foi inferior para realizar os cálculos da matriz de parentesco e sua inversão foram expressivamente mais rápidos utilizando GPUs. Também, foi possível observar que ao realizar análises utilizando CPU o tempo para processamento pelo método de decomposição foi maior em relação a inversão direta, sendo o contrário observado utilizando GPU. Isso pode ocorrer, pois, como os dados são processados sequencialmente, com CPU o método de decomposição não apresenta vantagens, ao contrário de quando é utilizado GPU, onde é possível executar cálculos em paralelo.

Também é relevante destacar que não foi possível calcular a matriz inversa direta e pelo método de decomposição tanto para os modelos baseados em CPU quanto em GPU devido à falta de memória de acesso aleatório (RAM) para o pedigree composto de 25.000 animais, o que indica que apesar das vantagens do processamento em GPUs esta não seria uma solução única para atender este aumento na demanda computacional. Outros estudos que combinem métodos iterativos ou baseados em blocos podem ser realizados, visto que tais tecnologias têm grande potencial, principalmente, quando se trata de grandes conjuntos de dados.

#### Conclusão

O uso de GPUs em operações matriciais pode proporcionar ganhos expressivos em relação ao tempo de processamento. Contudo, métodos e estudos complementares devem ser desenvolvidos para viabilizar a inversão de matrizes para bigdata que demandam de alta capacidade de armazenamento de memória.

#### Agradecimentos

À GenMate Genética LTDA pela concessão do banco de dados. E à CAPES pela bolsa de estudos.

#### Literatura citada

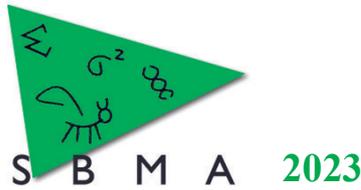
Bauer, M., Garland, M. 2019. Legate NumPy: accelerated and distributed array computing. **Proceedings of the International Conference for High Performance Computing, Networking, Storage and Analysis**, 23: 1-23.

Harris, C.R., Millman, K.J. Van der Walt, S.J. et al. 2020. Array programming with NumPy. **Nature**, 585, 357-362.

Henderson, C.R. 1976. A Simple Method for Computing the Inverse of a Numerator Relationship Matrix Used in Prediction of Breeding Values. **Biometrics**, 32, 69-83.

Lykov, D., Chen, A., Chen, H., Keipert, K., Zhang, Z., Gibbs, T., Alexeev, Y. 2021. Performance Evaluation and Acceleration of the QTensor Quantum Circuit Simulator on GPUs. **IEEE**. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2204.06045>.

Quaas, R.L. 1976. Computing the Diagonal Elements and Inverse of a Large Numerator Relationship Matrix. **Biometrics**, 32, 949-953.



**Avaliação genética para persistência de lactação em búfalos Murrah por meio de modelos de regressão aleatória usando funções B-splines e polinômios de Legendre**

Karina Rosa da Silveira<sup>1\*</sup>, Matheus Henrique Vargas de Oliveira<sup>1</sup>, Alessandra Alves Silva<sup>1</sup>, Luiz Fernando Brito<sup>2</sup>, Delvan Alves Silva<sup>3</sup>, Sirlene Fernandes Lazaro<sup>1,2</sup>, Gabriela Stefani<sup>1</sup>, Humberto Tonhati<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciência Animal, FCAV/UNESP, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup> Department of Animal Sciences, Purdue University, West Lafayette, Indiana, EUA.

<sup>3</sup>Departamento de Ciência Animal, UFV, Viçosa, Minas Gerias, Brasil.

\*Autor correspondente: karinasilveira50@gmail.com

**Resumo:** A contribuição expressiva da produção de leite de búfala no cenário mundial mostra a necessidade de aumentar a eficiência de características relacionadas ao leite a exemplo da persistência da lactação (PL). Os métodos mais utilizados para avaliação genética dessa característica são baseados em modelos de regressão aleatória (MRA) ajustados pelos polinômios ortogonais de Legendre (LEG). Uma alternativa ao LEG de alta ordem são as funções B-splines (BSP) que podem proporcionar melhores ajustes dos dados. Portanto, o objetivo do presente estudo foi estimar a herdabilidade para persistência da lactação e sua correlação genética com a produção de leite aos 305 dias em búfalas Murrah usando modelos de regressão aleatória ajustados usando polinômios de Legendre ou funções B-splines. Estimativas de Critério de Informação de Desvio (DIC) e de parâmetros genéticos foram utilizados para comparar os modelos. Considerando os valores de DIC, herdabilidades e correlações genéticas, as funções BSP apresentaram melhores resultados. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,09 a 0,32 para LP1, de 0,15 a 0,33 para LP2 e de 0,06 a 0,32 para LP3. As estimativas de correlação genética entre PL e produção de leite variaram de -0,46 a -0,10 para LP1, de -0,34 a -0,04 para LP2, e de -0,29 a 0,15 para LP3. O MRA ajustado usando a função BSP de ordem quadrática com base em cinco nós forneceu o melhor ajuste e parece ser o modelo mais adequado para avaliação genética de PL em búfalas Murrah.

**Palavras-chave:** *Bubalus bubalis*, características longitudinais, curvas de lactação.

**Genetic evaluation for lactation persistence in Murrah buffaloes through random regression models using B-spline functions and Legendre polynomials**

**Abstract:** The significant contribution of buffalo milk production in the world scenario highlights the need to increase the efficiency of milk-related characteristics, such as lactation persistence (LP). The most commonly used methods for genetic evaluation of this trait are based on random regression models (RRM) adjusted by Legendre orthogonal polynomials (LEG). An alternative to high-order LEG is the B-spline functions (BSP), which can provide better data fitting. Therefore, the objective of the present study was to estimate the heritability for persistence lactation and their genetic correlations with 305-day milk yield in buffaloes Murrah using random regression fitted using Legendre orthogonal polynomials and B-splines functions. Deviation Information Criterion (DIC) and genetic parameter estimates were used to compare the models. Considering the DIC values, heritabilities and genetic correlations, the BSP functions presented better results. The heritability estimates ranged from 0.09 to 0.32 for LP1, 0.15 to 0.33 for LP2, and 0.06 to 0.32 for LP3. The genetic correlation estimates between LP and milk production ranged from -0.46 to -0.10 for LP1, -0.34 to -0.04 for LP2, and -0.29 to 0.15 for LP3. Similar predictive capacity was observed among the models. MRR adjusted using the quadratic order BSP function based on five nodes provided the best adjustment and seen to be the most suitable model for genetic evaluation of PL in Murrah buffaloes.

**Keywords:** *Bubalus bubalis*, longitudinal characteristics, lactation curves.

**Introdução**

O leite de búfala (*bubalus bubalis*) é o segundo tipo de leite mais produzido no mundo (Pantoja et al., 2022). Dessa maneira, é importante avaliar geneticamente características relacionadas ao leite a fim de se obter uma maior eficiência produtiva.

A persistência da lactação pode ser definida como o potencial de um animal em manter uma alta produção de leite após atingir o pico de produção (Nazari et al., 2021) e sua avaliação é fundamental para a produção de búfalas leiteiras, pois é um dos principais fatores que influenciam a produção total de leite por paridade. Além de estar associada aos custos de alimentação e saúde, desempenho reprodutivo e resistência a doenças (Cobuci et al., 2007; Nazari et al., 2021).

Modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido comumente usados na avaliação genética de características leiteiras, assim como os polinômios ortogonais de Legendre (LEG) de ordens de terceira a sexta têm sido relatadas como as mais apropriadas para modelar os efeitos ambientais genéticos da produção de leite em búfalas Murrah (Aspilcueta-Borquis et al., 2013). Uma alternativa ao LEG de alta ordem são as funções B-splines (BSP). Estudos comparando LEG e BSP para modelagem de curvas de lactação ou crescimento mostraram que as funções BSP proporcionaram melhores ajustes dos dados. Portanto, o objetivo do presente estudo foi estimar a herdabilidade para persistência da lactação e sua correlação genética com a produção de leite aos 305 dias em búfalas Murrah usando modelos de regressão aleatória ajustados usando polinômios de Legendre ou funções B-splines.

#### Material e Métodos

Um total de 323.142 registros de TD (*test day*) de múltiplas lactações de 4.588 búfalas Murrah que pariram entre 1987 e 2017 e um arquivo de pedigree incluindo 5784 animais, foram disponibilizados pela Faculdade de Ciências Agropecuárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (FCAV-UNESP). Assim como também foi disponibilizado registros de 823 animais genotipados usando o 90K Axiom Buffalo Genotyping Array contendo aproximadamente 45.376 polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs, Affymetrix/Thermo Fisher Scientific, Santa Clara, CA, EUA). Estimativas de herdabilidade e correlações genéticas entre persistência da lactação e produção de leite aos 305 dias foram estimadas e utilizadas para comparar os modelos seguindo os intervalos de credibilidade (IC). Para melhor avaliar a qualidade do ajuste dos modelos, as comparações foram baseadas no Critério de Informação de Desvio (DIC).

As curvas genética aditiva, ambiental permanente e sistemática foram modeladas usando as funções LEG ou BSP. Os modelos LEG foram descritos como LEG<sub>i</sub>, no qual i corresponde à ordem LEG variando de 1 a 5, enquanto os modelos baseados em funções BSP foram descritos como BSP<sub>ij</sub>, onde i = 1, 2 ou 3 representavam a ordem linear, quadrática e cúbica, respectivamente, e j=4 ou 5 para representar quatro (DIM 5, 105, 205 e 305) ou cinco (DIM 5, 80, 155, 230 e 305) nós equidistantes. O impacto do ajuste de variâncias residuais heterogêneas (HE) ou homogêneas (HO) também foi avaliado. Portanto, um total de 22 modelos foram contrastados para cada lactação. A persistência da lactação foi descrita de acordo com Cobuci et al. (2007) e Nazari et al. (2021), como:

$$PL_i = GEBV_{250} - GEBV_{50},$$

onde, PL<sub>i</sub> corresponde à persistência da lactação nos partos 1, 2 e 3, abreviados como PL1, PL2 e PL3, respectivamente.

#### Resultados e Discussão

Os valores de DIC para PL1, estimativas herdabilidade para PL1, correlações genéticas entre PL1 e produção de leite de 305 dias são mostradas na Tabela 1. Os valores de DIC tenderam a ser melhor (com valores mais baixos) para modelos mais complexos com ordens mais altas de LEG ou BSP e assumindo variâncias residuais HE. Considerando os valores de DIC, herdabilidades e correlações genéticas, as funções BSP apresentaram melhores resultados, com destaque para o modelo BSP25 em todas as lactações. As estimativas de herdabilidade entre os modelos variaram de 0,09 a 0,32 para PL1, de 0,15 a 0,33 para PL2 e de 0,06 a 0,32 para PL3. De maneira geral, não foi observada diferença entre os modelos baseados no IC, com exceção do BSP14HE que apresentou as menores estimativas para PL1 e os modelos BSP14HE e BSP15HE para PL3. Em geral, vários fatores podem afetar as estimativas de herdabilidade para PL, incluindo os métodos usados para descrever PL e parâmetros genéticos (Cobuci et al., 2004; Nazari et al., 2021). Em nosso estudo, foram observadas estimativas de herdabilidade de média a alta para PL, provavelmente devido à variação genética aditiva razoável, indicando que a melhoria para essas características pode ser alcançada por meio da seleção genética. Estimativas semelhantes foram observadas por Nazari et al. (2021) para persistência de rendimento de gordura em búfalos iranianos. As estimativas

de correlação genética entre persistência da lactação e produção de leite variaram de moderada a baixa magnitude e diminuíram de acordo com o parto. Essas estimativas variaram de -0,46 a -0,10 para PL1, de -0,34 a -0,04 para PL2, e de -0,29 a 0,15 para PL3. Correlações genéticas de baixa magnitude (próximas a zero) entre PL e produção de leite são desejáveis, indicando que não há associação entre persistência da lactação e produção de leite. É importante aumentar a persistência da lactação sem afetar a produção total de leite (Cobuci et al.,2004).

Tabela 1. Valores de DIC (PL1), estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) para persistência da lactação e seus respectivos intervalos de credibilidade (entre parênteses) para primeira lactação (PL1) e correlações genéticas ( $r^2$ ) entre persistência na lactação (PL1) e produção de leite de 305 dias e seus respectivos intervalos de credibilidade (entre parênteses) obtidos a partir dos modelos avaliados ajustando variância residual homogênea (HO) ou heterogênea (HE)

Modelos <sup>a</sup>	HE DIC-PL1	HO	HE $h^2$ PL1	HO	HE $r^2$ PL1	HO
LEG 1	261.135,70	266.192,62	0.18 (0.14, 0.22)	0.24 (0.18, 0.30)	-0.46 (-0.63, -0.27)	-0.39 (-0.60, -0.18)
LEG 2	249.506,60	250.305,74	0.24 (0.19, 0.29)	0.23 (0.19, 0.28)	-0.14 (-0.34, 0.05)	-0.10 (-0.30, 0.09)
LEG 3	244.924,70	245.104,18	0.25 (0.20, 0.30)	0.25 (0.20, 0.30)	-0.30 (-0.48, -0.11)	-0.31 (-0.48, -0.12)
LEG 4	241.942,97	242.138,81	0.26 (0.21, 0.31)	0.25 (0.20, 0.30)	-0.21 (-0.39, -0.03)	-0.22 (-0.40, -0.03)
LEG 5	240.921,29	241.111,22	0.29 (0.23, 0.34)	0.29 (0.24, 0.34)	-0.29 (-0.46, -0.11)	-0.27 (-0.44, -0.10)
BSP15	243.370,22	243.656,02	0.23 (0.19, 0.28)	0.24 (0.19, 0.28)	-0.23 (-0.40, -0.05)	-0.22 (-0.40, -0.03)
BSP14	246.495,36	247.212,14	0.09 (0.07, 0.11)	0.21 (0.17, 0.25)	-0.39 (-0.56, -0.20)	-0.25 (-0.44, -0.07)
BSP25	241.007,78	241.184,46	0.29 (0.24, 0.35)	0.30 (0.25, 0.36)	-0.24 (-0.42, -0.06)	-0.25 (-0.42, -0.06)
BSP24	242.212,13	242.388,36	0.24 (0.20, 0.29)	0.25 (0.20, 0.30)	-0.29 (-0.46, -0.12)	-0.23 (-0.41, -0.04)
BSP35	240.878,85	240.605,01	0.27 (0.22, 0.33)	0.32 (0.28, 0.37)	-0.24(-0.42,-0.06)	-0.19 (-0.34, -0.02)
BSP34	240.981,02	241.373,90	0.24 (0.19, 0.29)	0.26 (0.22, 0.31)	-0.16 (-0.35, 0.02)	-0.23 (-0.41, -0.04)

<sup>a</sup>LEGi: onde i corresponde à ordem dos polinômios de Legendre variando de 1 a 5; BSPij: onde i = 1, 2, 3 representam ordem linear, quadrática e cúbica, respectivamente, e j = 4 ou 5 representam quatro (DIM = 5, 105, 205 e 305) ou cinco (DIM = 5, 80, 155, 230 e 305) segmentos equidistantes para funções B-splines; DIM: dias no leite. DIC (Critério de Informação de Desvio).

### Conclusão

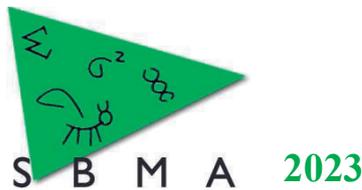
O MRA ajustado usando a função BSP de ordem quadrática com base em cinco nós forneceu o melhor ajuste e parece ser o modelo mais adequado para avaliação genética de PL em búfalas Murrah.

### Agradecimentos

Este estudo foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP (Processo nº 2019/25642-1).

### Literatura citada

- Aspilcueta-Borquis R.R., Araujo Neto F.R., Baldi F., Hurtado-Lugo N., Camargo G.M.F., Muñoz-Berrocal M., & Tonhati H. (2013). Multiple-trait random regression models for the estimation of genetic parameters for milk, fat, and protein yield in buffaloes. **Journal of Dairy Science**, 96, 5923–5932.
- Cobuci J.A., Euclides R.F., Costa C.N., Torres R.A., Lopes P.S., & Pereira C.S. 2007. Genetic evaluation for persistency of lactation in Holstein cows using a random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, 30, 349–355.
- Nazari M.A., Hossein-Zadeh N.G., Shadparvar A.A., & Kianzad D. 2021. Genetic analysis of persistency for Milk fat yield in Iranian buffaloes (*Bubalus bubalis*). **Frontiers in Genetics**, 12, 1–11.
- Pantoja L.S.G, Amante E.R, Rodrigues A.M.C, Silva L.H.M. 2022. World scenario for the valorization of byproducts of buffalo milk production chain. **Journal of Cleaner Production**, 364, 132605.



### Desequilíbrio de ligação em raças ovinas

Julia Lisboa Rodrigues<sup>1\*</sup>, Larissa Graciano Braga<sup>1</sup>, Rafael Nakamura Watanabe<sup>1</sup>, Ana Carolina De Jesus Oliveira<sup>1</sup>, Marcos Eli Buzanskas<sup>2</sup>, Donagh Pearse Berry<sup>3</sup>, Danísio Prado Munari<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, UNESP/FCAV, Jaboticabal, São Paulo, Brasil..

<sup>2</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Areia, Paraíba, Brasil.

<sup>3</sup> The Agriculture and Food Development Authority (Teagasc), Co. Cork, Irlanda.

\*Autor correspondente: [lisboa.rodrigues@unesp.br](mailto:lisboa.rodrigues@unesp.br)

**Resumo:** O estudo teve como objetivo avaliar o decaimento do desequilíbrio de ligação de cinco raças ovinas, a fim de identificar o tamanho adequado das janelas utilizadas nos estudos de assinaturas de seleção recentes, dado que o tamanho da janela é determinado subjetivamente e pode influenciar os resultados finais e suas interpretações. Ovinos Belclare (n = 2.444), Charollais (n = 1500), Suffolk (n = 1.241), Texel (n = 3.399) e Vendeen (n = 1.114), foram genotipados com painel Illumina OvineSNP50 Beadchip (50.166 SNPs - *Single Nucleotide Polymorphisms*). O controle de qualidade foi realizado via PLINK v1.9. O desequilíbrio de ligação (DL) foi estimado para cada raça, usando o quadrado da correlação entre alelos de dois *loci* ( $r^2$ ) via PLINK v1.9. A visualização do decaimento do DL foi realizada pelo programa R. O tamanho da janela foi escolhido pelo ponto em que o DL deixou de cair expressivamente (300 kb). A distância média entre os SNPs e  $r^2$  foram calculadas para essa janela. O DL diminuiu à medida que a distância entre os marcadores no genoma aumentou. A janela de 300 kb possui  $r^2 = 0,1334$  e distância média entre os SNPs de 156 kb. Análises de assinaturas de seleção recentes dentro de janelas de 300 kb podem maximizar a detecção destes padrões genômicos.

**Palavras-chave:** assinaturas de seleção, escore de integração dos haplótipos, marcadores moleculares

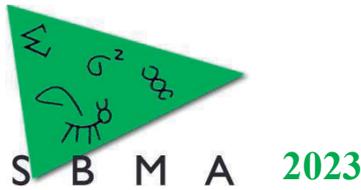
### Disequilibrium linkage in sheep breeds

**Abstract:** The study aimed to evaluate the decay of the linkage disequilibrium of five sheep breeds to identify the adequate size of the windows used in the studies of recent selection signatures, given that the window size is often subjectively determined and can influence the final results and their interpretations. Belclare (n = 2,444), Charollais (n = 1,500), Suffolk (n = 1,241), Texel (n = 3,399) and Vendeen (n = 1,114) sheep were genotyped with the Illumina OvineSNP50 Beadchip panel (50,166 SNPs - *Single Nucleotide Polymorphisms*). Quality control was performed via PLINK v1.9. Linkage disequilibrium (LD) was estimated for each breed using the squared correlation between two *loci* alleles ( $r^2$ ) via PLINK v1.9. Visualization of the LD decay was performed using the R program. The window size was chosen by the point at which the LD stopped dropping remarkably (300 kb). The average of distance between SNPs and  $r^2$  were calculated for this window. The LD decreased as the distance between markers in the genome increased. The 300 kb window has  $r^2 = 0.1334$  and an average distance between SNPs of 156 kb. Analysis of recent selection signatures within 300 kb windows can maximize the detection of these genomic patterns.

**Keywords:** haplotype integration score, molecular markers, selection signatures

### Introdução

O ovino doméstico (*Ovis aries*) foi domesticado há cerca de 11.000 anos, sendo selecionado para atender diversas demandas econômicas. Esse processo favoreceu a formação de várias raças ovinas, destinadas à produção de carne, leite ou lã. No entanto, com o advento das fibras sintéticas, muitos produtores voltaram sua atenção para produção de carne, o que intensificou a seleção para características relacionadas a peso e qualidade de carcaça. Esse processo pode alterar as frequências alélicas e/ou reduzir a variação genética em torno da mutação benéfica selecionada (Saravanan et al., 2020), levando à formação de padrões genômicos devido ao desequilíbrio de ligação (DL) entre os alelos circundantes ao alelo benéfico selecionado. A identificação desses padrões genômicos é possível por meio do uso de marcadores moleculares, como os painéis de genotipagem SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), os quais são



abundantes no genoma, geneticamente estáveis e adequados para análises automatizadas e de alto rendimento (Saravanan et al., 2021).

O DL possibilita a identificação de regiões genômicas, denominadas assinaturas de seleção, as quais podem fornecer informações complementares a genes associados às características adaptativas, evolutivas e de interesse econômico. A identificação das assinaturas de seleção recentes pode ser realizada por diversos métodos e dentre os baseados no DL, o método do Escore de Integração dos Haplótipos (iHS) desenvolvido por Voight et al. (2006) é o mais utilizado. A busca por assinaturas de seleção é realizada por meio de janelas a fim de facilitar a detecção destas regiões. No entanto, o tamanho da janela é determinado subjetivamente, o que pode influenciar os resultados finais e consequentemente suas interpretações (Qanbari et al., 2011). Desta forma, o objetivo do estudo foi avaliar o decaimento do desequilíbrio de ligação de cinco raças ovinas (Belclare, Charollais, Suffolk, Texel e Vendéen), a fim de identificar o tamanho adequado das janelas utilizadas nos estudos de assinaturas de seleção recentes em ovinos.

### Material e Métodos

Ovinos da raça Belclare (n = 2.444), Charollais (n = 1.500), Suffolk (n = 1.241), Texel (n = 3.399) e Vendéen (n = 1.114) foram genotipados com painel Illumina OvineSNP50 Beadchip, com densidade de 50.166 SNPs. Os dados genômicos são provenientes do banco de dados do centro de pesquisa irlandês “The Agriculture and Food Development Authority” (Teagasc), assim, a aprovação do Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA) não foi necessária. O controle de qualidade foi realizado via PLINK v1.9. SNPs e indivíduos com *call rate* <95%, SNPs com frequência do alelo menos frequente <0,01 e desvio extremo do Equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $P < 10^{-6}$ ) foram descartados. Os SNPs foram posicionados de acordo com a versão 3.1 do genoma ovino (OAR 3.1). A inferência das fases de ligação e construção dos haplótipos foi realizada pelo programa Beagle versão 3.3.2. O DL foi estimado para cada raça, usando o quadrado da correlação entre alelos de dois *loci* ( $r^2$ ) (Hill&Robertson, 1968). O DL entre os pares de SNPs foi calculado via PLINK v1.9, utilizando janela de 500 kb (Qanbari et al., 2011), considerando todas as correlações possíveis entre os SNPs. A visualização do decaimento do DL foi realizada pelo programa R. O tamanho da janela foi escolhido pelo ponto em que o DL deixa de cair expressivamente. A distância média entre os SNPs e  $r^2$  foram calculadas para essa janela.

### Resultados e Discussão

O controle de qualidade filtrou SNPs e indivíduos, permanecendo em média 30.099 SNPs autossômicos e 7.121 animais (Belclare, n = 2.377, Charollais, n = 1.477, Suffolk, n = 1.231, Texel, n = 3.330 e Vendéen, n = 1.083). As análises de assinaturas de seleção pelas janelas facilitam a detecção das regiões sob seleção recente, pois estas reduzem a variação *locus a locus*. Assim, janelas muito pequenas podem não incluir informações suficientes para identificar as variações, ao passo que janelas muito grandes podem não identificar as regiões sob seleção, devido a redução do DL. A escolha do tamanho da janela pode ocorrer pelo ponto em que o DL deixa de decair expressivamente ou começa a se estabilizar. O tamanho das janelas utilizadas nas análises de assinatura de seleção deve ser a mesma para todas as raças, a fim de facilitar a comparação entre as regiões do genoma (Qanbari et al., 2011).

O DL diminuiu à medida que a distância entre os marcadores no genoma aumentou (Figura 1). Animais Texel e Suffolk apresentaram maiores valores e decaimento mais lento do DL, provavelmente por terem passado por processo de seleção intenso, uma vez que essas raças são amplamente utilizadas em cruzamentos terminais no Brasil e no mundo. A partir da janela de 300 kb os valores de DL deixam de cair expressivamente, o que pode indicar que até neste tamanho existe associação relevante entre os SNPs. A janela de 300 kb possui  $r^2 = 0,1334$  e distância média entre os SNPs de 156 kb. Segundo Purfield et al. (2017), em estudo com seis raças ovinas, das quais cinco também são apresentadas neste estudo, 90% dos SNPs estão dentro da janela de 300kb.

### Conclusão

As análises de assinaturas de seleção recentes dentro de janelas de 300 kb podem maximizar a detecção destes padrões genômicos.

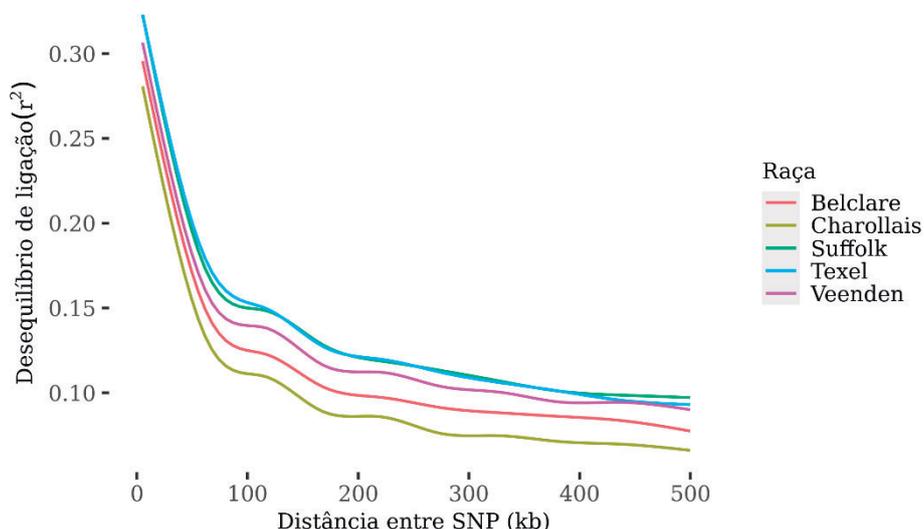
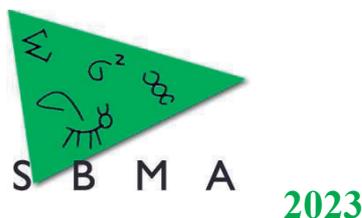


Figura 1- Decaimento do desequilíbrio de ligação ( $r^2$ ) calculado em janela de 500 kb para cinco raças ovinas.

#### Agradecimentos

Ao centro de pesquisa irlandês The Agriculture and Food Development Authority (Teagasc) por ceder os dados genômicos e às agências de fomento “Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo” - FAPESP (nº processo: 2022/13986-0) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq (nº processo: 130045/2022-5) pela bolsa de pesquisa.

#### Literatura citada

##### Artigos:

Hill, W. & Robertson, A. Linkage disequilibrium in finite populations. **Theor Appl Genet.** 38, 226–231 (1968).

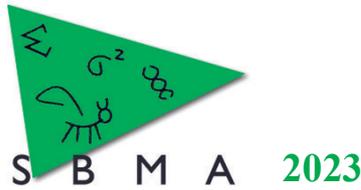
Purfield, D.C., McParland, S., Wall, E., Berry, D.P. (2017) The distribution of runs of homozygosity and selection signatures in six commercial meat sheep breeds. **PLoS ONE** 12(5): e0176780. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0176780>

Qanbari, S., Gianola, D., Hayes, B., Schenkel, F., Miller, S., Moore, S., Thaller, G., Simianer, H. (2011). Application of site and haplotype frequency based approaches for detecting selection signatures in cattle. **BMC Genomics** 12:318. doi:10.1186/1471-2164-12-318

Saravanan, K. A., Panigrahi, M., Kumar, H., Bhushan, B., Dutt, T., & Mishra, B. P. (2021). Genome-wide analysis of genetic diversity and selection signatures in three Indian sheep breeds. **Livestock Science**, 104367. doi:10.1016/j.livsci.2020.104367.

Saravanan, K.A., Panigrahi, M., Kumar, H., Bhushan, B., Dutt, T., Mishra, B.P. (2020). Selection signatures in livestock genome: A review of concepts, approaches, and applications. **Livestock Science**, 241, p. 104257, 10.1016/j.livsci.2020.104257.

Voight, B.F., Kudravalli, S., Wen, X., Pritchard, J.K. (2006). A Map of Recent Positive Selection in the Human Genome. **PLoS Biol** 4(3): e72. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0040072qq>.



### Explorando a variação residual para uniformidade de peso corporal em codornas de corte em crescimento

Arícia Chaves Zanetti Reis<sup>1\*</sup>, Cassiane Gomes dos Santos<sup>1</sup>, Alessandra Alves Silva<sup>2</sup>, Delvan Alves da Silva<sup>1</sup>, Daniele Botelho Diniz Marques<sup>1</sup>, Ivan Carvalho Filho<sup>2</sup>, Mateus Guimarães Santos<sup>1</sup>, Natanieli Silva Máximo<sup>1</sup>, Layla Cristien de Cassia Miranda Dias<sup>1</sup>, Renata Veroneze<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [aricia.reis@ufv.br](mailto:aricia.reis@ufv.br)

**Resumo:** Objetivou-se avaliar a uniformidade de peso corporal em codornas de corte em crescimento via inferência bayesiana. Foram analisados os registros de 14.196 codornas pertencentes a 16 gerações. Um total de 8182 animais foram considerados no pedigree. As análises foram divididas em dois passos. No primeiro passo, um modelo uni característico foi ajustado para estimar o efeito residual dos pesos corporais aos 7, 14 e 21 dias. Posteriormente, no segundo passo, um modelo bi característico foi usado para estimar a correlação genética entre os pesos avaliados e seus respectivos  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . As estimativas de herdabilidade para os pesos corporais aos 7, 14 e 21 dias de idade foram de moderada magnitude sendo 0,27; 0,30 e 0,36, respectivamente. Já as herdabilidades para variação residual nos respectivos pesos foram 0,04; 0,02 e 0,03, indicando que se espera baixo ganho genético na seleção para uniformidade utilizando  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . As correlações genéticas foram moderadas, sugerindo uma associação genética entre os pesos avaliados e  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . A maior da parte variação observada na uniformidade de peso corporal em codornas de corte, pode ser atribuída a fatores ambientais. A seleção para maior peso aos 7 e 14 dias de idade provocaria mudanças na uniformidade.

**Palavras-chave:** aves, produção, uniformidade, variância residual.

### Exploring residual variation for body weight uniformity in growing meat quails

**Abstract:** The objective was to evaluate the uniformity of body weight in quails in the growth phase by using Bayesian inference. The records of 14,196 quails belonging to 16 generations were analyzed. Pedigree information consisted of 8182 animals. The analyzes were performed in two steps. In the first step, a uni-trait model was fitted to estimate the residual effect of body weights at 7, 14, and 21 days. Subsequently, in second step, a bi-trait model was used to estimate the correlation between the evaluated body weight and their  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . The heritability estimates for body weights at 7, 14, and 21 days of age were moderate being 0.27, 0.30, and 0.36, respectively. The residual variation heritabilities for the respective weights were low and equal to 0.04, 0.02, and 0.03, which indicated that low genetic gain is expected for the selection for uniformity using  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . The genetic correlations were moderate, which suggested a genetic association between these traits and the residual variation. Thus, most of the observed variation in body weight uniformity in meat quails can be attributed to environmental factors and the selection for P7 and P14 would result in changes in body weight uniformity.

**Keywords:** birds, production, residual variance, uniformity.

### Introdução

A coturnicultura é uma atividade econômica com enorme potencial de crescimento em todo o mundo, devido à alta demanda por alimentos, especialmente ovos e carne. Essa atividade é uma alternativa sustentável e rentável para a produção de alimentos e pode ser uma importante fonte de renda para a agricultura familiar e organizações do setor agropecuário. Diversos fatores contribuem para o desenvolvimento dessa atividade, como o baixo custo inicial, a maturidade sexual precoce e a alta eficiência produtiva das codornas, associados a um ágil retorno financeiro (Santos et al., 2023).

Para o sucesso da produção de codornas na fase de crescimento das aves, uma das características importantes a ser avaliada é a uniformidade de peso. Considerando que nessa fase a dieta é elaborada para atender as demandas médias individuais, um lote homogêneo proporciona, entre outros benefícios, um

adequado manejo nutricional que poderia ser aplicado em larga escala (Silva et al., 2021). Além disso, baixa uniformidade de peso dos indivíduos do lote pode sugerir uma redução no bem-estar animal, decorrente de aspectos gerais relacionados ao alojamento, manejo e saúde das aves. Nesse contexto, objetivou-se avaliar a uniformidade de peso corporal em codornas de corte em crescimento via inferência Bayesiana.

### Material e Métodos

Foram utilizados registros de peso corporal aos 7(P7), 14(P14) e 21(P21) dias de idade, da linhagem experimental de codornas de corte UFV2, do Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte da Universidade Federal de Viçosa. Os dados foram editados para eliminar registros de codornas com identificação imprópria e sem informação de sexo ou geração. Assim, um total de 14.196 registros de codornas pertencentes a 16 gerações, com o pedigree composto por 8.182 animais, foram analisados.

Uma avaliação genética em duas etapas foi usada para investigar o efeito da variação genética na variância residual para P7, P14 e P21. Na primeira etapa, um modelo animal uni característico foi utilizado para estimar o efeito residual ( $\hat{e}$ ) das características, seguindo a metodologia descrita por Silva et al. (2021). Em notação matricial, esse modelo pode ser descrito da seguinte forma:  $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$ , em que  $\mathbf{y}$  é o vetor de observações associado a P7, P14 e P21, em que  $\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Za}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$ , em que  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$  são as variâncias genética aditiva direta e residual, respectivamente;  $\mathbf{b}$  é o vetor de efeito sistemático (grupos de contemporâneos formados por geração e sexo);  $\mathbf{a}$  é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos direto;  $\mathbf{e}$  é o vetor de efeitos residuais;  $\mathbf{X}$  e  $\mathbf{Z}$  são as matrizes de incidência que relacionam  $\mathbf{b}$  e  $\mathbf{a}$  para  $\mathbf{y}$ , respectivamente. A distribuição normal foi assumida para  $\mathbf{a}$ ,  $\mathbf{e}$  e a distribuição qui-quadrada escalonada foi assumida para  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$ . As análises foram realizadas via inferência Bayesiana, por meio do software gibbsf90+ (Misztal et al., 2018). Foi considerada uma cadeia composta por 100.000 ciclos, com um *burn-in* das primeiras 20.000 iterações e com amostras armazenadas a cada cinco ciclo (*thin*=5). A análise de convergência foi baseada no critério de Geweke (Geweke 1991).

Os resíduos estimados ( $\hat{e}$ ) relacionados a cada observação foram elevados ao quadrado e transformados como  $(\ln(\hat{e}^2))$ . Na segunda etapa, foram realizadas análises bi características para estimar a correlação genética entre os efeitos genéticos aditivo para P7, P14 e P21 e o resíduo  $(\ln(\hat{e}^2))$ .

### Resultados e Discussão

As médias a posteriori das estimativas dos componentes de variância, herdabilidades e herdabilidades do resíduo para P7, P14 e P21 e as correlações genéticas entre os pesos e os respectivos resíduos em codornas de corte da linhagem UFV2 estão apresentadas na Tabela 1.

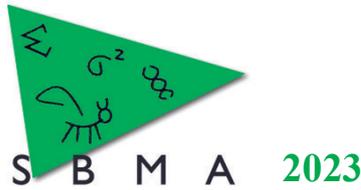
Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade e herdabilidade do resíduo para peso corporal aos 7 (P7), 14 (P14) e 21 (P21) dias de idade e a correlação genética entre os pesos nas diferentes idades e os respectivos resíduos log transformados  $(\ln(\hat{e}^2))$ , para codornas de corte da linhagem UFV2.

Característica	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$ (HPD)	$h_v^2$ (HPD)	$r_g$ (HPD)
P7	6,43	17,85	24,28	0,27 (0,22 – 0,31)	0,04 (0,02 – 0,06)	-0,43 (-0,64 - -0,22)
P14	33,33	79,28	112,61	0,30 (0,25 – 0,34)	0,02 (0,008 – 0,04)	-0,45 (-0,88 - -0,14)
P21	94,71	166,50	261,21	0,36 (0,22 – 0,32)	0,03 (0,02 – 0,04)	-0,20 (-0,40 - -0,005)

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $h^2$ : herdabilidade;  $h_v^2$ : herdabilidade da variância residual;  $r_g$ : correlação genética entre os fenótipos nas diferentes idades e os respectivos resíduos log transformados; HPD: intervalo de densidade posterior de 95%.

As estimativas de herdabilidade para P7, P14 e P21 foram de moderada magnitude (Tabela 1), logo a seleção utilizando o peso corporal aos 7, 14 e 21 dias poderia resultar em ganhos genéticos moderados. Esses achados estão em consonância com o trabalho de Silva et al. (2013), que encontrou estimativas semelhantes ( $h^2 = 0,29$  a  $0,30$ ) para peso aos 7, 14 e 21 dias de idade em codornas de corte.

As estimativas de herdabilidade do resíduo ( $h_e^2$ ) para P7, P14 e P21 foram baixas e iguais a 0,04; 0,02 e 0,03 respectivamente (Tabela 1), o que indica que a seleção para uniformidade utilizando ln



( $\hat{\epsilon}^2$ ) resultaria em baixo ganho genético. Esses resultados corroboram com o trabalho de Mulder et al. (2009), que encontraram estimativas de herdabilidade da variância residual variando de 0,029 a 0,047 para peso corporal em frangos de corte. Além disso, as correlações genéticas estimadas entre P7, P14, P21 e seus respectivos ln ( $\hat{\epsilon}^2$ ) foram significativas segundo os intervalos de HPD (Tabela 1), indicando associação entre o fenótipo e o resíduo. As correlações genéticas obtida entre P7, P14 e seus respectivos resíduos foram moderadas e negativas, indicando que a seleção para P7 e P14 resultaria em uma melhoria na uniformidade. Já para P21 essa correlação foi baixa, mas também negativa. Tais correlações negativas são favoráveis para obter lotes de animais mais homogêneos, visto que a seleção para peso corporal já é uma prática comum nos programas de melhoramento animal.

#### Conclusão

As baixas herdabilidades obtidas para o ln ( $\hat{\epsilon}^2$ ) de P7, P14 e P21 sugerem baixa precisão de seleção para essas características. As correlações genéticas entre P7, P14 e seus respectivos ln ( $\hat{\epsilon}^2$ ) indicam que ao selecionar para maior peso corporal é possível a melhoria da uniformidade de produção na fase de crescimento em codornas de corte.

#### Literatura citada

GEWEKE, J. 1991. "Evaluating the Accuracy of Sampling-Based Approaches to the Calculation of Posterior Moments." *Federal Reserve Bank of Minneapolis. Department Staff Report* 148.

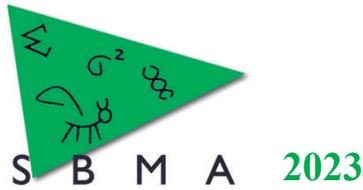
Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia; 2018.

Mulder H.A., Hill W.G., Vereijken A., & Veerkamp R F. 2009. Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broiler chickens. **Animal**, 3, 1673-1680.

Santos T.S., Alves I.N.S., Araujo J.S., Assis A.S., Júnior V. R., Brito C.O., & Júnior G.M.O. 2023. In vivo determination of domestic quail (*Coturnix japonica*) muscle development by ultrasonography as a function of energy levels. **Scientific Reports**, 13, 2572.

Silva A.A., Silva D.A., Pereira C.R.M., Abreu C.P., Caetano G., Paiva J.T., Silva F.F., Lopes P.S. & Veroneze R. 2021. Exploring the use of residual variance for uniformity of body weight in meat quail lines using Bayesian inference. **British Poultry Science**, 62, 474-484.

Silva, L.P., Ribeiro, J.C., Crispim, A.C., Silva, F.G., Bonafé, C.M., Silva, F.F., & Torres, R.A. (2013). Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, 153(1-3), 27-32.



**Impacto da coleta de fenótipos na predição genômica de características de eficiência alimentar e reprodutiva em bovinos da raça Nelore**

Gabriel Gubiani<sup>1\*</sup>, Larissa Bordin Temp<sup>1</sup>, Claudio de Ulhôa Magnabosco<sup>2</sup>, Angélica Simone Cravo Pereira<sup>3</sup>, Raysildo Barbosa Lôbo<sup>4</sup>, Ignacio Aguilar<sup>5</sup>, Fernando Baldi<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil

<sup>2</sup> Pesquisador, Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Brasília, DF, Brasil

<sup>3</sup> Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Nutrição e Produção Animal, Universidade de São Paulo (USP), Pirassununga, Brasil

<sup>4</sup> Presidente, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

<sup>5</sup> Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA, Uruguay

\*Autor correspondente: gabriel.gubiani@unesp.br

**Resumo:** Este trabalho teve como objetivo avaliar o impacto da coleta de fenótipos na predição genômica para características de Consumo Alimentar Residual (CAR) e Probabilidade de Parto Precoce (3P) em bovinos da raça Nelore. Os dados utilizados foram fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores - ANCP, totalizando 88.670 observações fenotípicas para 3P e 17.049 para CAR. O modelo considerou os efeitos aditivos genéticos aleatórios, efeitos fixos do grupo de contemporâneos e idade como covariável para CAR e o modelo limiar para 3P. Para a avaliação dos animais, foi utilizado o método de regressão linear (LR), validando os animais da população parcial com informações da população completa. Os resultados indicaram que apenas a avaliação genômica não foi suficiente para manter a acurácia dos valores genéticos para CAR e 3P, levando a uma redução de acurácia em 95% e 67%, aumento da dispersão em 157% e 22%, e aumento do viés em 5% e -13%, respectivamente.

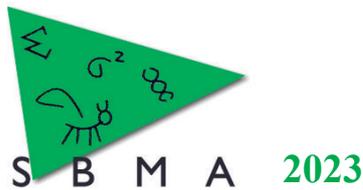
**Palavras-chave:** consumo alimentar residual, predições genômicas, probabilidade de parto precoce.

**Abstract:** This study aimed to evaluate the impact of phenotype collection on genomic prediction for Residual Feed Intake (RFI) and Probability of Precocious Calving (PPC) traits in Nelore cattle. The data used were provided by the National Association of Breeders and Researchers - ANCP, totaling 88,670 phenotypic observations for EPC and 17,049 for RFI. The model considered random genetic additive effects, fixed effects of the contemporary group and age as a covariate for RFI, and the limiar model for EPC. The linear regression method (LR) was used to evaluate the animals, validating the animals in the partial population with information from the complete population. The results indicated that genomic evaluation alone was not sufficient to maintain the accuracy of genetic values for RFI and EPC, leading to a reduction in accuracy of 95% and 67%, an increase in dispersion of 157% and 22%, and an increase in bias of 5% and -13%, respectively.

**Keywords:** residual feed intake, genomic predictions, probability of early parturition

### Introdução

As predições genômicas utilizam informações de fenótipos, pedigree e genômica para criar modelos que permitem estimar o valor genético dos animais. A coleta de fenótipos é fundamental para calibrar e validar esses modelos, bem como avaliar a confiabilidade das predições (Meuwissen, Hayes e Goddard, 2016). A seleção genômica permite a seleção precoce de indivíduos superiores com alta precisão para características de interesse. Além disso, a seleção genômica é particularmente útil para características que são difíceis de medir diretamente em animais jovens ou em animais que ainda não possuem progênie (Daetwyler *et al.*, 2014). Estudos mostraram que a inclusão de informações fenotípicas nos modelos de predição genômica aumenta significativamente a acurácia das predições em comparação com modelos que utilizam apenas informações genômicas (Hayes *et al.*, 2009).



Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar o impacto nos parâmetros de acurácia, viés e dispersão ao interromper gradativamente a coleta de fenótipos para as características de consumo alimentar residual (CAR) e probabilidade de parto precoce (3P).

#### Material e Métodos

Os dados analisados no estudo foram fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), com origem em 40 propriedades, possuindo 30 safras de animais com informações fenotípicas e 12 safras de animais com informações genotípicas participantes do programa de melhoramento genético Nelore Brasil. A mensuração para CAR (Consumo Alimentar Residual) é obtida a partir do consumo alimentar e do ganho de peso em animais em confinamento. Já 3P (Probabilidade de Parto Precoce), é considerada uma característica binária, onde classifica as novilhas que emprenharam e pariram um bezerro vivo até os 30 meses de idade, em prenhez de sucesso ou fracasso. Os componentes de variância e os valores genéticos foram estimados utilizando o melhor preditor linear não viesado (BLUP). Para as análises unicaracterísticas, baseadas no pedigree e em dados genômicos, foi utilizado o modelo animal para estimar os componentes de variância, parâmetros genéticos e prever os valores genômicos, onde incluiu os efeitos aditivos genéticos aleatórios, efeitos fixos do grupo de contemporâneos (ano de nascimento) e a idade como covariável. Para a característica 3P, foi considerada o modelo limiar. Na avaliação das habilidades de predições, o conjunto de dados foi dividido em subconjunto completo e parcial, conforme o método de (regressão linear) proposto por Legarra e Reverter (2018). O subconjunto completo incluiu indivíduos que nasceram entre os anos de 2011 e 2021, com informações de genótipo e fenótipo.

O conjunto completo utilizado neste estudo foi composto por indivíduos nascidos entre 2011 e 2021, que possuíam informações genotípicas e/ou fenotípicas, incluindo os fenótipos de animais não genotipados. Um total de 88.670 observações foram utilizadas para 3P e 17.049 para CAR, totalizando 105.719 observações fenotípicas. Foram testados 11 cenários de exclusão sequencial de fenótipos para CAR e 3P, considerando o ano de nascimento dos indivíduos no conjunto parcial, desde 2021 até 2011. Os animais foram genotipados com um painel de baixa densidade (CLARIFIDE® Nelore 3.0) e imputados para um painel de 70k (CLARIFIDE® Nelore 4.0). Os animais utilizados para validação foram aqueles nascidos em 2021, que possuíam informações de genótipo, fenótipo e não tinham progênie. Para validar os animais mais jovens, os GEBV (Valor Genético Estimado Genômico) dos dados parciais foram comparados com os dos animais mais antigos. As predições dos valores genéticos e componentes de variância foram obtidas com o uso dos programas Blupf90+ e Gibbsf90+.

#### Resultados e Discussão

A exclusão progressiva dos fenótipos resultou em uma queda significativa da acurácia, à medida que as informações fenotípicas foram removidas ano a ano, o que também levou a um aumento do viés, conforme apresentado na tabela 1. Estudos já demonstraram que a inclusão de informações fenotípicas no modelo de predição genômica melhora significativamente a acurácia das predições, quando comparados com modelos que utilizam apenas informações genômicas. Além disso, a inclusão de fenótipos adicionais no modelo geralmente resulta em melhorias adicionais na acurácia das predições genômicas" (Forni *et al.*, 2011). Isso ocorre porque o fenótipo é uma medida direta da expressão da característica de interesse, influenciado tanto pelos efeitos genéticos quanto pelos efeitos ambientais. A inclusão dos fenótipos no modelo de predição genômica possibilita a captura da variação ambiental, permitindo que esta seja removida da variação total, aumentando a acurácia das predições genômicas. A confiabilidade e precisão dos valores genéticos preditos (GEBVs) são diretamente afetados pela acurácia e viés das predições.

No presente estudo, a exclusão de 10 anos de registros fenotípicos resultou em uma diminuição de 95% na acurácia para CAR, e um aumento considerável no viés, variando 0,001 no primeiro ano (2021) para -0,047 no último ano (2011).

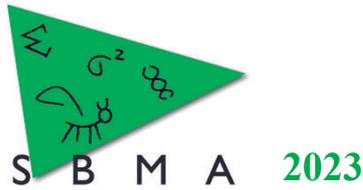


Tabela 1. Estatística descritiva e parâmetros genéticos de acurácia, dispersão e viés para CAR e 3P.

Ano	N		Média		Acurácia		Dispersão		Viés	
	CAR	3P	CAR	3P	CAR	3P	CAR	3P	CAR	3P
2021	15430	-	-0,010	-	0,836	-	0,893	-	0,001	-
2020	12112	87076	-0,008	1,422	0,657	0,991	0,853	1,014	-0,023	0,031
2019	7914	77921	-0,016	1,362	0,522	0,927	0,737	1,012	-0,052	0,069
2018	5297	65879	-0,020	1,309	0,369	0,736	0,599	0,826	-0,077	0,084
2017	3023	55446	-0,020	1,272	0,295	0,614	0,549	0,828	-0,063	0,101
2016	2268	46988	-0,009	1,242	0,259	0,548	0,545	0,783	-0,058	0,116
2015	1809	38408	-0,001	1,221	0,278	0,436	0,717	0,740	-0,048	0,139
2014	1476	31963	0,009	1,200	0,124	0,358	0,390	0,707	-0,050	0,140
2013	1046	26757	-0,005	1,190	0,103	0,304	0,458	0,616	-0,042	0,145
2012	646	22482	-0,022	1,178	-0,032	0,337	-0,173	0,785	-0,047	0,152
2011	247	19382	-0,056	1,166	-0,114	0,324	-0,679	0,797	-0,047	0,156

Para 3P, não há informações referente ao ano de 2021, pois ainda não possuíam parto confirmado.

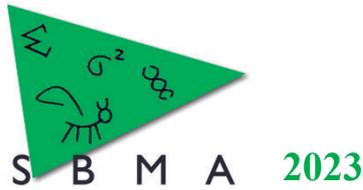
Para 3P, a acurácia de predição diminuiu 67%, enquanto o viés variou de 0,031 a 0,156 no mesmo período. A dispersão teve uma maior variação para CAR, e menor para 3P, com variação de 1,571 e 0,218, respectivamente. Verificou-se que para a característica CAR, a acurácia e a dispersão possuíram maior amplitude em virtude do baixo número de informações fenotípicas apresentadas nos anos de 2012 e 2011, onde a covariância foi negativa, tornando a correlação negativa. Para CAR, houve redução na acurácia a partir do primeiro ano sem o uso de fenótipos, acompanhada por um aumento na dispersão e viés. A precisão das predições genômicas podem ser afetada pela redução do número de observações fenotípicas e aumento do número de safras entre as populações. Isso pode levar à perda do equilíbrio de ligação entre marcadores e QTLs, afetando a precisão das predições genômicas (Goddard e Hayes, 2009).

### Conclusão

A exclusão progressiva dos fenótipos resultou em uma queda significativa da acurácia e um aumento do viés, mostrando que a quantidade de fenótipos é fundamental para calibrar e validar modelos de predição genômica. A inclusão de informações fenotípicas nos modelos de predição genômica aumentou significativamente a acurácia das predições. Portanto, a coleta contínua de fenótipos é essencial para calibrar e validar modelos de seleção genômica em programas de melhoramento animal.

### Literatura citada

- Daetwyler, H. D., Capitan, A., Pausch, H., Stothard, P., Van Binsbergen, R., Brøndum, R. F., ... & Hayes, B. J. Whole-genome sequencing of 234 bulls facilitates mapping of monogenic and complex traits in cattle. *Nature genetics*, 46(8), 858-865, 2014.
- Forni, S., Aguilar, I., & Misztal, I. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. *Genetics Selection Evolution*, 43(1), 1-10, 2011.
- Goddard, M.; Hayes, B. J. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*, London, v. 10, n. 6. p. 381-91. DOI:10.1038/nrg2575, 2009.
- Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., Verbyla, K., Goddard, M. E. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. *Genetics Selection Evolution*, 41, 51, 2009.
- Legarra, A., Reverter, A., Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. *Genetics Selection Evolution*, v. 50, p. 1-18, 2018.
- Meuwissen, Theo, Ben Hayes, and Mike Goddard. "Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding." *Animal frontiers* 6.1 6-14, 2016.



**Impacto do uso de metafundadores na acurácia de predição para probabilidade de parto precoce em fêmeas da raça Nelore**

Larissa Bordin Temp<sup>1\*</sup>, Ludmilla Costa Brunes<sup>2</sup>, Gabriel Gubiani<sup>1</sup>, Claudio Ulhoa Magnabosco<sup>3</sup>, Raysildo Barbosa Lôbo<sup>4</sup>, Ignacio Aguilar<sup>5</sup>, Rodrigo López Correa<sup>6</sup>, Fernando Baldi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, Brazil.

<sup>2</sup> Pesquisadora Júnior, Embrapa Cerrados e Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal, Brasília, DF, Brazil.

<sup>3</sup> Pesquisador A, Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Brasília, DF, Brazil

<sup>4</sup> Presidente, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, SP, Brazil.

<sup>5</sup>Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA, Uruguay

<sup>6</sup>Departamento de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de La República, Montevideo, Uruguay.

\*Autor correspondente: [larissa.b.temp@unesp.br](mailto:larissa.b.temp@unesp.br)

**Resumo:** Desenvolver ferramentas capazes de reduzir o viés e aumentar a acurácia de predição em avaliações genômicas é crucial, especialmente para características reprodutivas relacionadas a precocidade sexual de fêmeas que tendem a ter baixa herdabilidade. Objetivou-se com esta pesquisa avaliar o impacto da inclusão de metafundadores (MF) nas estimativas de acurácia, viés e dispersão na característica reprodutiva probabilidade de parto precoce aos 30 meses de idade (PP30) em bovinos da raça Nelore. Foram realizadas análises univariadas utilizando modelo animal e melhor preditor linear não viesado (BLUP), BLUP em passo único com informação genômica e sem MF (ssGBLUP) e ssGBLUP com uso de MF (ssGBLUP + MF). Os MF foram baseados em animais de rebanhos comerciais e registrados, paternidade incerta e patriarcas (animais nascidos no Brasil, filhos de indivíduos importados). De maneira geral a inclusão de MF proporcionou melhora nos parâmetros de acurácia, viés e dispersão para os animais da validação. A inclusão dos MF pai ou mãe conhecidos e do patriarca Rambo da Mundo Novo proporcionaram melhora significativa na acurácia de predição de 0,654 para 0,771, e 0,698 para 0,758. A incorporação de metafundadores no ssGBLUP permitiu manter os níveis de acurácia do ssGBLUP tradicional e obter predições menos tendenciosas do que sem a incorporação dos referidos pseudo-indivíduos.

**Palavras-chave:** herdabilidade, paternidade desconhecida, patriarcas, seleção genômica, ssGBLUP

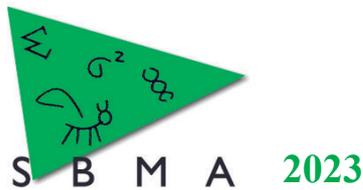
**Impact of the use of metafounders on the prediction accuracy for early heifer pregnancy in Nelore females**

**Abstract:** Developing tools capable of reducing bias and increasing prediction accuracy in genomic evaluations is crucial, especially for reproductive traits related to female sexual precocity that tend to have low heritability. The aim of this research was to evaluate the impact of including metafounders (MF) on accuracy, bias, and dispersion estimates for the reproductive trait of probability of early heifer pregnancy at 30 months of age (PP30) in Nelore cattle. Univariate analyses were performed using an animal model and best linear unbiased predictor (BLUP), single-step genomic BLUP (ssGBLUP) without MF, and ssGBLUP with MF. The MF were based on animals from commercial and registered herds, animals with uncertain paternity, and patriarchs (animals born in Brazil, sons of imported individuals). In general, the inclusion of MF improved accuracy, bias, and dispersion parameters for validation animals. The inclusion of the MF father or mother known and the patriarch Rambo from Mundo Novo provided a significant improvement in the prediction accuracy from 0.654 to 0.771, and from 0.698 to 0.758. Incorporating metafounders into ssGBLUP allowed for maintaining the accuracy levels of traditional ssGBLUP while obtaining less biased predictions than without the incorporation of these pseudo-individuals

**Keywords:** heritability, genomic selection, patriarchs, ssGBLUP, unknown paternity

**Introdução**

O desenvolvimento de ferramentas capazes de aumentar a acurácia e reduzir o viés das avaliações genômicas, em especial para as características reprodutivas relacionadas a precocidade sexual nas fêmeas e indicadores de eficiência reprodutiva que tendem a apresentar baixa herdabilidade e menor número de



observações por serem limitadas a um sexo é de extrema importância. Legarra et al. (2018) propuseram um método no qual é possível a inclusão de várias gerações bases através de metafundadores (MF), pseudo-indivíduos considerados simultaneamente como pai e mãe da população base possibilitando avaliar a ancestralidade comum entre indivíduos, que baseado em informações comumente disponíveis, não estariam relacionados. Diante do exposto, objetivou-se com esta pesquisa avaliar o impacto da utilização de diferentes critérios para a inclusão de metafundadores nas estimativas de acurácia, viés e dispersão na característica reprodutiva probabilidade de parto precoce aos 30 meses de idade (PP30) em bovinos da raça Nelore.

#### Material e Métodos

As informações fenotípicas foram provenientes de fazendas localizadas nas regiões Centro-oeste, Sudeste, Nordeste e Norte do Brasil, pertencentes a Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, SP), a qual também disponibilizou informações de genealogia. Assim, foram utilizados 152.143 registros para PP30. Novilhas que tiveram sua prenhez confirmada até os 24 meses ou pariram até os 30 meses de idade, foram categorizadas como as de sucesso (2), aquelas que pariram após esta idade eram categorizadas como falhas (1), e novilhas que não alcançaram ambos critérios foram classificadas como dado perdido. O grupo de contemporâneos (GC) foi composto por animais de mesma fazenda, ano e estação de nascimento. Grupos com menos de 20 e mais de 100 animais foram excluídos da análise. Aproximadamente 60 mil animais foram genotipados com painel de baixa densidade (CLARIFIDE® Nelore 3.0), e imputados para um painel de 70k (CLARIFIDE® Nelore 4.0) utilizando o software Fimpute 2.2. Como população de referência para a imputação foram usados 25.000 animais fundadores genotipados com o CLARIFIDE® Nelore 4.0. Os metafundadores utilizados foram baseados em animais de rebanhos comerciais e registrados, paternidade incerta ou patriarcas (indivíduos nascidos no Brasil, filhos de animais importados). Para obter a informação dos patriarcas foi realizada uma análise de pedigree onde determinou-se a respectiva porcentagem acerca de cada indivíduo, agrupando desta forma os metafundadores. Análises unicaracterísticas para PP30 utilizando modelo animal e melhor preditor linear não viesado (BLUP), BLUP em passo único com informação genômica e sem metafundadores (ssGBLUP) e ssGBLUP com uso de metafundadores (ssGBLUP + MF) foram realizadas. Os critérios utilizados para avaliar o impacto do uso de MF foram acurácia, viés e dispersão dos GEBVs estimados de modo similar ao proposto pelo método LR (Legarra e Reverter, 2018) fazendo uso do subconjunto completo (w) composto por animais genotipados com progênie e fenótipos de animais não genotipados. O subconjunto parcial (p) consistiu de 2948 animais jovens, genotipados e sem registros de progênie nascidos em 2019/2020. Nos animais genotipados do conjunto de dados parcial, as informações fenotípicas foram omitidas do conjunto de dados completo. As estimativas dos valores genéticos e componentes de variância (sem inclusão de MF) foram obtidas utilizando-se os programas da família BLUPF90.

#### Resultados e Discussão

De maneira geral, a inclusão de MF proporcionou melhora nos parâmetros de acurácia, viés e dispersão para os animais da validação, como exposto na tabela 1.

O viés se refere a diferença entre o valor genético estimado (EBV) e o valor verdadeiro, ou seja, quanto menos tendencioso o modelo, mais próximo será de zero. Este, variou de -0,030 a 0,001 e -0,033 a 0,000 para o modelo sem e com inclusão de MF, respectivamente. A inclusão do MF 4 (pai ou mãe conhecidos) reduziu o viés a 0, o que pode ser explicado pela maioria dos indivíduos do plantel possuir alguma informação relacionada aos pais. Os vieses negativos indicam que as médias (G)EBV para validação de animais do conjunto de dados reduzido eram inferiores às do conjunto de dados completo, ou seja, indicam subestimação de (G)EBV do conjunto de dados reduzido.

A dispersão foi calculada como a inclinação da regressão dos valores genéticos preditos com a população completa nos valores genéticos preditos com a população parcial. Esse coeficiente de regressão deve estar próximo de um para garantir que não haja inflação ( $b_1$  inferior a 1) ou deflação ( $b_1$  superior a 1) no (G)EBV para animais de validação. Os resultados variaram de 0,794 a 1,034 e 0,939 a 1,207 para os modelos ssGBLUP e ssGBLUP+MF. Nota-se maior deflação das estimativas pós inclusão dos MF, com exceção dos metafundadores 4 (pai ou mãe conhecidos) e 9 (patriarca Rapolho da SI) que apresentaram os resultados dentro do esperado 0,939; 0,969, respectivamente. A deflação causa superdispersão, o que é prejudicial às predições genômicas, especialmente quando os candidatos à seleção são de diferentes gerações ou têm diferentes quantidades de informações.

Tabela 1. Viés, dispersão e acurácia de predição de valores genômicos para probabilidade de parto precoce aos 30 meses em fêmeas da raça Nelore, obtidos utilizando modelos sem e com metafundadores.

MF	Viés	Viés*	Disp.	Disp. *	Acc	Acc*	N val
Critério do metafundador: Animais com registro ou sem registro							
1	-0,030	-0,033	0,920	1,051	0,932	0,926	37
2	0,007	-0,005	0,921	1,086	0,745	0,784	2911
Critério do metafundador: Incerteza do pedigree do animal							
3	0,007	-0,005	0,923	1,094	0,748	0,784	2862
4	0,009	0,000	0,890	0,939	0,654	0,771	86
Critério do metafundador: Patriarcas ou linhagens							
5	-0,005	-0,010	0,979	1,109	0,760	0,842	255
6	0,009	-0,004	0,925	1,050	0,744	0,759	413
7	0,002	-0,005	0,852	1,050	0,698	0,758	698
8	0,015	-0,003	0,947	1,112	0,762	0,799	1220
9	-0,002	-0,011	0,958	0,969	0,765	0,786	39
10	0,001	-0,014	1,034	1,157	0,749	0,732	54
11	-0,020	-0,022	0,910	1,207	0,854	0,874	45
12	-0,002	-0,008	0,794	1,043	0,724	0,723	207

MF: metafundadores; 1: comercial; 2: registrado; 3: pai e mãe conhecidos; 4: pai ou mãe conhecidos; 5: Ludy de Garça; 6: 1646 da M.N.; 7: Rambo da Mundo Novo; 8: Zefec Abdala; 9: Rapihlo da SI; 10: Fajardo da GB; 11: Nurmahal Col; 12: Voltaire Te Jr; \*: uso de MF no modelo; Disp: dispersão; Acc: acurácia; N val: animais jovens, genotipados e sem registros de progênie nascidos em 2019/2020.

A acurácia foi calculada como a correlação dos EBV's dos animais da população parcial sobre os EBVs dos animais na população completa. Majoritariamente, verifica-se uma melhora nas estimativas de acurácia independentemente do tipo de metafundador utilizado. A inclusão dos MF pai ou mãe conhecidos e do patriarca Rambo da Mundo Novo proporcionaram melhora significativa na acurácia de predição de 0,654 para 0,771, e 0,698 para 0,758. Na literatura, alguns trabalhos realizados com metafundadores expõem o benefício destes na predição genômica com melhora na estimativa das tendências genéticas, redução do viés e aumento da acurácia de predição quando comparada a avaliação tradicional sem MF (Garcia-Baccino et al., 2017; Bradford et al., 2019).

### Conclusão

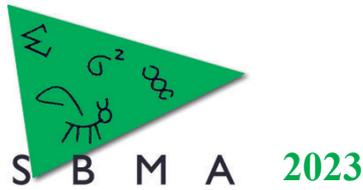
A incorporação de metafundadores no ssGBLUP permitiu manter os níveis de acurácia do ssGBLUP tradicional e obter predições menos tendenciosas do que sem a incorporação dos referidos pseudo-indivíduos.

### Agradecimentos

Os autores agradecem ao apoio financeiro fornecido pelo CNPq (Conselho Nacional e Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e a Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, SP) pela concessão dos dados.

### Literatura citada

- Bradford, H. L., Masuda, Y., Vanraden, P.M., Legarra, A., Misztal, I. 2019. Modeling missing pedigree in single-step genomic BLUP. **Journal of Dairy Science**, 102, 2336 – 2346.
- Garcia-Baccino, C. A., Legarra, A., Christensen, O. F., Misztal, I., Pocrnic, I., Vitezica, Z. G., Cantet, R. J. C. 2017. Metafounders are related to fst fixation indices and reduce bias in single-step genomic evaluations. **Genetics Selection Evolution**, 49, 1-14.
- Legarra, A., Reverter, A. 2018. Semi-Parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genetics Selection Evolution**, 50, 1 – 18.



### Influência da quantidade de fenótipos na predição genômica para características de carcaça em bovinos da raça Nelore

Gabriel Gubiani<sup>1\*</sup>, Larissa Bordin Temp<sup>1</sup>, Claudio de Ulhôa Magnabosco<sup>2</sup>, Angélica Simone Cravo Pereira<sup>3</sup>, Raysildo Barbosa Lôbo<sup>4</sup>, Ignacio Aguilar<sup>5</sup>, Fernando Baldi<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil

<sup>2</sup> Pesquisador, Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados, Brasília, DF, Brasil

<sup>3</sup> Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Nutrição e Produção Animal, Universidade de São Paulo (USP), Pirassununga, Brasil

<sup>4</sup> Presidente, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

<sup>5</sup> Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA, Uruguay

\*Autor correspondente: gabriel.gubiani@unesp.br

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi avaliar o impacto nos parâmetros de acurácia, viés e dispersão ao interromper gradativamente a coleta de fenótipos para as características de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura na picanha (P8) em bovinos Nelore. O conjunto de dados utilizado continha 121.023 observações para AOL e 17.049 observações para P8. Os parâmetros genéticos foram estimados através dos programas da família Blupf90 e do software estatístico R. O modelo para estimar os componentes de variância, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos genômicos, incluiu os efeitos aditivos genéticos aleatórios, efeitos fixos do grupo de contemporâneos e a idade como covariável. Para as duas características, foram utilizadas o método de regressão linear (LR), validando os animais da população parcial através das informações da população completa. Os resultados encontrados demonstram que apenas o uso da avaliação genômica para a estimação dos parâmetros genéticos não foram suficientes para manter os níveis de predições confiáveis para P8 e AOL, tendo ocorrido uma redução da acurácia de (74% e 72%), o aumento da dispersão em (9% e 93%) e aumento do viés de (23% e 68%), respectivamente.

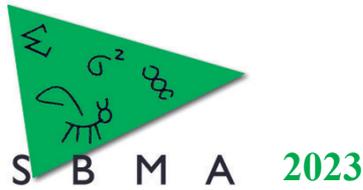
**Palavras-chave:** acurácia, análise de regressão, parâmetros genéticos, melhoramento animal

**Abstract:** The objective of this study was to evaluate the impact on the accuracy, bias, and dispersion parameters when gradually stopping the collection of phenotypes for the traits of longissimus muscle area (LMA) and fat thickness in the sirloin (P8) in Nelore cattle. The dataset used contained 121,023 observations for LMA and 17,049 observations for P8. Values were estimated using the Blupf90 family of programs, as well as the R statistical software. The model for estimating variance components, genetic parameters, and genomic breeding values included random genetic additive effects, fixed effects of the contemporary group, and age as a covariate. For both traits, the linear regression (LR) method was used, validating the animals from the partial population using information from the complete population. The results showed that using only genomic evaluation for estimating genetic value was not sufficient to maintain reliable prediction levels for P8 and LMA, resulting in a reduction in accuracy (74% and 72%), increased dispersion (9% and 93%), and increased bias (23% and 68%), respectively.

**Keywords:** accuracy, animal breeding, genetic parameters, regression analysis

#### Introdução

As predições genômicas utilizam informações de fenótipos associados a informações de pedigree e genômica como base para a construção de modelos que permitam estimar o valor genético dos animais. Nesse sentido, os fenótipos são importantes pois contribuem para a calibração e validação dos modelos de predição genômica, bem como para avaliar a sua confiabilidade (ALMEIDA *et al.*, 2016). A seleção genômica possibilita maior acurácia na seleção precoce de indivíduos jovens que geralmente não possuem registros de desempenho próprio (VITEZICA *et al.*, 2011), mensurando a capacidade do indivíduo de transmitir uma característica específica para sua progênie e permitindo a seleção de indivíduos superiores ainda jovens. Hayes *et al.*, (2009) mostraram que a inclusão de informações fenotípicas na construção dos modelos de predição genômica aumentou significativamente a acurácia das predições em comparação com



modelos que utilizaram apenas informações genômicas. Além disso, os resultados indicaram que a acurácia das predições genômicas melhoraram à medida que mais informações fenotípicas foram incluídas no modelo, pois a inclusão de mais fenótipos aumenta a diversidade dos dados disponíveis e, consequentemente, permite que o modelo capture uma maior variação genética entre os indivíduos (Hayes *et al.*, 2009).

Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o impacto nos parâmetros de acurácia, viés e dispersão ao interromper gradativamente a coleta de fenótipos para as características de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura na picanha (P8) obtidas por ultrassonografia.

### Material e Métodos

Os dados analisados no estudo foram fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), com origem em rebanhos localizados nas regiões Norte, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil, distribuídos em 40 propriedades, possuindo 30 safras de animais com informações fenotípicas e 12 safras de animais com informações genotípicas participantes do programa de melhoramento genético Nelore Brasil. A mensuração para AOL é obtida sobre o músculo *Longissimus dorsi*, entre a 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> costela com idade ao sobreano. Já P8 é medida sobre a junção dos músculos *Gluteus medius* e *Biceps femoris*, entre os ossos íleo e ísquio. Os componentes de variância e os valores genéticos foram estimados utilizando o melhor preditor linear não viesado (BLUP). Para as análises unicaracterísticas, baseadas no pedigree e em dados genômicos, foi utilizado o modelo animal para estimar os componentes de variância, parâmetros genéticos e prever os valores genômicos, onde incluiu os efeitos aditivos genéticos aleatórios, efeitos fixos do grupo de contemporâneos (ano de nascimento) e a idade como covariável.

Para avaliar a habilidade de predição, o conjunto de dados foi dividido em subconjunto completo e parcial, conforme o método de (regressão linear) proposto por Legarra e Reverter (2018). O subconjunto completo foi composto por indivíduos nascidos entre os anos de 2011 e 2021, genotipados e/ou com informações fenotípicas; além de fenótipos de animais não genotipados, contando com 121.023 observações para AOL e 17.049 observações para P8, totalizando 138.072 observações fenotípicas. Foram testados 11 cenários baseados na exclusão sequencial de fenótipos para AOL e P8 por ano de nascimento no conjunto parcial, desde 2021 até 2011. Os animais foram genotipados utilizando um painel de baixa densidade (CLARIFIDE® Nelore 3.0) e imputados para um painel de 70k (CLARIFIDE® Nelore 4.0). Os animais de validação foram definidos como aqueles nascidos em 2021, com informações de genótipo, fenótipo e sem progênie. Os indivíduos mais jovens foram validados com base nos animais mais antigos, comparando os GEBV (valor genético estimado genômico) dos dados parciais. As predições dos valores genéticos e componentes de variância foram obtidos utilizando os programas Blupf90+.

### Resultados e Discussão

A omissão dos fenótipos teve um impacto significativo na redução da acurácia, à medida que as informações foram retiradas ano a ano, contribuindo para o aumento do viés (tabela 1). De acordo com Hayes *et al.*, (2009) avaliando a precisão dos valores genéticos em uma população de bovinos leiteiros multirracial, mostrou que a inclusão de mais fenótipos no modelo aumentou a diversidade dos dados disponíveis para a construção do modelo e, consequentemente, permitiu que o modelo capturasse uma maior variação genética entre os indivíduos. Isso ocorre porque o fenótipo é uma medida direta da expressão da característica de interesse, sendo influenciado tanto pelos efeitos genéticos quanto pelos efeitos ambientais. A inclusão de fenótipos no modelo de predição genômica permite que a variação ambiental seja capturada e, assim, possa ser removida da variação total, aumentando a acurácia das predições genômicas.

Quanto menor for o viés e maior a acurácia, maiores serão as garantias que os GEBV serão confiáveis e precisos. No entanto, no presente trabalho ao eliminar 10 anos de registros fenotípicos, houve redução de 74% na acurácia para P8, apresentando ainda grande aumento no viés que variou de -0,012 no primeiro ano sem o uso de fenótipos (2021) para -0,239 no último ano (2011). Já para AOL, a acurácia de predição diminuiu 72% enquanto o viés variou de 0,228 a 0,903 no mesmo período. A dispersão foi menos influenciada para P8, mas teve maior impacto para AOL, variando de 0,962 a 0,0971 e 1,096 a 0,131, respectivamente.

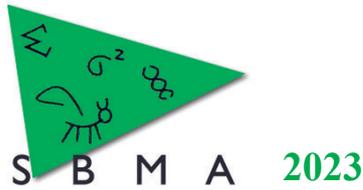


Tabela 1. Estatística descritiva e estimativas de acurácia, dispersão e viés para as características de área de olho de lombo e espessura de gordura na picanha em bovinos da raça Nelore.

Ano	N		Média		Acurácia		Dispersão		Viés	
	AOL	P8	AOL	P8	AOL	P8	AOL	P8	AOL	P8
2021	12102	11884	59,46	5,054	0,851	0,975	1,096	0,962	0,228	-0,012
2020	11891	94417	59,48	4,989	0,724	0,924	0,459	0,978	0,367	-0,059
2019	94622	75185	58,69	4,83	0,596	0,860	0,295	1,001	0,302	-0,107
2018	75235	60408	57,04	4,657	0,498	0,757	0,257	1,014	0,436	-0,156
2017	60423	47896	56,87	4,598	0,433	0,663	0,243	1,023	0,494	-0,178
2016	47914	37805	56,01	4,464	0,375	0,583	0,251	1,057	0,604	-0,183
2015	37801	29711	55,19	4,328	0,241	0,487	0,204	1,064	0,718	-0,188
2014	29702	22848	54,79	4,158	0,202	0,398	0,186	1,071	0,804	-0,208
2013	22915	16463	54,43	4,212	0,173	0,311	0,187	1,084	0,872	-0,228
2012	11179	11120	55,01	4,258	0,167	0,252	0,202	0,991	0,911	-0,24
2011	8533	8631	56,2	4,41	0,131	0,235	0,164	0,971	0,903	-0,239

N: número de observações fenotípicas

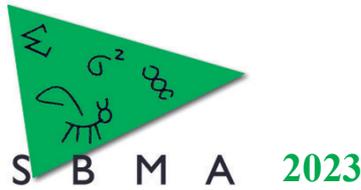
Na prática, pode-se verificar que a acurácia e o viés se mantiveram relativamente estáveis por aproximadamente 3 anos para P8 e 2 anos para AOL após o interrompimento da utilização de fenótipos na avaliação genética, e após esse período a confiabilidade e robustez das predições genômicas diminuíram rapidamente. Isso ocorre porque, com o aumento do número de anos entre a população de validação e a população de referência, há uma maior possibilidade de novas combinações entre os alelos dos marcadores genéticos e os QTLs (loci de caracteres quantitativos), e essas combinações podem levar à perda do desequilíbrio de ligação entre os marcadores e os QTLs, o que pode afetar a precisão das predições genômicas (Goddard e Hayes, 2009).

### Conclusão

A interrupção da coleta de fenótipos conforme descrito neste estudo, ocasionou uma queda significativa na acurácia e um aumento no viés das predições genômicas em função da redução gradativa na quantidade de fenótipos avaliados ao longo dos anos. A escassez de informações fenotípicas pode reduzir a precisão das predições genômicas, uma vez que compromete a identificação da variação genética e ambiental que influenciam as características fenotípicas avaliadas. Estes resultados destacam a importância da coleta regular e sistemática de fenótipos para a obtenção de predições genômicas robustas e confiáveis.

### Literatura citada

- Almeida, Í. F. de; Cruz, C. D; Resende, M. D. V. Validation and phenotypic correction in genome-wide selection. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, p. 1973-1982, 2016.
- Daetwyler, H D., *et al.* "Genomic prediction in animals and plants: simulation of data, validation, reporting, and benchmarking. **Genetics**. 193.2 (2013): 347-365.
- Goddard, M.; Hayes, B. J. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 10, n. 6. p. 381-91. DOI:10.1038/nrg2575, 2009.
- Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., Verbyla, K., Goddard, M. E. (2009). Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, 41, 51.
- Legarra, Andres; Reverter, Antonio. Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, p. 1-18, 2018.
- Vitezica, Z. G. *et al.*, Bias in genomic predictions for populations under selection. **Genetics Research**, v. 93, n. 5, p. 357-366, 2011.



### Influência dos grupos genéticos nos valores de pH da carcaça suína

Natanieli Silva Máximo<sup>1</sup>\*, Layla Cristien de Cassia Miranda Dias<sup>1</sup>, Simone Eliza Facioni Guimarães<sup>1</sup>, Renata Veroneze<sup>1</sup>, Paulo Sávio Lopes<sup>1</sup>, Daniele B.D. Marques<sup>1</sup>, Arícia Chaves Zanetti Reis<sup>1</sup>, Cassiane Gomes dos Santos<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, UFV, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

\*Autor correspondente: [natanieli.maximo@ufv.br](mailto:natanieli.maximo@ufv.br)

**Resumo:** O pH é um dos parâmetros mais importantes para predição da qualidade final da carne suína, uma vez que influencia na cor, sabor e na capacidade de retenção de água. Sabe-se que o pH reduz com o tempo *post-mortem* e que o grupo genético pode influenciar na queda do pH e consequentemente na qualidade da carne. O objetivo deste estudo foi comparar o pH de quatro grupos genéticos, Piau, Large White, e os cruzamentos entre Piau x Large White e Duroc x Large White em diferentes tempos *post-mortem*. Foram avaliados 39 machos castrados, oriundos de quatro grupos genéticos: Piau (PP) e Large White (LL) e os cruzamentos Piau x Large White (PL) e Duroc x Large White (DL), abatidos com idade média de 170 dias. O pH foi medido em onze tempos distintos: ao abate (pH0), aos 45 minutos após o abate (pH45), 1h, 2h, 3h, 4h, 5h, 6h, 7h, 8h e 24 horas após (pH24). Os dados foram analisados utilizando modelo de medidas repetidas no tempo considerando diferentes estruturas de variância residual. A interação grupo genético x tempo não foi significativa. Conforme, esperado o pH caiu logo nos primeiros minutos após o abate, sendo observado estimativa média de pH0 de 6,40, pH45 de 6,15 e pH24 de 5,82. Animais da raça Piau apresentaram pH médio superior (6,11) ao observado para raça Large White (5,72), fato que pode estar relacionado a uma menor produção de ácido lático, resultante do metabolismo de glicogênio nessa raça.

**Palavras-chave:** pH, qualidade da carne, raças, suínos.

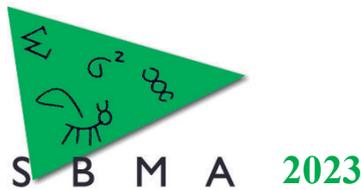
### Influence of genetic groups on pH values of swine carcass

**Abstract:** The pH is one of the most important parameters for predicting the final quality of pork, since it influences color, flavor and water retention capacity. It is known that pH decreases with *post-mortem* time and that the genetic group can influence the pH drop and consequently the meat quality. The objective of this study was to compare the pH of four genetic groups, Piau, Large White, and crossbreeds between Piau x Large White and Duroc x Large White at different *post-mortem* times. We evaluated 39 castrated males from four genetic groups: Piau (PP) and Large White (LL) and the crossbreeds Piau x Large White (PL) and Duroc x Large White (DL), slaughtered at an average age of 170 days. The pH was measured at eleven different times: at slaughter (pH0), at 45 minutes after slaughter (pH45), 1h, 2h, 3h, 4h, 5h, 6h, 7h, 8h and 24 hours after slaughter (pH24). Data were analyzed using a repeated measures model considering different residual variance structures. The interaction genetic group x time was not significant. As expected, the pH decreased in the first minutes after slaughter, with mean estimates of pH0 of 6,40, pH45 of 6,15 and pH24 of 5,82. Animals from the Piau breed presented an average pH higher (6,11) than that observed for the Large White breed (5,72). This result may be related to a lower production of lactic acid, resulting from glycogen metabolism in this breed.

**Keywords:** breeds, meat quality, pH, swine.

### Introdução

O pH é um dos parâmetros mais importantes para predição da qualidade final da carne suína, uma vez que influencia características como cor, sabor e a capacidade de retenção de água. In vivo, o tecido muscular exibe um potencial hidrogeniônico próximo a neutralidade, porém, com o processo de abate, a circulação sanguínea é cessada, o glicogênio segue a via glicolítica anaeróbica para geração energética, tendo como produto final o ácido lático, o qual não é metabolizado no fígado, mas sim, acumulado no tecido muscular, resultando na queda do pH (Barreto, 2014), fato que depende do manejo pré-abate, do grupo genético, tipo muscular e da alimentação (Lametsch et al., 2011).



Em suínos, o pH 45 minutos *post-mortem* (pH<sub>45</sub>) deve estar entre 6,5 e 6,7 (Keenan, 2016), enquanto o pH 24 horas pós-abate (pH<sub>24</sub>), deve situar-se entre 5,5 e 5,7. Contudo, apenas monitorar esses dois parâmetros não é suficiente para garantir a qualidade da carne, sendo essencial considerar também a velocidade de decréscimo do pH. Além disso, a temperatura das carcaças é um fator determinante que influencia significativamente na redução do pH, já que altas temperaturas nas primeiras horas após o abate aceleram a glicólise anaeróbica, impactando diretamente na queda do pH (Bernardes et al., 2007).

Ademais, de acordo com Ryu e colaboradores (2008), as raças autóctones, tendem a apresentar um pH muscular mais elevado em comparação com as raças melhoradas, devido à menor produção de ácido láctico e pela composição de fibras musculares, o que resulta em um menor metabolismo muscular, e consequentemente, em uma menor quantidade de glicogênio muscular. Portanto, o objetivo deste estudo foi comparar valores de pH em quatro grupos genéticos de suínos ao longo de onze intervalos pós-abate, com o intuito de encontrar um modelo de decaimento com ajuste ideal.

### Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento de Suínos da Universidade Federal de Viçosa, localizada no município de Viçosa. Foram avaliados 39 machos castrados, oriundos de quatro grupos genéticos: Piau (PP) e Large White (LL) e os cruzamentos Piau x Large White (PL) e Duroc x Large White (DL), dos quais, 6 eram PP, 9 LL, 13 DL e 11 PL. Os animais foram alojados em baias individuais, e submetidos a condições semelhantes de manejo e nutrição, com oferta de água e ração *ad libitum*. Os animais foram abatidos com idade média de 170 dias, após 16 horas de jejum, seguindo as normas e boas práticas de bem-estar animal exigida pelo Regulamento de Inspeção Sanitária e Industrial de Protocolos de Origem Animal - RIISPOA, com insensibilização elétrica e posterior secção jugular.

A mensuração do pH decorreu com o uso do pHmetro (modelo Hanna-DIGIMED DM-20) acoplado a uma sonda de penetração (DIGIMED®, DME-CV1), inserida no centro do músculo *Longissimus dorsi* na meia carcaça esquerda, entre a 12ª e a 13ª vértebra torácica, com o registro em onze tempos distintos, ao abate (pH<sub>0</sub>), aos 45 minutos após o abate (pH<sub>45</sub>), 1h, 2h, 3h, 4h, 5h, 6h, 7h, 8h e 24 horas após (pH<sub>24</sub>).

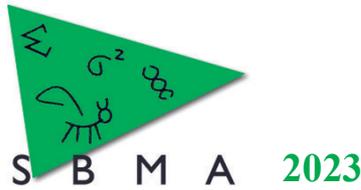
Os dados foram analisados utilizando o modelo de medidas repetidas no tempo, incluindo a temperatura como covariável e o tempo, grupo genético e a interação tempo-grupo genético, como efeitos fixos. Diferentes estruturas de variância residual (UN, AR<sup>1</sup>, CS, VC, TOEP, ARH<sup>1</sup>, CSH e TOEPH) foram testadas, a fim de identificar o modelo com melhor ajuste, de acordo com os valores de AIC corrigidos. As análises foram realizadas utilizando o PROC MIXED do software SAS. Em seguida sucedeu-se a comparação das médias dos tratamentos através do teste de Tukey (p-valor<0,05).

### Resultados e Discussão

O modelo com variância residual não estruturada (UN) foi o que apresentou o melhor ajuste e foi o utilizado nas análises de variância. Não houve interação entre tempo e grupo genético, assim, os dois fatores podem ser estudados de forma independente. Conforme, esperado o pH caiu logo nos primeiros minutos após o abate, sendo observado estimativa média de pH de 6,40 imediatamente após o abate, pH<sub>45</sub> de 6,15 e 5,82 24 horas após o abate. As médias para os demais tempos podem ser observadas na tabela 1, sendo que o pH 1 hora pós abate não diferiu significativamente do pH<sub>24</sub>. O pH<sub>45</sub> médio ficou abaixo dos valores recomendados por Keenan (2016), porém acima de 5,8, valor que indicaria a ocorrência de carne PSE.

Tabela 1. Valores de pH de acordo com o tempo *post-mortem* de mensuração

Tempo (h)	Média	Erro Padrão
0	6,40 <sup>a</sup>	0,047
0,75	6,15 <sup>b</sup>	0,038
1	5,97 <sup>c</sup>	0,042
2	5,79 <sup>d</sup>	0,049
3	5,77 <sup>cd</sup>	0,058
4	5,79 <sup>cd</sup>	0,049



5	5,77 <sup>d</sup>	0,035
6	5,82 <sup>cd</sup>	0,061
7	5,75 <sup>d</sup>	0,030
8	5,77 <sup>d</sup>	0,025
24	5,82 <sup>cd</sup>	0,040

\*Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente pelo teste de Tukey (P<0,05)

A comparação dos grupos genéticos é mostrada na tabela 2, animais da raça Piau (PP) possuem pH da carcaça significativamente maior em comparação a animais LL e com o cruzamento PL. Contudo, não houve diferença significativa quanto ao pH da carcaça de animais DL.

Tabela 2. Média e desvio padrão do pH de acordo com o grupo genético avaliado

Grupo Genético	Média	Erro Padrão
LL	5,74 <sup>a</sup>	0,058
PL	5,82 <sup>a</sup>	0,053
DL	5,90 <sup>ab</sup>	0,049
PP	6,11 <sup>b</sup>	0,071

\*Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente

A raça Piau não passou por processo de seleção e é classificada como uma raça tipo banha, com alta deposição de gordura na carcaça. Os resultados corroboram com Ryu (2008) que reportou maior pH para raças locais em comparação às raças selecionadas. O maior pH médio da raça Piau pode estar relacionado a uma menor produção de ácido lático, resultante do metabolismo de glicogênio. A diferença também pode estar relacionada a composição da carcaça, uma vez que animais Piau possuem maior quantidade de gordura em comparação aos demais grupos avaliados. Estudos mais detalhados da glicólise em animais da raça Piau e LL podem contribuir para o melhor entendimento das diferenças no pH da carcaça.

### Conclusão

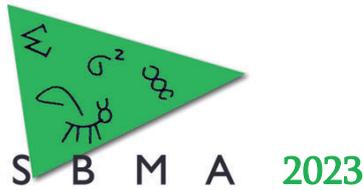
Este estudo investigou a variação do pH ao longo do tempo em diferentes grupos genéticos. Não houve interação entre grupo genético e tempo. O pH médio da raça Piau foi maior que o pH de animais Large White (LL), sugerindo capacidade glicolítica distinta das raças.

### Agradecimentos

Agradecemos à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo financiamento do projeto (APQ-01457-22) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa que tornou possível a realização deste estudo.

### Literatura citada

- BARRETO, E.R.L. Qualidade do manejo no frigorífico: efeitos no bem-estar animal e na qualidade da carcaça e da carne. 2014.
- BERNARDES, L. A. H.; PRATA, L.F; PEREIRA, G.T. Eficiência da monitoração de pH (45min e 24h), no músculo *Longissimus dorsi*, na predição de atributos de qualidade da carne suína. **Veterinária e Zootecnia**, v. 14, n. 2, p. 176-192, 2007.
- KEENAN, D., 2016. Pork Meat Quality. Production and Processing on. In: Caballero. B., Finglas. P., Toldrá. F., (Eds). Encyclopedia of Food and Health. Oxford. United Kingdom: 419-431.
- LAMETSCH, René et al. Postmortem changes in pork muscle protein phosphorylation in relation to the RN genotype. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 59, n. 21, p. 11608-11615, 2011.
- RYU, Y. C. et al. Comparing the histochemical characteristics and meat quality traits of different pig breeds. **Meat science**, v. 80, n. 2, p. 363-369, 2008.



### Redução na utilização de memória computacional no cálculo e inversão de matrizes de parentesco utilizando algoritmos para compressão de matrizes

Fernando Jean Dijkstra<sup>1,2,\*</sup>, Rodrigo Almeida Teixeira<sup>1,3</sup>, Lenira El Faro<sup>4</sup>, Laila Talarico Dias<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>2</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil, bolsistas Capes e CNPq, respectivamente.

<sup>3</sup>Professor Associado do Departamento de Zootecnia e do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>4</sup> Pesquisadora do Instituto de Zootecnia, APTA - Sertãozinho, 14160-900, Brasil.

\*e-mail autor: fernando.dijkstra@ufpr.br

**Resumo:** Cálculos e inversão de matrizes de parentesco são de grande importância para o melhoramento genético animal. Contudo, operações matriciais apresentam alto custo computacional. Existem diversas ferramentas e metodologias que podem ser aplicadas para reduzir o custo computacional, entretanto, ferramentas para compressão de matrizes esparsas são pouco utilizadas nos softwares desenvolvidos para realizar estimação de parâmetros genéticos e avaliação genética. Dessa forma, este estudo tem como objetivo comparar dois algoritmos recursivos para cálculo e inversão de matrizes de parentesco. Para tanto, foram utilizados 5 bancos de dados entre 5.000 e 25.000 animais e submetidos aos algoritmos recursivos para o cálculo da matriz de parentesco e sua inversão. Os algoritmos recursivos utilizaram o método de inversão direta e o modelo proposto por Quaas (1976) invertendo a matriz triangular inferior e posteriormente multiplicando-a pela sua transposta. O custo computacional foi obtido mensurando o pico de uso de memória de acesso aleatório (RAM) utilizado pelo algoritmo recursivo. Observou-se que o uso do algoritmo recursivo que utiliza a função de compressão de matrizes esparsas resultou em redução significativa e constante no custo computacional (34% de redução no consumo de memória) para todos os conjuntos de dados. As funções de compressão de matrizes podem ser utilizadas em outros algoritmos como alternativa para reduzir o custo computacional de operações matriciais.

**Palavras-chave:** Custo computacional, pedigree, melhoramento animal, Python

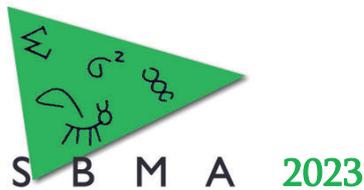
**Abstract:** Calculations and inversion of relationship matrices are of great importance for animal genetic improvement. However, matrix operations have high computational costs. There are several tools and methodologies that can be applied to reduce computational costs, however, tools for compressing sparse matrices are rarely used in software developed for genetic parameter estimation and genetic evaluation. Therefore, this study aims to compare two recursive algorithms for calculating and inverting relationship matrices. For this purpose, 5 databases with between 5,000 and 25,000 animals were used and submitted to the recursive algorithms for the calculation of the relationship matrix and its inversion. The recursive algorithms used the direct inversion method and the model proposed by Quaas (1976), inverting the lower triangular matrix, and then multiplying it by its transpose. The computational cost was obtained by measuring the peak of random-access memory (RAM) used by the recursive algorithm. It was observed that the use of the recursive algorithm that uses sparse matrix compression resulted in a significant and constant reduction in computational costs (34% reduction in memory consumption) for all datasets. Matrix compression functions can be used in other algorithms as an alternative to reduce the computational cost of matrix operations.

**Keywords:** Animal breeding; computational cost; pedigree; Animal breeding; Python.

#### Introdução

Ao longo dos anos os programas de melhoramento genético animal passaram a contar com banco de dados cada vez maiores o que aumenta o custo computacional para estimar parâmetros genéticos/genômicos, bem como para realizar a avaliação genética.

Existem métodos que reduzem o custo computacional, como o da decomposição LU e o de Cholesky, por exemplo, que se baseiam na decomposição da matriz ao empregar apenas a matriz triangular



inferior e sua matriz adjunta, mas ainda assim o custo é alto (Ogeski e Oishi, 2012). Métodos iterativos como método Jacobi, Gauss-Seidel e método de subespaço de Krylov, apresentam como principal vantagem a redução no custo computacional, porém são uma aproximação da matriz real, o que pode influenciar os resultados.

Uma alternativa pouco explorada no melhoramento genético animal é a compressão das matrizes de parentesco usando representações esparsas, que armazenam apenas os elementos não nulos da matriz, o que pode reduzir significativamente o uso de memória computacional. Essas representações podem ser realizadas em formatos de coordenadas (COO) ou colunas esparsas comprimidas (CSC) (Goharian et al., 2003). Portanto, o objetivo desse trabalho foi aplicar algoritmos de compressão de matrizes esparsas em algoritmos recursivos para cálculo e inversão de matrizes de parentesco a fim de avaliar a redução na utilização de memória computacional.

### Material e Métodos

Foram utilizados dados de genealogia de bovinos da raça Holandesa cedidos pela GenMate Genética LTDA (Carambeí, Paraná). Os dados eram formados a partir de 37 rebanhos diferentes selecionados de forma aleatória. Inicialmente, foram divididos em 5 arquivos, contendo 5.000, 10.000, 15.000, 20.000 e 25.000 animais, renumerados de 1 a n, sendo que animais com pais desconhecidos foram identificados como zero.

O algoritmo recursivo para cálculo e matriz de parentesco seguiu o modelo proposto por Quaas (1976), no qual a matriz de parentesco inversa ( $A^{-1}$ ) pode ser obtida pela seguinte equação:

$$A^{-1} = L^{-1}L'^{-1}$$

Em que:  $L^{-1}$  é a matriz triangular inferior obtida pelo cálculo dos itens da diagonal e fora da diagonal, e  $L'^{-1}$  é a matriz transposta de  $L^{-1}$ , a multiplicação entre as duas matrizes resulta em  $A^{-1}$ . O algoritmo foi implementado utilizando a biblioteca para manipulação de matrizes *Numpy* para a linguagem de programação Python (Harris et al., 2020).

A compressão das matrizes foi realizada pela função *scipy.sparse.csr\_matrix* que tem como objetivo criar uma representação esparsa que armazena apenas os elementos diferentes de zero da matriz, junto com os seus índices de linha e coluna de posicionamento dentro da matriz, e os componentes restantes da matriz foram considerados como zero.

O custo computacional foi considerado pela função *tracemalloc*, com o objetivo de mensurar o pico de uso de memória utilizado pelo algoritmo recursivo e o algoritmo recursivo empregando a função de compressão de matrizes.

### Resultados e Discussão

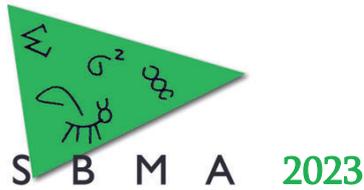
Pela Tabela 1 estão apresentados os picos de consumo de memória de acesso aleatório pelos algoritmos recursivos (em megabytes), em função do tamanho do conjunto de dados.

**Tabela 1 – Pico de consumo de memória de acesso aleatório pelos algoritmos recursivos (em megabytes), em função do tamanho do conjunto de dados.**

no. de informações	AR	AR_CSC	Redução
5.000	600,01	401,11	34%
10.000	2.400,00	1.600,42	34%
15.000	5.400,00	3.600,77	34%
20.000	9.600,00	6.400,93	34%
25.000	15.000,00	10.001,58	34%

AR = Algoritmo recursivo sem compressão de matrizes; AR\_CSC = Algoritmo recursivo empregando a função de compressão de matrizes esparsas; Redução = Expressa a redução proporcionada pelo algoritmo AR\_CSC em relação ao algoritmo AR.

Para o algoritmo AR\_CSC, o tempo de processamento foi maior, o que pode ter sido causado por uma sobrecarga relacionada a esparsidade devido a necessidade de acesso frequente aos dados relacionados



as estruturas que representam os índices e valores dos elementos diferentes de zero. Outra hipótese seria a alocação de memória, uma vez que algoritmos recursivos podem exigir uma grande quantidade de alocação e desalocação de memória, que pode ser mais lento para matrizes esparsas em comparação a matrizes densas (Wei, 2023).

A redução na utilização de memória pode ter ocorrido devido ao fato da maioria dos elementos encontrados em matrizes de parentesco serem zero, dessa forma, armazenar apenas valores diferentes de zero leva a significativa redução na utilização de memória. Como matrizes de parentesco são de natureza esparsa, ou seja, possuem muitos elementos iguais a zeros, sua formação pode ser particularmente beneficiada pelo método de compressão. Além disso, a inversão dessas matrizes pode ser mais precisa em relação a inversão por métodos iterativos por não depender de fatores como condicionamento das matrizes e propriedades de convergência, isto porque a inversão pode ser realizada de forma direta ou por método de decomposição. Pode-se notar homogeneidade na redução de memória (34%), o que leva ao entendimento que este padrão pode se estender a conjunto de dados maiores, trazendo benefícios para análises com grandes bancos de dados. Não foi possível realizar testes com conjuntos de dados maiores devido a limitação de *Hardware*, pois a memória de acesso aleatório apresentava apenas 16gb de capacidade.

#### Conclusão

Algoritmos recursivos aliados a paralelização proporcionada por unidades de processamento gráfico podem ser eficientes para cálculos e inversão de matrizes de parentesco em menor tempo e custo computacional.

#### Agradecimentos

À GenMate Genética LTDA pela concessão do banco de dados. E à CAPES pela bolsa de estudos.

#### Literatura citada

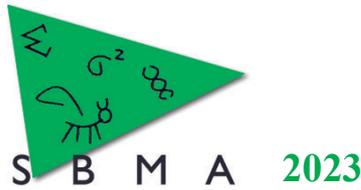
Goharian, N., Jain, A., Sun, Q. 2003. Comparative Analysis of Sparse Matrix Algorithms For Information Retrieval. **Computer**, 2, 0-4.

Harris, C.R., Millman, K.J. Van der Walt, S.J. et al. 2020. Array programming with NumPy. **Nature**, 585, 357-362.

Quaas, R.L. 1976. Computing the Diagonal Elements and Inverse of a Large Numerator Relationship Matrix. **Biometrics**, 32, 949-953.

Oishi, T., Oishi, S. 2012. Accurate and robust inverse Cholesky factorization. **IEICE**, 3, 103-111.

Wei, J. 2023. Parallelization Designs of SpMV Using Compressed Storage for Sparse Matrices on GPU. **Advances in Natural Computation, Fuzzy Systems and Knowledge Discovery**, 153, 1494-1502.



### Uniformidade de peso corporal em codornas de corte da linhagem UFV1 na fase de crescimento

Cassiane Gomes dos Santos<sup>1\*</sup>, Arícia Chaves Zanetti Reis<sup>1</sup>, Alessandra Alves Silva<sup>2</sup>, Delvan Alves da Silva<sup>1</sup>, Daniele Botelho Diniz Marques<sup>1</sup>, Ivan Carvalho Filho<sup>2</sup>, Leticia Fernanda de Oliveira<sup>1</sup>, Natanieli Silva Máximo<sup>1</sup>, Layla Cristien de Cassia Miranda Dias<sup>1</sup>, Renata Veroneze<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: *cassiane.g.santos@ufv.br*

**Resumo:** Na fase de crescimento das codornas, a uniformidade de peso corporal é um importante fator para maximização da eficiência do sistema de produção. Portanto, o objetivo foi avaliar a uniformidade de peso corporal em codornas de corte na fase de crescimento por abordagem Bayesiana. Foram utilizados registros de peso corporal aos 7, 14 e 21 dias de idade, da linhagem experimental UFV1 de codornas de corte, do Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte da Universidade Federal de Viçosa. Foram analisados os registros de 13.648 codornas pertencentes a 16 gerações e pedigree de 7.994 animais. Modelos uni e bi característicos foram utilizados para estimação dos parâmetros genéticos. Os resíduos estimados ( $\hat{\epsilon}$ ) relacionados a cada observação foram elevados ao quadrado e transformados como  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . As estimativas de herdabilidade para as características de peso corporal aos 7, 14 e 21 dias foram respectivamente 0,30; 0,31 e 0,34. Já as estimativas de herdabilidade do  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$  para as características, foram baixas e próximas a 0,02. Indicando, que baixo ganho genético em uniformidade é esperado pela seleção utilizando o  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . No entanto, as correlações genéticas entre as características e o respectivo  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$  foram moderadas e negativas. Assim, sugere que existe a possibilidade de melhorar de forma simultânea a característica de peso corporal e a uniformidade de peso corporal, selecionando para uma menor herdabilidade residual do  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$  em codornas de corte.

**Palavras-chave:** desempenho, herdabilidade, resíduo, variância.

### Body weight uniformity of UFV1 meat quails in the growth phase

**Abstract:** In the growing phase of quails, body weight uniformity is an important factor for maximizing the production system efficiency. Thus, the objective of this study was to evaluate body weight uniformity in quails in the growth phase using a Bayesian approach. We used body weight records at 7, 14 and 21 days of age from the UFV1 experimental strain of meat quails from the Genetic Improvement Program of Quails from the Federal University of Viçosa. The records of 13,648 quails belonging to 16 generations and the pedigree of 7,994 animals were analyzed. Uni and bi trait models were used for estimation of genetic parameters. The estimated residuals ( $\hat{\epsilon}$ ) related to each observation were squared and transformed as  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . The heritability estimates for body weight traits at 7, 14 and 21 days were 0.30; 0.31 and 0.34, respectively. The heritability estimates of the  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$  for the traits were low and close to 0.02. Indicating, that low genetic gain in uniformity is expected by selection using the  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ . However, the genetic correlations between the traits and the respective  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$  were moderate and negative. Thus, it suggests that there is a possibility of simultaneously improving body weight characteristics and body weight uniformity by selecting for a lower residual heritability of the  $\ln(\hat{\epsilon}^2)$  in meat quails.

**Keywords:** heritability, management, performance, residual, variance.

### Introdução

Atualmente, os programas de melhoramento genético buscam a padronização dos produtos e a seleção de animais que sejam capazes de superar os desafios ambientais. A uniformidade de peso corporal é um importante fator para maximização da eficiência do sistema de produção de codornas de corte, uma vez que lotes com peso corporal uniforme facilitam o manejo das aves em termos de exigências nutricionais, alimentação, fornecimento de água e outras condições ambientais. Zonuz et al. (2019) avaliando o peso

corporal ao nascer de frangos, concluíram que existe a possibilidade de melhorar simultaneamente o peso corporal e a uniformidade do peso corporal por meio da seleção para uma menor variância residual. Silva et al. (2021) reportaram que a uniformidade do peso à eclosão e aos 42 dias de idade em codornas, poderiam ser melhoradas pela seleção, contudo a acurácia de seleção seria baixa devido à baixa herdabilidade para uniformidade. Nesse contexto, o objetivo com este estudo foi avaliar a uniformidade de peso corporal em codornas de corte da linhagem UFV1 na fase de crescimento por abordagem Bayesiana.

### Material e Métodos

Foram utilizados registros de peso corporal aos 7(P7), 14(P14) e 21(P21) dias de idade, da linhagem experimental de codornas de corte UFV1, do Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte da Universidade Federal de Viçosa. Os dados foram editados para eliminar registros de codornas com identificação imprópria e sem informação de sexo ou geração. Assim, um total de 13.648 registros de codornas pertencentes a 16 gerações, com o pedigree composto por 7.994 animais, foram analisados.

Uma avaliação genética em duas etapas foi usada para investigar o efeito da variação genética na variância residual para P7, P14 e P21. Na primeira etapa, um modelo animal uni característico foi utilizado para estimar o efeito residual ( $\hat{e}$ ) das características, seguindo a metodologia descrita por Silva et al. (2021). Em notação matricial, esse modelo pode ser descrito da seguinte forma:  $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$ , em que  $\mathbf{y}$  é o vetor de observações associado a P7, P14 e P21, em que  $\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{a}, \sigma_a^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Za}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$ , em que  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$  são as variâncias genética aditiva direta e residual, respectivamente;  $\mathbf{b}$  é o vetor de efeito sistemático (grupos de contemporâneos formados por geração e sexo);  $\mathbf{a}$  é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos direto;  $\mathbf{e}$  é o vetor de efeitos residuais;  $\mathbf{X}$  e  $\mathbf{Z}$  são as matrizes de incidência que relacionam  $\mathbf{b}$  e  $\mathbf{a}$  para  $\mathbf{y}$ , respectivamente. A distribuição normal foi assumida para  $\mathbf{a}$ ,  $\mathbf{e}$  e a distribuição qui-quadrada escalonada foi assumida para  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_e^2$ . As análises foram realizadas via inferência Bayesiana, por meio do software gibbsf90+ (Misztal et al., 2018). Foi considerada uma cadeia composta por 100.000 ciclos, com um *burn-in* das primeiras 20.000 iterações e com amostras armazenadas a cada cinco ciclos (*thin*=5). A análise de convergência foi baseada no critério de Geweke (Geweke 1991).

Os resíduos estimados ( $\hat{e}$ ) relacionados a cada observação foram elevados ao quadrado e transformados como  $\ln(\hat{e}^2)$ . Na segunda etapa, foram realizadas análises bi características para estimar a correlação genética entre os efeitos genéticos aditivo para P7, P14 e P21 e o resíduo ( $\ln(\hat{e}^2)$ ).

### Resultados e Discussão

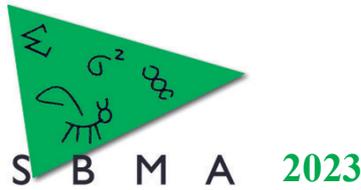
As médias a posteriori das estimativas dos componentes de variância, herdabilidades e herdabilidades do resíduo para P7, P14 e P21, e as correlações genéticas entre as medidas de peso nas diferentes idades e os respectivos  $\ln(\hat{e}^2)$ , em codornas de corte da linhagem UFV1 são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade e herdabilidade do resíduo para peso corporal aos 7 (P7), 14 (P14) e 21 (P21) dias de idade e a correlação genética entre os pesos nas diferentes idades e os respectivos resíduos log transformados ( $\ln(\hat{e}^2)$ ), para codornas de corte da linhagem UFV1.

Característica	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$ (HPD)	$h_v^2$ (HPD)	$r_g$ (HPD)
P7	7,13	16,05	23,18	0,30 (0,26 - 0,35)	0,02 (0,02 - 0,04)	-0,44 (-0,88 - -0,09)
P14	34,22	76,65	110,87	0,31 (0,31 - 0,27)	0,02 (0,009 - 0,02)	-0,71 (-0,98 - 0,38)
P21	84,86	157,5	242,42	0,34 (0,30 - 0,41)	0,02 (0,004 - 0,03)	-0,62 (-0,96 - -0,36)

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $h^2$ : herdabilidade;  $h_v^2$ : herdabilidade da variância residual;  $r_g$ : correlação genética entre os fenótipos nas diferentes idades e os respectivos resíduos log transformados; HPD: intervalo de densidade posterior de 95%.

As estimativas de herdabilidade para as características de peso corporal aos 7, 14 e 21 dias foram respectivamente 0,30; 0,31 e 0,34 (Tabela 1). Estes resultados indicam que parte da variação fenotípica observada no peso corporal durante a fase de crescimento das codornas é atribuída a diferenças genéticas entre os animais. Estudo de Silva et al. (2013), com codornas de corte da linhagem UFV1 onde foram



medidos os pesos semanalmente desde o nascimento até a sexta semana, encontraram herdabilidades que variaram de 0,25 a 0,53 para as características de peso corporal. Portanto, codornas de corte podem ser selecionadas para peso em diferentes idades com ganhos genéticos moderados.

As estimativas de herdabilidade do resíduo ( $h_v^2$ ) para todas as características avaliadas (Tabela 1) foram próximas a 0,02. Essas herdabilidades são de baixa magnitude, o que sugere que a seleção para uniformidade por meio da utilização de  $\ln(\hat{e}^2)$  não traria um grande aumento no ganho genético. Os resultados corroboram com os de Silva et al. (2021), os quais avaliaram o peso corporal ao nascer e aos 42 dias e encontraram baixas herdabilidades para o resíduo, sendo de 0,05 a 0,09 para peso ao nascer e de 0,004 a 0,03 para peso corporal aos 42 dias. Isso indica que essas características foram influenciadas principalmente por fatores ambientais.

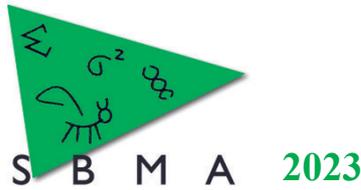
As correlações genéticas estimadas entre P7, P14 e P21 e seus respectivos  $\ln(\hat{e}^2)$  foram -0,44; -0,71 e -0,62 (Tabela 1), respectivamente. Esses valores negativos indicam que existe uma associação negativa entre os valores genéticos das características avaliadas e o valor genético do  $\ln(\hat{e}^2)$ . Isso sugere que quando os valores genéticos das características (P7, P14 e P21) aumentam, o valor genético do  $\ln(\hat{e}^2)$  diminui. Os resultados corroboram com os estudos de Mulder et al. (2009) e Zonuz et al. (2019) com frangos e de Silva et al. (2021) com codornas, que encontraram correlações genéticas negativas entre o peso corporal e sua variância residual. Portanto, nossos resultados sugerem que ao selecionar para melhorar o peso corporal, é possível reduzir a variação residual e, conseqüentemente, obter animais mais homogêneos para peso corporal na fase de crescimento.

#### Conclusão

As codornas de corte podem ser selecionadas para peso corporal em diferentes idades (P7, P14 e P21), apresentando ganhos genéticos moderados para programas de melhoramento animal. Já as herdabilidades do resíduo para P7, P14 e P21 foram baixas, indicando, que baixo ganho genético em uniformidade é esperado pela seleção utilizando o  $\ln(\hat{e}^2)$ . No entanto, as correlações genéticas entre P7, P14 e P21 e o respectivo  $\ln(\hat{e}^2)$  foram moderadas e negativas. Assim, sugere que existe a possibilidade de melhorar de forma simultânea a característica de peso corporal e a uniformidade de peso corporal, selecionando para uma menor herdabilidade residual do  $\ln(\hat{e}^2)$  em codornas de corte.

#### Literatura citada

- GEWEKE, J. 1991. "Evaluating the Accuracy of Sampling-Based Approaches to the Calculation of Posterior Moments." Federal Reserve Bank of Minneapolis. Department Staff Report 148.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. 2018. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia.
- Mulder H.A., Hill W.G., Vereijken A., & Veerkamp R F. 2009. Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broiler chickens. **Animal**, 3, 1673-1680.
- Silva A.A., Silva D.A., Pereira C.R.M., Abreu C.P., Caetano G., Paiva J.T., Silva F.F., Lopes P.S. & Veroneze R. 2021. Exploring the use of residual variance for uniformity of body weight in meat quail lines using Bayesian inference. **British Poultry Science**, 62, 474-484.
- Silva L.P., Ribeiro J.C., Crispim A.C., Silva F.G., Bonafé C.M., Silva F.F., & Torres R.A. 2013. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, 153, 27-32.
- Zonuz A.Y., Alijani S., & Rafat S.A. 2019. Genetic heterogeneity of residual variance of hatch weight in Mazandaran native chicken. **British poultry science**, 60, 366-372.



**Uso de Transfer Learning para segmentação automática da área de olho de lombo por meio de banco reduzido de imagens anotadas**

Diógenes Lodi Pinto<sup>1\*</sup>, Dan Tulpan<sup>2</sup>, Anderson Antonio Carvalho Alves<sup>3</sup>, Gordon Vander Voort<sup>2,4</sup>, Mike McMorris<sup>5</sup>, Júlio Cesar de Carvalho Balieiro<sup>1</sup>, Ricardo Vieira Ventura<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Nutrição e Produção Animal, FMVZ/USP, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Department of Animal Bioscience, UoGuelph, Guelph, ON, Canada.

<sup>3</sup>Department of Animal & Dairy Sciences, University of Wisconsin-Madison, Madison, WI, United States.

<sup>4</sup>AgSights, Elora, ON, Canada.

<sup>5</sup>Livestock Research Innovation Corporation, Guelph, ON, Canada.

\*Autor correspondente: [diogenes.pinto@usp.br](mailto:diogenes.pinto@usp.br)

**Resumo:** Investigou-se o uso de *Transfer Learning* (TF) para fins de segmentação automática da área de olho de lombo (AOL) em gado de corte, via pesos iniciais obtidos por meio de modelo pré-treinado no banco de dados Microsoft COCO (Common Objects in Context) e arquitetura de rede neural Mask-RCNN. Um total de 1200 imagens referentes a cortes transversais do músculo *Longissimus dorsi* (animais *Bos taurus taurus*) foram cedidas pela empresa AgSights, conjuntamente com a classificação de escore de marmoreio baseado nos padrões de gordura intramuscular contidas na AOL. Segmentações manuais da AOL já estavam devidamente classificadas em formato JSON, possibilitando seu reaproveitamento para o treinamento da rede neural, formada por três subgrupos: conjuntos treino (N=770) e validação (N=190), cujos pesos ao final de 100 iterações de treinamento possibilitaram a predição automática das AOLs do conjunto teste (N = 240). Analisando-se os resultados das três métricas comumente utilizadas na segmentação de imagens (IoU, Precision e Recall), aliados à geração de máscaras preditivas criadas pela RCNN, foi possível observar quais características intrínsecas da AOL foram passíveis de reconhecimento pela rede. Nosso estudo demonstra que, por meio de técnicas de TF e por uso de um pequeno conjunto de dados anotados, uma acurácia de 91,24% (IoU) foi alcançada, demonstrando que métodos de *Deep Learning* aliados ao TF, possibilitarão a resolução de problemas personalizada para casos específicos dentro da Produção Animal.

**Palavras-chave:** AOL, COCO, deep learning, mask R-CNN, python, transfer learning.

**Use of Transfer Learning for automatic segmentation of the ribeye area through a reduced bank of annotated images**

**Abstract:** Transfer Learning (TF) was investigated for the purpose of automatic segmentation of the ribeye area (REA) in beef cattle, using initial weights obtained through a pre-trained model in the Microsoft COCO (Common Objects in Context) database and Mask-RCNN neural network architecture. A total of 1200 images across sections of the *Longissimus dorsi* muscle from *Bos taurus taurus* animals were provided by the company AgSights, along with the classification of the adopted marbling score based on the intramuscular fat patterns contained in the REA. Manual segmentations of the REA were already properly classified in JSON format, allowing their reuse in the neural network training, which was divided into three subgroups: training set (N=770) and validation set (N=190), whose weights at the end of 100 training epochs enable the automatic prediction of the REAs of the test set (N = 240). By analyzing the results of the three metrics commonly used in image segmentation (IoU, Precision, and Recall), together with the generation of predictive masks created by RCNN, it was possible to observe which intrinsic characteristics of REA were recognizable by the network. Our study demonstrates that through TF techniques and the use of a small set of annotated data, an accuracy of 91.24% (IoU) was achieved, showing that Deep Learning methods combined with TF will enable customized problem solving for specific cases within the Animal Production area.

**Keywords:** COCO, deep learning, mask R-CNN, python, ribeye area, transfer learning.

### Introdução

A procura por novos fenótipos, que possam estar atrelados à qualidade da carne, é cada vez mais desejável pelas diferentes indústrias de cortes bovinos, possibilitando uma melhor compreensão do produto a ser comercializado. Dessa maneira, os depósitos de gordura intramuscular (GIM), contidos na área de olho de lombo (AOL), servem como base para o adequado processo de classificação dentro da indústria, atribuindo-se um escore de marmoreio a cada corte (STEWART et al., 2021). Pinto et al. (2023) investigaram uma modificação para o método de Visão Computacional (VC), *Local Binary Pattern* (LBP), durante a extração de atributos baseado nos padrões e texturas de GIM contidas na AOL, obtendo acurácia média de 91,25% na classificação de escores de marmoreio para os dois conjuntos extremos (baixa e alta GIM) aplicando-se o método de *Machine Learning Random Forest*, neste mesmo banco de imagens. O estudo atual objetivou aplicar um modelo personalizado de segmentação automática da AOL por meio de *Transfer Learning* (TF), para um pequeno *dataset* de imagens obtidas via corte transversal do músculo *Longissimus dorsi*.

### Material e Métodos

Imagens (N=1200) de contra filés, obtidas entre a 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> vértebras via cortes transversais do músculo *Longissimus dorsi* de animais *Bos taurus taurus*, foram compartilhadas pela empresa canadense AgSights para fins deste estudo. As imagens não passaram por tratamento prévio e foram disponibilizadas em formato JPG (800x597 *pixels*), divididas igualmente dentro de três classes de escore de marmoreio (baixa, média e alta GIM). Primeiramente, necessitou-se padronização de background (verde), inserção de objeto de referência (quadrado de 9cm<sup>2</sup>), além do recorte manual dos contra filés via programa de edição de imagens GIMP 2.10.20. Estudos anteriores demonstram que a anotação manual de rótulos em regiões de interesse (ROI) é dispendiosa (PINTO et al., 2023), o que serviu de motivação para o uso de métodos de Deep Learning (DL) durante a segmentação automática da AOL. Aproveitando-se da segmentação manual que já havia sido realizada (Figura 1B), similarmente ao método proposto por Wada (2018), a máscara de cor sólida verde (representando a AOL) foi definida como padrão, visto que os contornos das ROI foram realizados da maneira mais fidedigna possível. Uma vez que a técnica de TF aproveita o conhecimento (pesos) obtido na resolução de um determinado problema em outro de natureza distinta, escolheu-se arquitetura Mask R-CNN (He et al., 2017) e uso de pesos iniciais do modelo pré-treinado na base de dados Microsoft COCO (Lin et al., 2014). Posteriormente, foram retiradas aleatoriamente 80 imagens de cada um dos grupos, formando-se um conjunto teste contendo um total de 240 amostras, de tal modo que as 960 imagens restantes pudessem ser subdivididas em dois subconjuntos na razão 80:20, para compor os conjuntos de treino e validação, respectivamente. Após 100 iterações de treinamento iniciado com os pesos COCO, taxa de aprendizagem igual a 0,001 e 100 passos por iteração, novos pesos foram ajustados e utilizados para fins de predição das AOL do conjunto teste pela Mask R-CNN. Após realizar a segmentação automática da AOL (Figura 1C), as métricas *Intersection over Union (IoU)*, *Precision* e *Recall* foram implementadas e comparadas visualmente, sobrepondo-se o padrão e ROI prevista pela rede neural (Figura 1D).

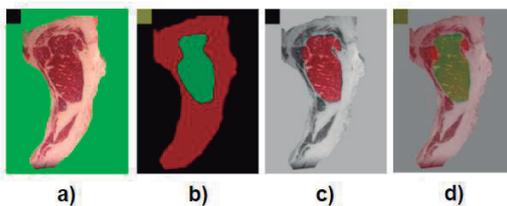


Figura 1: Exemplar com menor IoU (79.41%). Imagem com background padronizado (a), AOL padrão (rótulo verde) (b), predição automática da AOL pela Mask-RCNN (c), e sobreposição do padrão e segmentação automática (d).

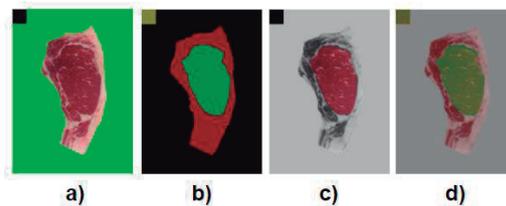
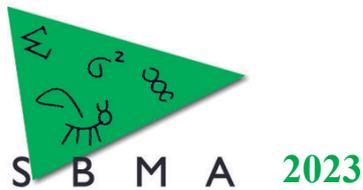


Figura 2: Exemplar com maior IoU (91.24%). Imagem com background padronizado (a), AOL padrão (rótulo verde) (b), predição automática da AOL pela Mask-RCNN (c), e sobreposição do padrão e segmentação automática (d).



### Resultados e Discussão

Tomando-se o último peso fornecido pela Mask-RCNN e após adoção de 100 iterações de treinamento, operação esta que totalizou 5958 minutos, obtivemos uma taxa de perda (*loss*) igual a 15,67% durante o treinamento, e de 20,81% para o conjunto de validação, respectivamente. Para tal tarefa, foram utilizadas as bibliotecas *scikit-image* e *Tensorflow*. O conjunto teste, formado por 240 imagens convertidas em escala de cinza e colorida, foi utilizado para verificação das acurácias de segmentação automatizada. A Figura 1D exemplifica a amostra de menor IoU (79,41%), enquanto a Figura 2D ilustra o maior valor para IoU (91,24%). O cálculo da IoU foi determinado pela razão entre a intersecção e união das áreas do padrão ouro (Figura 2B) e predição da Mask-RCNN (Figura 2C), cuja média para o conjunto teste foi equivalente a 86,80% (desvio-padrão 0,0216). O valor médio total IoU é considerado suficientemente adequado, dependendo do método de extração de atributos (*features*) da AOL a ser usado. Por exemplo, os valores de acurácia de segmentação aqui apresentados provavelmente não afetariam as classificações de marmoreio reportadas por Pinto et al. (2023), as quais fizeram uso de janelas deslizantes para o cálculo do LBP, sendo que as bordas da imagem foram praticamente desprezadas, o que não atrapalhou o método em determinar os padrões de GIM contidos no interior da ROI. A métrica *Precision* determina o percentual de pixels corretamente preditos pela rede neural, representados na Figura 2D pela cor verde amarelado, o que acaba por penalizar pixels fora da AOL, estabelecida em nosso estudo como padrão (máscara apresentada pela cor verde na Figura 2B). A precisão média das 240 imagens teste foi de 87,89 % (desvio-padrão 0,0246). Por último, a métrica *Recall* apresentou valor médio de 98,62% (desvio-padrão 0.0115), após comparação com o padrão. A respeito dos resultados, podemos notar via Figura 1C, que a rede neural determinou com maior exatidão o contorno do gancho da AOL, superando a anotação humana para esta imagem em específico, ao mesmo tempo que extrapolou o limite da AOL devido ao padrão de GIM daquele local. Esperamos como passos futuros, aumentar a quantidade de amostras dos conjuntos de treinamento e validação, bem como o número de iterações de treinamento, além de realizar experimentos com outras arquiteturas de rede e banco de dados diferentes da COCO.

### Conclusão

Estudos preliminares, utilizando-se de uma pequena quantidade de imagens anotadas, demonstraram que a técnica de Transfer Learning pode ser aplicada para fins de segmentação personalizada e automatizada dentro de problemas relacionados à Zootecnia e Medicina Veterinária. Em ambas as áreas, é comum a falta de acesso a um banco de dados aberto, contendo milhões de imagens já classificadas e rotuladas. Imagens de outras espécies bovinas estão sendo coletadas e analisadas pelos pesquisadores do grupo para efeitos de comparação.

### Agradecimentos

Agradecimentos especiais à empresa AgSights, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), projeto CNPq 408867/2021-3 e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), representada pelos processos de número 2016/19514-2 e 2021/03101-9.

### Literatura citada

He, K. et al. Mask R-CNN. **IEEE**, p.2980-2988, 2018.

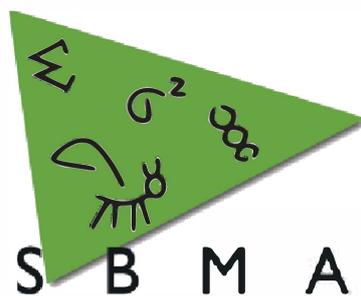
Lin, T-Y. et al. Microsoft COCO: Common Objects in Context. **ECCV**, p.740-755, 2014.

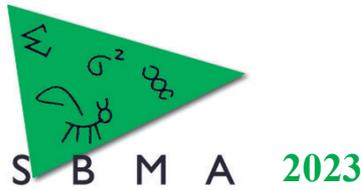
Pinto, D. L. et al. Image feature extraction via local binary patterns for marbling score classification in beef cattle using tree-based algorithms. **Livestock Science**, v. 267, e105152, 2023.

Stewart, S. M. et al. Prediction of consumer palatability in beef using visual marbling scores and chemical intramuscular fat percentage. **Meat Science**, v.181, 2021.

Wada, K., 2018. **Labelme**: Image Polygonal Annotation with Python. Disponível em: <https://github.com/wkentaro/labelme/>. Acesso em: 25 de outubro de 2022.

# Ensino em Melhoramento



**Uso de dashboard para a simulação de dados no ensino do melhoramento animal**Alan Miranda Prestes<sup>1\*</sup>, Giovani Luis Feltes<sup>2</sup>, Matheus Henrique Dal Bó Marin<sup>1</sup><sup>1</sup>Universidade do Oeste de Santa Catarina, Xanxerê, SC, Brasil.<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.\*Autor correspondente: [alan.prestes@unoesc.edu.br](mailto:alan.prestes@unoesc.edu.br)

**Resumo:** A disciplina de melhoramento animal está presente em todos os cursos de Medicina Veterinária e Zootecnia. No entanto, a execução de atividades práticas nesta disciplina é uma dificuldade encontrada por parte dos professores. Com isso, o presente estudo teve como objetivo elaborar um dashboard para a simulação de dados de uma população animal visando o ensino de melhoramento. Todo o material foi elaborado no programa R Studio com o auxílio de oito pacotes. Para a simulação de dados foi utilizado o pacote “pedSimulate” e para o cálculo de endogamia o pacote “pedigree”. Para a simulação foi utilizado os seguintes parâmetros:  $F_0=100$ ;  $\sigma_a^2 = 10$ ,  $\sigma_e^2 = 40$ ; número de filhos=1; gerações=5; taxa de mortalidade=0%; número de gerações sobrepostas para touros e fêmeas=1 e 0, respectivamente; proporção de fêmeas e machos selecionadas= 0,8 e 0,5, respectivamente; e critério de seleção das fêmeas e machos= aleatório (R). A base de dados simulada continha o total de 180 animais sendo que, deste total, 80 animais estavam distribuídos em quatro gerações (F1 a F5) filhos de 80 vacas e 65 touros. A tendência genética e fenotípica foram  $-0,13$  e  $+0,81$ /geração, respectivamente. Estes resultados mostram que a simulação de dados e o uso de dashboards são importantes ferramentas para tornar o processo de ensino mais dinâmico e acessível.

**Palavras-chave:** endogamia, pedSimulate, pedigree, shinyapps.

**Dashboard use for data simulation in teaching animal breeding**

**Abstract:** The discipline of animal breeding is present in all Veterinary Medicine and Animal Science courses. However, the execution of practical activities in this discipline is a difficulty encountered by teachers. With this, the present study aimed to elaborate a dashboard for the simulation of data from an animal population aiming at teaching of animal breeding. All material was prepared in the R Studio program with the aid of eight packages. For data simulation, the “pedSimulate” package was used and for the inbreeding calculation, the “pedigree” package was used. For the simulation the following parameters were used:  $F_0=100$ ;  $\sigma_a^2 = 10$ ,  $\sigma_e^2 = 40$ ; litter size=1; generations=5; mortality rate=0%; number of overlapping generations for bulls and females=1 and 0, respectively; proportion of selected females and males = 0.8 and 0.5, respectively; and selection criteria for females and males = random (R). The simulated database contained a total of 180 animals, of which 80 animals were distributed in four generations (F<sub>1</sub> to F<sub>5</sub>) sired by 80 dams and 65 sires. The genetic and phenotypic trends were  $-0.13$  and  $+0.81$ /generation, respectively. These results show that data simulation becomes a good alternative and the use of dashboards a tool that can make the teaching process more dynamic and accessible.

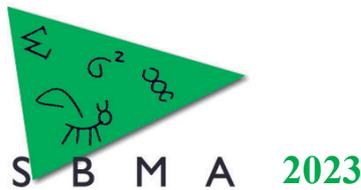
**Keywords:** inbreeding, pedSimulate, pedigree, shinyapps.

**Introdução**

O melhoramento animal é a ciência baseada nas informações fenotípicas aliada à dados genealógicos seja por meio de arquivo de pedigree ou com o uso de informações de parentescos genômicas. Esta coleta de dados é realizada pelos programas de melhoramento com o auxílio de seus técnicos e produtores. No entanto, o acesso a estes bancos de dados fica restrito a pesquisadores ou grupos de pesquisas parceiros. Aliado a isto, com o avanço da Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD) o acesso à dados reais para ensino de melhoramento nas universidades de ensino superior se torna mais difícil.

Além disso, sabe-se que o número de estudantes de graduação que buscam estágio remunerado/não remunerados nos grupos de pesquisa de melhoramento animal é baixo quando comparado com outras áreas das ciências agrárias. Isto significa que uma pequena parcela dos graduandos terá a oportunidade de realizar atividades práticas voltadas ao melhoramento animal. Entretanto, o melhoramento genético está presente nas Diretrizes Curriculares Nacionais (DCN's) dos cursos de Graduação em Medicina Veterinária (Art. 7º, inciso VII) (BRASIL, 2019) e de Zootecnia (Art. 7º, inciso VII) (BRASIL, 2006) e deve ser abordado de forma teórica e prática em sala de aula.

Sendo assim, é necessário que professores do ensino superior que ministrem a disciplina de melhoramento animal tenham ferramentas para auxiliá-los nas atividades práticas com os alunos em sala



de aula. Neste contexto, a simulação de dados se torna uma ferramenta muito prática para esta finalidade. Com isso, o presente trabalho tem como objetivo a elaboração e divulgação do uso de dashboards para o ensino de melhoramento animal para alunos de graduação nas salas de aula.

### Material e Métodos

O dashboard foi elaborado na linguagem R (CORE TEAM, 2013) com o auxílio dos pacotes “shiny”, “shinythemes”, “writexl”, “dplyr”, “ggplot2” e “plotly”. Para a simulação de dados foi utilizado a função simulatePed pacote “pedSimulate” (NILFOROOSHAN, 2023) utilizando os seguintes parâmetros iniciais: número de animais fundadores ( $F_0$ )=100;  $\sigma_a^2 = 10$ ,  $\sigma_e^2 = 40$ ; número de filhos=1; gerações=5; taxa de mortalidade=0%; número de gerações sobrepostas para touros e fêmeas=1 e 0, respectivamente; proporção de fêmeas e machos selecionadas= 0,8 e 0,5, respectivamente; e critério de seleção das fêmeas e machos= aleatório (R). O arquivo simulado apresenta nove colunas: *Animal ID*, *Sire ID*, *Dam ID*, *Sex*, *Generation*, *Parent Average (PA)*, *Mendelian Sampling (MS)*, *Environmental plus residual effects (E)*, and *Phenotype (P)*. Segundo Nilforooshan (2022), o PA de um indivíduo é a média do verdadeiro mérito genético de seus pais e o verdadeiro valor genético (VG) de um indivíduo é igual a PA + MS. Como os indivíduos  $F_0$  não possuem informações dos pais, o valor de PA é considerado zero. A variância MS é metade da variância genética aditiva na população base ( $\sigma_{MS}^2 = \frac{1}{2} \sigma_a^2$ ) (BIJMA E RUTTEN, 2002). O efeito ambiental (E) é extraído de uma distribuição  $N(0, \sigma_E^2)$ . O fenótipo (P) de um indivíduo é calculado em duas etapas:  $P = PA + MS + E$  e  $P = P + \mu$ , em que  $\mu = -2\text{Min}(P)$ . Adicionalmente, foram calculados os coeficientes de endogamia de indivíduos do arquivo de pedigree com o auxílio da função “calcInbreeding” do pacote “pedigree”.

Os scripts (ui.R, server.R e global.R) para a elaboração do dashboard foram depositados no github (<https://github.com/Alan-Prestes/Data-Simulation.git>) sem restrição de acesso. O acesso direto por meio do R Studio pode ser realizado através da função “runGitHub” do pacote “shiny” com o seguinte código: `runGitHub(repo="Data-Simulation", username = "Alan-Prestes", ref="main")`.

### Resultados e Discussão

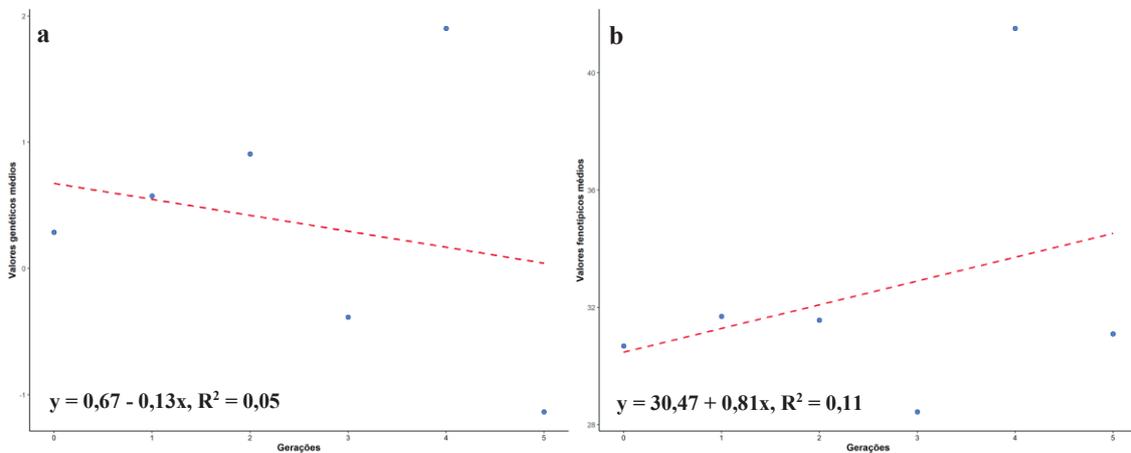
Com base nos parâmetros iniciais foi simulado um arquivo com um total de 180 animais (88 fêmeas e 92 machos) sendo que destes 100 indivíduos (50 fêmeas e 50 machos) são animais fundadores ( $F_0$ ). Os demais animais da base de dados são produtos do acasalamento de 80 vacas e 65 touros. O valor genético médio por geração variou de -1,14 a +1,90 (Tabela 1).

**Tabela 1.** Descrição da base de dados simulada no dashboard com o auxílio do pacote pedSimulate.

Geração	Estatística descritiva		
	VG±DP	P±DP	Total de animais (M/F)
1	0,57±3,31	31,69±7,60	23/27
2	0,91±3,41	31,57±7,95	16/6
3	-0,39±2,69	28,44±7,56	2/3
4	1,90±2,16	41,51±1,67	1/1
5	-1,14±NA	31,09±NA	0/1

VG: valores genéticos médios; P: Valores fenotípicos médios; DP: desvio-padrão; M: número de machos; F: número de fêmeas; NA: sem informação.

A tendência genética foi de -0,13/geração (Figura 1a), mostrando um decréscimo no valor genético dos animais quando submetidos a seleção aleatória. Por outro lado, a tendência fenotípica apresentou um ganho de 0,81/geração (Figura 1b). Este ganho positivo foi alavancado pelo aumento do valor fenotípico na quarta geração.



**Figura 1.** Tendência genética (a) e fenotípica (b) do arquivo simulado no dashboard com o auxílio do pacote pedSimulate.

A utilização do dashboard para a simulação de dados mostra-se uma ferramenta que permite a todos os acadêmicos a manipulação de dados sem o conhecimento prévio de linguagem de programação. Além disso, a simulação e observação em tempo real possibilita a comparação no impacto da mudança dos parâmetros sobre a população, o ganho genético e fenotípico.

Com a mudança no perfil dos acadêmicos ingressantes nas instituições de ensino superior e a cobrança dos professores universitários para a inclusão de metodologias ativas torna o uso destas ferramentas dinâmicas um importante aliado no processo de ensino-aprendizagem.

#### Conclusão

O uso de dashboards pode ser uma ferramenta vantajosa para o ensino do melhoramento animal nas universidades de ensino superior.

O compartilhamento de ferramentas alternativas de ensino entre pesquisadores e professores na área de melhoramento animal pode tornar mais atrativo o processo de ensino-aprendizagem.

#### Literatura citada

Bijma, P.; Rutten, M. **Lecture notes for the SelAction workshop**. Disponível em: <https://www.wur.nl/en/Research-Results/Chair-groups/Animal-Sciences/Animal-Breeding-and-Genomics-Group/Research/Software.htm>. 2002. Acesso em 14 de abril de 2023.

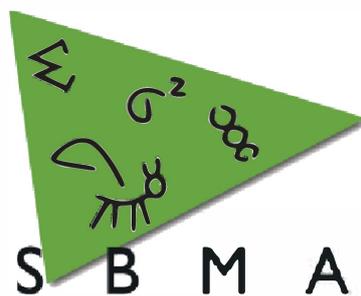
BRASIL. (2006). Ministério da Educação e Cultura. Conselho Nacional de Educação. Câmara de Educação Superior. **Resoluções CNE/CES nos nº 776/97, 583/2001, 67/2003 e 337/2004**. Institui as Diretrizes Curriculares Nacionais dos Cursos de Graduação em Zootecnia. Disponível em: [http://portal.mec.gov.br/cne/arquivos/pdf/rces04\\_06.pdf](http://portal.mec.gov.br/cne/arquivos/pdf/rces04_06.pdf)

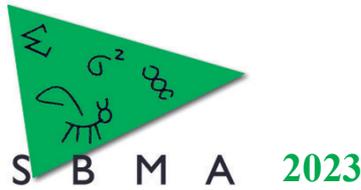
BRASIL. (2019). Ministério da Educação e Cultura. Conselho Nacional de Educação. Câmara de Educação Superior. **Resolução CNE/CES nº 70/2019**. Institui as Diretrizes Curriculares Nacionais dos Cursos de Graduação em Medicina Veterinária. Disponível em: <http://portal.mec.gov.br/docman/agosto-2019-pdf/120701-rces003-19/file>

Nilforooshan, M. A. **pedSimulate: Pedigree, Genetic Merit, Phenotype, and Genotype Simulation**. version 1.3.2. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=pedSimulate>>. Acesso em: 10 de março de 2023.

Nilforooshan, M.A. pedSimulate—An R package for simulating pedigree, genetic merit, phenotype, and genotype data. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 51, e20210131, 2022.

**Outros (ex.  
equinos,  
coelhos,  
abelhas,  
animais  
silvestre, etc.)**





**Associação dos fatores ambientais com o consumo de ração enriquecida na dieta de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) em cativeiro**

Camila Shyu Fiorindo<sup>1\*</sup>, Kelvin Rodrigues Kelles<sup>1</sup>, Fernanda Larissa Cesar Santos<sup>1</sup>, Jeisson Alexander León Rubio<sup>1</sup>, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia<sup>2</sup>, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Pós-Graduando em Ciência Animal, FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil

<sup>2</sup>Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, FMVZ, Unesp, Botucatu, São Paulo, Brasil.

\*Autor correspondente: [camila.shyu@unesp.br](mailto:camila.shyu@unesp.br)

**Resumo:** O presente estudo teve como objetivo o uso da camomila (*Matricaria chamomilla*) na dieta de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) com a finalidade de analisar o desenvolvimento e produtividade das aves. Para tal, foram adicionados três níveis de camomila na ração (0%, 1% e 1,5%) com seu fornecimento durante um período de 30 dias para 48 aves jovens. De acordo com os dados obtidos, as rações com 1% e 1,5% de camomila apresentaram efeitos positivos e significativos ( $p < 0,05$ ) quanto ao crescimento e desenvolvimento muscular das aves sem afetar o consumo diário de ração e independente do clima da região, recorrendo a ideia de que o fitoterápico proporciona efeitos benéficos para a flora intestinal com consequente benefício para a absorção de nutrientes e conversão alimentar. Desta forma, conclui-se que a camomila pode ser considerada forte candidata para substituição aos promotores de crescimento, sendo uma forma natural de melhorar a conversão alimentar e garantir produção mais saudável e eficiente.

**Palavras-chave:** consumo de ração, eficiência alimentar, fitoterápico, temperatura, umidade.

**Association of environmental factors with the consumption of enriched feed in the diet of red-winged Tinamou (*Rhynchotus rufescens*) ex situ**

**Abstract:** The present study aimed to use chamomile (*Matricaria chamomilla*) in the diet of partridges (*Rhynchotus rufescens*) to analyse the development and productivity of birds. For this, 3 levels of chamomile were added to the feed (0%, 1% and 1.5%) with its supply during a period of 30 days for 48 young birds. According to the obtained data, diets with 1% and 1.5% of chamomile showed positive and significant effects ( $p < 0.05$ ) on the growth and muscle development of birds without affecting daily feed intake and regardless of climate from the region, resorting to the idea that the herbal medicine provides beneficial effects for the intestinal flora with consequent benefit for the absorption of nutrients and food conversion. Thus, it is concluded that chamomile can be considered a strong candidate for replacing growth promoters, being a natural way to improve feed conversion and ensure healthier and more efficient production.

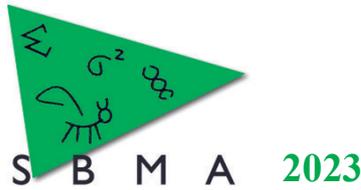
**Keywords:** ufeed intake, feed efficiency, herbal medicine, temperature, humidity

### Introdução

Como nos seres humanos, os animais são fisiologicamente influenciados por fatores ambientais, como temperatura e umidade, mudando hábitos como atividade física, consumo de água, consumo alimentar e consequentemente, nos animais de produção, diminuindo ou aumentando sua produtividade.

Em diversos estudos são relatados que há aumento de consumo alimentar em épocas mais frias do ano, ação fisiológica para aumentar a temperatura corporal e ter energia para manter essa temperatura estável. E, em estações mais quentes o consumo de ração diminui e o de água aumenta consideravelmente, muitas vezes diminuindo o ganho de peso natural dos indivíduos assim como sua produção. Devido a esse fator, no setor produtivo, há diferentes maneiras de evitar estes efeitos negativo, como utilizar na ração alguns componentes que estimulem a melhor absorção ou que aumentem a porcentagem de energia disponível na ração, fazendo com que mesmo que o animal diminua seu consumo ele mantenha as características produtivas eficientes.

Dessa forma o presente estudo teve o objetivo de comparar a influência da temperatura, umidade e velocidade do vento, no consumo de ração enriquecida com camomila.



### Material e Métodos

O experimento ocorreu no setor de Melhoramento Genético de Perdizes da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Unesp campus Botucatu, entre o período de fevereiro a março de 2021. Foram utilizadas 48 aves com idades entre 61 e 96 dias, distribuídas em seis baias com três tratamentos da ração. As duas primeiras baias foram consideradas controle, alimentadas com a ração sem aditivos, as baias 3 e 4 receberam ração com 1% de camomila e as baias 5 e 6 receberam ração de 1,5% de camomila. A ração foi disponibilizada às aves desde o primeiro dia do estudo, fazendo a avaliação de sobre, desperdício e consumo a cada três dias, assim como sua reposição. A biometria das aves foi realizada em três períodos, no primeiro dia de estudo, após 15 dias e após 30 do início do experimento.

Os dados obtidos foram analisados por meio do software Rstudio e pelo procedimento PROC MIXED do SAS 9.4 (Statistical Analysis for Windows, 2011). Efeitos lineares e quadráticos dos tratamentos indicados por contrastes ortogonais foram utilizados, avaliando os efeitos da adição da camomila. O teste de Duncan foi utilizado na determinação do nível de significância nas comparações específicas entre as médias dos tratamentos, sendo considerada diferença significativa à 5% ( $p < 0,05$ ).

### Resultados e Discussão

O uso da camomila mostrou aumento significativo na conversão alimentar dos animais, sendo os que consumiram a ração com 1,5% apresentaram um maior peso médio nos primeiros 15 dias (Tabela 1), e após 30 dias ambos os tratamentos com o fitoterápico apresentaram resultados melhores do que os animais do grupo controle. Na Tabela 2 é possível observar o ganho de peso (GP) de cada baia durante os 30 dias de experimento, mostrando o aumento no ganho de peso dos animais tratados com a camomila.

Tabela 1. Média ajustada dos pesos das aves por tratamento após 15 e 30 dias do início do estudo

Período	Tratamentos		
	Controle	1%	1,5%
15 dias	462,4 <sup>b</sup>	472,5 <sup>b</sup>	506,6 <sup>a</sup>
30 dias	529,2 <sup>b</sup>	558,0 <sup>a</sup>	580,7 <sup>a</sup>

<sup>ab</sup> Classificação dos resultados mediante a comparação das médias dos tratamentos. Sendo os resultados significativamente diferentes quando com letras diferentes seguindo a ordem alfabética.

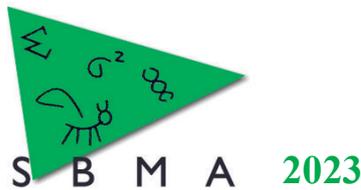
Tabela 2. Ganho de peso médio por baia nos diferentes tratamentos e nos dois períodos descritos

Tratamento		Ganho de peso médio (g)		
		0-15 dias	15-30 dias	Total
Controle	Baia 1	100,63	47,21	147,84 <sup>b</sup>
	Baia 2	50,00	85,00	135,00 <sup>b</sup>
1%	Baia 3	42,50	83,75	126,25 <sup>b</sup>
	Baia 4	123,57	92,14	213,66 <sup>a</sup>
1,5%	Baia 5	120,00	66,25	186,25 <sup>a</sup>
	Baia 6	115,00	83,13	198,13 <sup>a</sup>

<sup>ab</sup> Classificação dos resultados mediante a comparação das médias dos tratamentos. Sendo os resultados significativamente diferentes quando com letras diferentes seguindo a ordem alfabética.

Resultados semelhantes foram observados nos trabalhos de GRAVENA et al. (2009) e JUNIOR et al. (2009), onde o uso dos fitoterápicos promoveu maior ganho de peso médio nos animais. Os autores relacionaram os resultados a ação antimicrobiana, estímulo das enzimas digestivas, aumento da digestibilidade e absorção intestinal dos animais, o que consequentemente traz uma melhor utilização da ração fornecida e desempenho dos animais.

Quando observado o consumo com ralação aos fatores ambientais a camomila não apresenta resultados com diferenças significativas, mas observou-se maior consumo de ração em dias mais frescos.



Na tabela 3, verifica-se que quando se associa a temperatura com a umidade, percebe-se que mesmo em dias mais frescos, os altos níveis de umidade relativa do ar diminuem o consumo de ração. Quanto a velocidade do vento, não foi possível constatar interferência significativa no consumo.

Tabela 3. Consumo de ração médio por ave em diferentes índices climáticos.

Consumo por ave	Temperatura média	Umidade	Velocidade vento
32,083 <sup>c</sup>	21,31	87,73	0,31
34,376 <sup>bc</sup>	23,70	71,12	0,63
36,131 <sup>abc</sup>	24,53	67,14	0,77
41,470 <sup>abc</sup>	24,53	68,56	1,50
35,271 <sup>abc</sup>	23,14	75,35	0,92
28,765 <sup>c</sup>	22,25	80,92	0,88
48,036 <sup>ab</sup>	21,21	81,75	0,76
33,396 <sup>bc</sup>	21,48	92,00	1,43
50,491 <sup>a</sup>	21,63	82,32	0,28
37,695 <sup>abc</sup>	22,12	67,63	0,58

<sup>abc</sup> Classificação dos resultados mediante a comparação das médias dos dias e índices climáticos. Sendo os resultados significativamente diferentes quando com letras diferentes seguindo a ordem alfabética.

Por ter sido curto período em avaliação não houve variação muito grande quanto aos índices, necessitando implementar mais informações para se obter resultados mais acurados quanto aos índices ideais para a melhor produção da espécie e em seus diferentes estágios de desenvolvimento.

### Conclusão

A camomila desempenhou papel significante no ganho de peso dos animais independente dos fatores ambientais, ocasionando melhoria da eficiência alimentar e da uniformidade dos lotes.

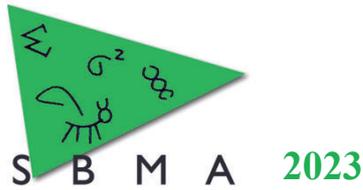
Desta forma, conclui-se que os compostos presentes na flor da camomila seca promovem o melhor aproveitamento do alimento fornecido, sem aumentar seu consumo, podendo ser, posteriormente, utilizada como um substituto dos promotores de crescimento, por ser forma natural e comprovada em outros estudos, de melhorar a flora intestinal dos animais, com componentes que são eliminados facilmente pelas aves, não havendo a presença de resíduos desses compostos nas carcaças (Royer et al, 2013), além de proporcionar ganho no bem-estar animal, garantindo produção mais saudável e eficiente.

### Agradecimentos

Agradeço a Deus e a todos os envolvidos pelo apoio e suporte para finalizar esse projeto, ao órgão CNPq, fornecedor da bolsa de iniciação científica e ao centro meteorológico da UNESP Botucatu por fornecer os índices climáticos detalhados da região onde foi realizado a pesquisa.

### Literatura citada

GRAVENA, R.A.; MARQUES, R.H.; SILVA, J.D.; HADA, F.H.; SILVA, V.K.; MUNIRI, D.P. **Efeitos fisiológicos e comportamentais do uso de extrato de valeriana em dietas de codornas em crescimento.** Veterinária e Zootecnia. v.17, p.407-414. 2010.  
JUNIOR, G.C.; SAKOMURA, N.K.; SIQUEIRA, J.C.; FERNANDES, J.B.K.; NEME, R.; LIMA, A.L.G.; NARUMOTO, R. **Extrato de pomelo (*Citrus maxima*) como aditivo em rações para frangos de corte.** ARS Veterinária, v. 25, p. 84-89. 2009.  
ROYER, A.F.B.; GARCIA, R.G.; BORILLE, R.; SANTANA, M.R.; NUNES, K.C. **Fitoterapia aplicada a avicultura industrial.** Enciclopédia Biosfera, v.9, 2013. Disponível em <https://conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/3125>. Acesso em: 2 de jun. de 2020.



**#GAMARESPONDE: uma iniciativa para levar conceitos de melhoramento animal à comunidade**

Denyus Augusto de Oliveira Padilha<sup>1</sup>, Suelen Fernandes Padilha<sup>1</sup>, Laila Talarico Dias<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Mestrando(a) do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, Paraná, Brasil.

<sup>2</sup>Professor Associado do Depto. de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UFPR, Curitiba, Paraná, Brasil.

\*Autor correspondente: lailatalarico@gmail.com

**Resumo:** GAMA é o laboratório de genética aplicado ao melhoramento animal, que atende alunos de graduação e pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Paraná. O laboratório foi criado com o objetivo de treinar alunos de graduação e de pós-graduação a realizar análises estatísticas e genéticas, para que desenvolvessem seus projetos de iniciação científica, mestrado e doutorado. Porém, todos reconhecem que o trabalho nesta área do conhecimento é complexo, seja pelo grande volume de informações e conceitos novos, ou pelo uso de conhecimento em estatística, além da própria genética, que esta área demanda. Falar sobre melhoramento animal não é simples! E transformar o “melhorês” em uma linguagem simples, didática e visual foi um dos grandes desafios desse projeto. Assim nasceu o #GAMARESPONDE, uma produção de vídeos curtos, entre 1 e 2 minutos de duração, cujo principal objetivo foi tratar dos principais temas da área, das dúvidas mais frequentes dos alunos, técnicos e produtores de uma forma simples, visual e dinâmica.

**Palavras-chave:** divulgação científica, gama ufpr, genética animal.

**#GAMARESPONDE: an idea to bring animal breeding concepts to the community**

**Abstract:** GAMA is the laboratory of genetics applied to animal breeding, which serves undergraduate and graduate students in Animal Science at the Federal University of Paraná. The laboratory was created with the aim of training undergraduate and graduate students to carry out statistical and genetic analysis, so they could develop their scientific initiation, master's and PhD projects. However, everyone knows that the knowledge in this discipline is complex, either because of the large volume of information and new concepts, or because of the use of knowledge in statistics, in addition to genetics itself, which this area demands. Talking about animal breeding is not simple! And transforming this vocabulary into a simple, didactic, and visual language was one of the great challenges of this project. This is how #GAMARESPONDE was born, a production of short videos, between 1 and 2 minutes long, whose main objective was to address the main topics in animal breeding, the most frequent doubts of students, professionals, and producers in a simple, visual, and dynamic way.

**Keywords:** animal genetics, gama ufpr, scientific divulgation.

### Introdução

Nos últimos anos, devido a pandemia global por SARS CoV-2, a sociedade precisou se adequar a uma nova realidade e a forma de se comunicar, o que não foi diferente no ambiente acadêmico. Docentes e pesquisadores se reinventaram e as disciplinas e os cursos passaram a ser ministrados de forma remota, bem como os workshops e congressos. Associado a isso, as redes sociais tornaram-se veículos de comunicação ainda mais eficientes e populares após a pandemia, sendo ferramentas eficazes e de grande alcance para a divulgação do conhecimento e popularização da ciência (Bertulino et al., 2020).

Os projetos de extensão tornaram-se uma importante ferramenta para promover a democratização do conhecimento científico por meio de trocas interdisciplinares e educativas entre a comunidade e as instituições de ensino superior (Cardoso et al., 2021). Na área de melhoramento genético animal, um dos principais desafios é difundir conceitos complexos e resultados de projetos de pesquisa de forma simples e clara para a sociedade.

Em 2022, após 14 anos do início das atividades do Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal do Paraná, um novo projeto teve início e, desta vez, com objetivo de divulgar, por meio de vídeos curtos e dinâmicos, com o auxílio de animação e narração, conceitos da área de melhoramento genético animal e resultados dos projetos de pesquisa, publicados no *Instagram* do laboratório.

### Material e Métodos

O título #GAMARESPONDE foi escolhido para despertar a curiosidade do público-alvo. A utilização da hashtag junto ao nome deu-se pela linguagem popularmente utilizada nas redes sociais, que permite a indexação e facilita o alcance dos conteúdos. A plataforma escolhida para divulgação foi o *Instagram*, por ser atualmente um dos aplicativos mais utilizados entre os jovens, que têm como característica o consumo de conteúdos rápidos, com pouco texto e vídeos de curta duração no formato de *reels*. Atualmente, a conta do Instagram do GAMA (@gama UFPR) possui 814 seguidores. Durante a execução do projeto, entre maio de 2022 e janeiro de 2023, foram produzidos 9 vídeos, com duração entre 48 segundos e 2:34 minutos. O processo de criação para a produção dos conteúdos seguiu as etapas apresentadas na Figura 1.

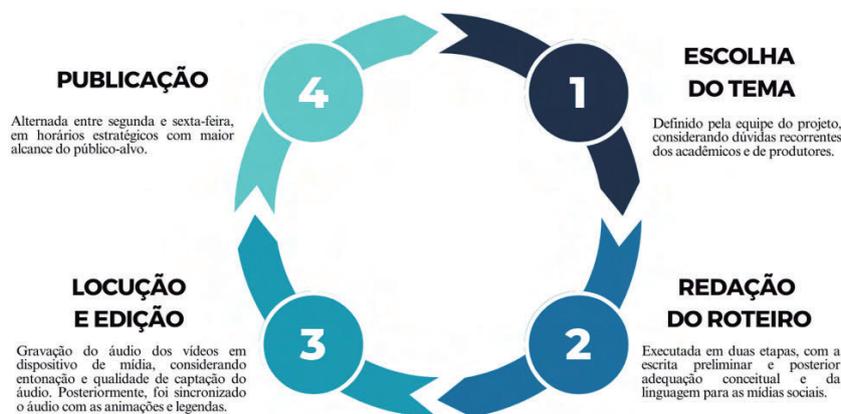


Figura 1. Etapas do processo de desenvolvimento dos conteúdos do projeto #GAMARESPONDE.

As publicações foram produzidas com o auxílio das ferramentas do *Animaker.co* (animação dos vídeos) e *Canva.com* (edição final). As estatísticas de público atingido e métricas de visualizações foram obtidas através do painel profissional do *Instagram*, na aba *Insights*.

### Resultados e Discussão

Ao longo dos oito meses de desenvolvimento deste projeto, o perfil dos usuários que acessaram os conteúdos foi de pessoas entre 18 e 34 anos de idade (58,4%) e majoritariamente mulheres (60%). Na Tabela 1 está a descrição dos vídeos produzidos e detalhamento dos acessos.

Tabela 1. Descrição dos vídeos publicados no projeto #GAMARESPONDE e detalhamento dos acessos

Título do vídeo	Duração	NV	CA	NL	NC	NS
<i>Características e fenótipos são a mesma coisa?</i>	58''	1.198	1.316	40	9	3
<i>Os termos fenótipo e genótipo são equivalentes?</i>	1' 08''	1.018	923	29	5	1
<i>Filhos de um reprodutor TOP 10 terão desempenhos superiores em todos os lugares?</i>	1' 24''	794	710	28	5	0
<i>3 dúvidas sobre herdabilidade</i>	1' 19''	412	349	35	8	5
<i>De onde vem as letras Aa e Bb?</i>	2' 03''	768	551	20	11	3
<i>O que é um animal precoce?</i>	1' 44''	333	273	30	3	0
<i>Qual a diferença de biotecnologias aplicadas à reprodução e o MGA?</i>	2' 34''	1.065	854	32	19	2
<i>Você sabe o que é CEIP?</i>	48''	1.091	1.059	28	8	1
<i>O que é heterose?</i>	1' 28'	738	638	28	5	6

NV= número de visualizações; CA= contas alcançadas; NL= número de likes; NC= número de compartilhamentos e NS= número de contas que salvaram o conteúdo.

Conforme apresentado na Tabela 1, observa-se que o número médio de visualizações por vídeo foi de  $824 \pm 301,90$  visualizações, sendo que, o primeiro vídeo, intitulado: “Características e fenótipos são a mesma coisa?” obteve o maior número de acessos (1.198 visualizações), likes (40) e alcance de contas (1.136). Por outro lado, o vídeo “Qual a diferença entre biotecnologias aplicadas à reprodução e o melhoramento genético animal?” foi o mais compartilhado (19) e o vídeo “O que é heterose?” foi o mais salvo (6) pelos seguidores.

A Figura 2 apresenta um exemplo da sequência de *frames* de um dos vídeos produzidos.



Figura 2. *Frames* do vídeo “De onde vem as letras Aa e Bb?” do projeto #GAMARESPONDE.

O desenvolvimento desse projeto exigiu trabalho em equipe, organização e muita criatividade. Ter atingido, em torno de, 800 visualizações, em menos de um ano, com a produção de um conteúdo técnico tão específico foi surpreendente! É verdade que os números alcançados ainda são pequenos diante desse grande universo das mídias sociais. Mas, o desafio continua!

### Conclusão

É possível transformar informações complexas em conteúdos mais simples e criar outros mecanismos para divulgação do conhecimento científico.

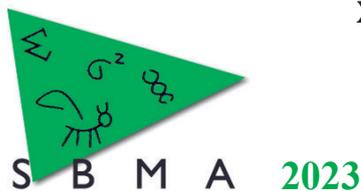
### Agradecimentos

Aos meus orientados de mestrado Denyus Augusto de Oliveira Padilha e Suelen Fernandes Padilha por me desafiarem a realizar esse projeto e por terem dado cor, voz e movimento às minhas aulas de Melhoramento Animal.

### Literatura citada

Bertulino, T. A.; Pereira, A. V. S.; Couto, M. C. L.; Peixoto, T. R. C. O Instagram como ferramenta de comunicação e integração entre a universidade e comunidade no projeto Pro Mente. **Revista de Extensão da UPE**, 2020, v. 5, n. 1, p. 19-29.

Cardoso, M. C.; Ferreira, C. P.; Silva, C. M.; Medeiros, G. M.; Pacheco, G.; Vargas, R. M. Utilização das redes sociais em projeto de extensão universitária em saúde durante a pandemia de Covid-19. **Expressa Extensão**, 2021, v. 1, n.1, p. 551-558.



**Práticas extensionistas como veículo de melhoramento genético animal em propriedades do Nordeste Paraense: a otimização da escrituração zootécnica**

Hawena Carolina da Silva Oliveira<sup>1\*</sup>, Lorena de Paula da Silva Maciel<sup>1</sup>, Renato Fagner Rodrigues Dantas<sup>1</sup>, Joice de Sousa Santos<sup>2</sup>, Brenda Freitas Ribeiro<sup>3</sup>, Kaio Diego das Neves Barros<sup>4</sup>, Thiago Carvalho da Silva<sup>5</sup>, Lais Costa Brito<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Campus Capanema, UFRA, Capanema, Pará, Brasil.

<sup>2</sup>JF Agroverde Consultoria, Capanema, Pará, Brasil.

<sup>3</sup>Grupo Geovane Sousa, Capanema, Pará, Brasil.

<sup>4</sup>InAqua Consultoria, Capanema, Pará, Brasil.

<sup>5</sup>Campus Belém, UFRA, Belém, Pará, Brasil.

\*Autor correspondente: [hawenadioliveira@gmail.com](mailto:hawenadioliveira@gmail.com)

**Resumo:** Em uma atividade pecuária, é essencial o controle de informações da propriedade rural para diversas finalidades, como balanço financeiro e viabilização de práticas como a participação em programas de melhoramento genético animal. O presente estudo tem como objetivo mostrar as atividades de extensão praticadas pelo Grupo de Estudos em Melhoramento Genético Animal da Amazônia (MeGA), com foco no melhoramento genético de ruminantes. Foram realizadas visitas a fazendas parceiras, estabelecendo um cronograma quinzenal, ou quando necessário, para conhecer as especificidades de cada uma e os agentes envolvidos. Foram aplicados formulários de registro zootécnico físico e eletrônico de acordo com a realidade da fazenda. Para melhorar a compreensão, foram fornecidos aos produtores associados workshops, palestras e cursos de curta duração. As propriedades atendidas apresentaram perfis distintos, sendo necessário adaptar a situação a cada realidade. O estudo concluiu que o uso de formulários físicos e eletrônicos foi eficaz e contribuiu para a melhoria da qualidade do gerenciamento das fazendas.

**Palavras-chave:** anotação, dados, extensão, melhoramento animal, softwares.

**Extensionist practices as a tool of animal breeding in farms of the Northeast region of Pará: zotechnical registration**

**Abstract:** In livestock farming, controlling information about the rural property is essential for various purposes, such as financial balance and practices such as participation in animal breeding programs. The authors aim to show the extension activities practiced by the Animal Breeding Study Group of the Amazon (MeGA), focusing on the genetic breeding of ruminants. Visits were made to farms that are partners of MeGA, establishing a schedule or as necessary to learn about their specificities and the agents involved. Zotechnical forms (digital and printed) were applied according to the reality of the farm. To improve understanding, associated producers were provided with workshops, lectures, and short courses. The attended farms had distinct profiles, requiring adaptation of the situation to each reality. The study concluded that the use of zotechnical forms was effective and contributed to improving the quality of farm management.

**Keywords:** notes, data, extension, genetics, optimization, softwares.

**Introdução**

Diante do cenário rural, tendo o pequeno, médio e grande produtor como personagem principal dessa narrativa, tem-se mostrado cada vez mais necessárias ferramentas categóricas que o auxiliem no gerenciamento e organização, além da capacitação dos colaboradores por meio de cursos, para melhor desenvolvimento do trabalho com o rebanho. A partir disso, o Grupo de Estudo em Melhoramento Genético Animal da Amazônia (MeGA) da Universidade Federal Rural da Amazônia, tem desenvolvido atividades de extensão que visem uma forma de levar o aprimoramento genético da pecuária de leite e corte aos produtores que se encontram na região nordeste do estado do Pará, ao mesmo tempo em que habilitam os mesmos à uma visão ampla de como administrar a rotina pecuarista. Esses instrumentos capacitadores vão desde a inserção de um simples mural na parede da propriedade para o auxílio das anotações rotineiras e manejo de IATF à implantação do caderno de escrituração zootécnica para o controle prático de registro do

rebanho e utilização de softwares de gestão para propriedades de médio a grande porte ou que buscam uma administração moderna para o gado. Diante disso, o presente trabalho tem como principal objetivo, mostrar as atividades extensionistas praticadas pelo MeGA, com enfoque no melhoramento genético.

### Material e Métodos

Foram feitas visitas periódicas às propriedades parceiras, estabelecendo um calendário quinzenal ou de acordo com suas necessidades, a fim de fortalecer essas parcerias, conhecer as especificidades de cada uma delas e os agentes envolvidos neste núcleo, como a equipe de trabalho, desde o proprietário ao gerente. Através de contatos, encontros e eventos realizados, novas parcerias foram consolidadas. Com isto, foi possível traçar um perfil para o produtor, fazer um diagnóstico a partir do estudo de caso e posteriormente aplicar formas de escrituração zootécnica apropriadas a cada propriedade, tendo essas formas, sido divididas em dois (2) tipos:

1. **Físicas:** Caderno de escrituração zootécnica (FIGURA 1), contendo fichas gerenciais e tabelas para anotações de cada dado da propriedade, como informações de nascimento para controle de genealogia, reprodução para inserção de biotécnicas reprodutivas como a IATF, entre outras. O material foi impresso em folhas A4 e encadernado.
2. **Eletrônicas:** Planilhas de Excel, categorizadas e organizadas de acordo com a realidade da propriedade e/ou softwares de gerenciamento de rebanho, inserindo informações básicas, como cadastro de animais a partir de suas identificações individuais (brincos ou chips) à informações específicas da bovinocultura leiteira, como informações de controle leiteiro e de corte, como desenvolvimento ponderal.

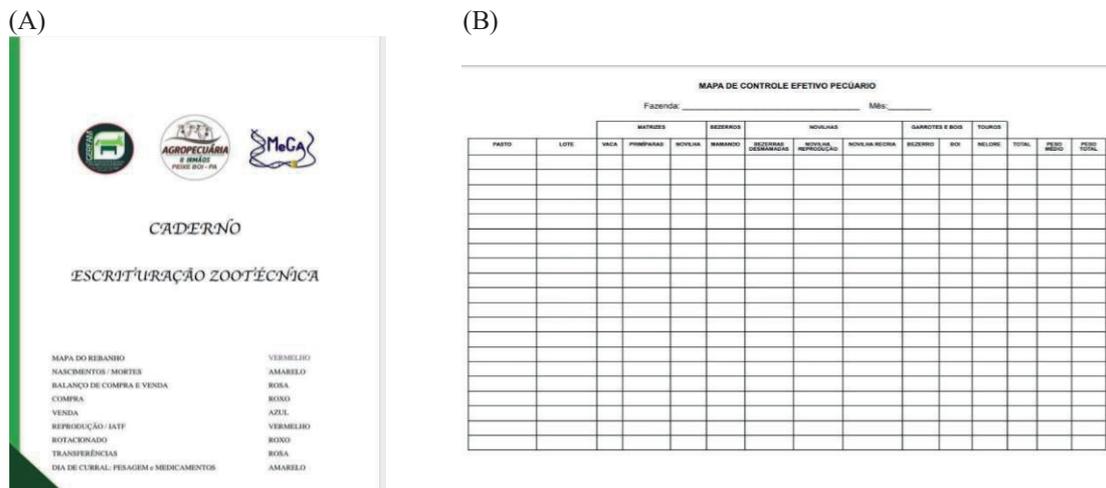


Figura 1. Caderno de escrituração zootécnica utilizado nas fazendas (A) e exemplo de anotação com mapa do rebanho contido no mesmo caderno.

A capacitação dos produtores rurais para lidar com a escrituração zootécnica e gestão da propriedade é essencial para o sucesso da atividade agropecuária, pois possibilita o controle dos custos, o aumento da produtividade e a melhoria da qualidade dos produtos (CÍCERO et al., 2018). Com isso, para um melhor entendimento das fichas gerenciais, foram ministrados aos produtores associados, workshops, palestras, minicursos e cursos capacitadores acerca da escrituração zootécnica propriamente dita.

### Resultados e Discussão

Nas propriedades atendidas, impasses foram observados, notando-se que cada propriedade possui um perfil próprio e distinto, seja em seu porte, foco de mercado e forma de gerenciar, na qual alguns proprietários apresentaram visão aberta perante inovações tecnológicas enquanto outros optaram por manter a administração em sua forma tradicional. A partir daí, houve a necessidade de adaptar a situação diante de cada realidade. Para os parceiros com perfis de gestão mais clássicos com mão de obra com requisitos mínimos de educação, foi aplicado anotações em caderno de escrituração zootécnica com

informações de cria, recria e engorda, atribuiu-se informações como: mapa do rebanho; controle de nascimento e mortes; informações de compra e venda; sanidade; reprodução, desenvolvimento ponderal, incluindo os lotes em sistema de engorda no semiconfinamento rotacionado com coprodutos da indústria regional (ex. casca de mandioca e torta de dendê); transferências entre retiros, entre outros. Em propriedades com pessoal sem o mínimo de instrução para cargos de gerenciamento foram substituídos.

Em propriedades cujos proprietários optaram por uso de tecnologias mais modernas, foi implantado o uso de softwares de gerenciamento de rebanho, como o *Landsoft* (FIGURA 2). Geralmente possuem aplicativo de fácil entendimento, que pode ser usado remotamente por qualquer dispositivo móvel (celular ou *tablet*) com acesso à internet ou não, com *layout* de fácil entendimento. O *software* pode ser específico para uma atividade, como visualizado no aplicativo *Jetbov* (pecuária de corte) ou abranger diversas atividades de monogástricos à ruminantes, como o *ADM Rebanho*. Geralmente possuem módulos em que o produtor opta por sua contratação ou não (rebanho, agrícola, financeiro, estoque, entre outros), além de *softwares* gratuitos como o Congado.

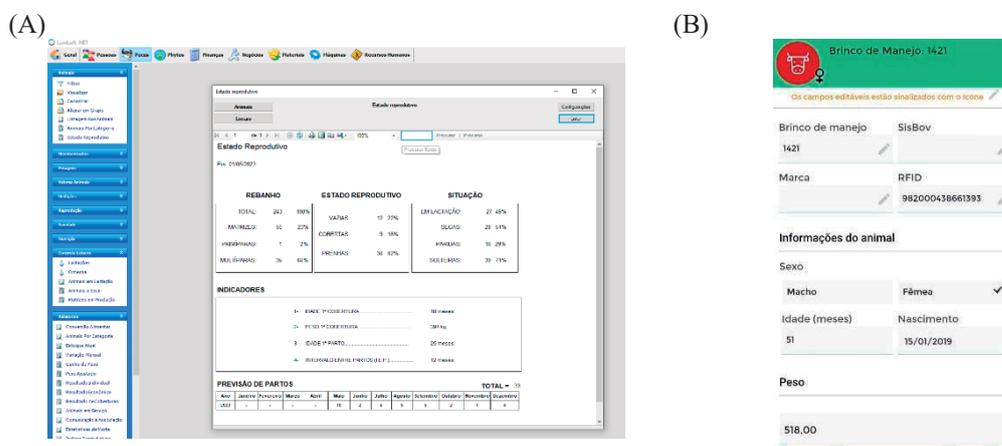


Figura 2. Tela inicial do software *Landsoft* (*layout* do computador - A) e visão do aplicativo de campo do *software Jetbov* (B).

A principal dificuldade encontrada na implantação das atividades, tanto físico como o tecnológico, foi justamente a ausência no hábito da escrituração zootécnica nessas propriedades por diversos motivos, tornando-se esse ponto um gargalo para implantação do melhoramento genético.

### Conclusão

A escrituração zootécnica é fundamental para uma boa gestão de propriedades rurais. Esse tipo de registro permite o acompanhamento detalhado do desempenho produtivo dos animais, possibilitando a identificação de problemas e oportunidades de melhoria, facilitando o controle do rebanho, planejamento de atividades, tomada de decisões a partir de índices zootécnicos. Investir na escrituração zootécnica, independente do porte da propriedade, é fundamental para garantir a eficiência e rentabilidade, além de implicar uma produção sustentável e responsável. O uso de aplicativos especializados na gestão rural é uma opção para quem busca facilidade na otimização dos dados, desde que os registros sejam atualizados regularmente. Portanto, a implantação de formulários físicos e eletrônicos foi eficaz e contribuiu para a melhoria da qualidade do gerenciamento das fazendas.

### Agradecimentos

À Fundação Amazônia de Amparo a Estudos e Pesquisas (Fapespa) pela concessão de bolsas.

### Literatura citada

CÍCERO, L. U.; SILVA, F. A. S.; MOURA, J. F. P.; RIBEIRO, K. G.; GOMES, L. F. C.; SOUSA, M. V. M.; BARRETO, R. A. Escrituração zootécnica: importância e desafios. *Revista Brasileira de Higiene e Sanidade Animal*, v. 12, n. 4, p. 906-921, 2018