

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS – UFMG

Escola de Veterinária

Programa de Pós-graduação em Zootecnia

Clélia Soares de Assis

**PARÂMETROS GENÉTICOS, ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS E
EFEITOS PLEIOTRÓPICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE
ECONÔMICO EM BOVINOS SENEPOL**

Belo Horizonte

2024

Clélia Soares de Assis

**PARÂMETROS GENÉTICOS, ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS E
EFEITOS PLEIOTRÓPICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE
ECONÔMICO EM BOVINOS SENEPOL**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, como requisito parcial à obtenção do Título de Doutora em Zootecnia.

Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal

Prof. Orientador: Dr. Idalmo Garcia Pereira

Coorientador: Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes

Prof. Coorientador: Dr. Leandro Sâmia Lopes

Belo Horizonte

2024

A848p Assis, Clélia Soares de, 1985-
Parâmetros Genéticos, Análise Funcional de Genes Candidatos e Efeitos Pleiotrópicos para características de interesse econômico em Bovinos Senepol/Clélia Soares de Assis.-2024.
76 f: il.

Orientador: Idalmo Garcia Pereira
Coorientadores: Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes
Leandro Sâmia Lopes

Tese (Doutorado) apresentada à Faculdade de Medicina Veterinária da UFMG, como requisito parcial para obtenção do título de Doutora em Zootecnia.
Área de Concentração: Genética e Melhoramento Animal.
Inclui bibliografia.

1. Bovino - Teses - 2. Veterinária - Teses - I. Pereira, Idalmo Garcia
II. Menezes, Gilberto Romeiro de Oliveira – III. Lopes, Leandro Sâmia –
IV. Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária –
V. Título.

CDD – 636.089

Bibliotecária responsável Cristiane Patrícia Gomes CRB 2569
Biblioteca da Escola de Veterinária, UFMG.



UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS
ESCOLA DE VETERINÁRIA
COLEGIADO DO CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

FOLHA DE APROVAÇÃO

**PARÂMETROS GENÉTICOS, ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES
CANDIDATOS E EFEITOS PLEIOTRÓPICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE
INTERESSE ECONÔMICO EM BOVINOS SENEPOL**

CLÉLIA SOARES DE ASSIS

Tese de Doutorado defendida e aprovada, no dia **cinco de março de dois mil e vinte e quatro**, pela Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Minas Gerais, constituída pelos seguintes professores:

Dra. Giovanna Faria de Moraes



Documento assinado digitalmente

GIOVANNA FARIA DE MORAES
Data: 24/06/2024 13:33:41-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Ponta

Dra. Joana Ribeiro da Glória



Documento assinado digitalmente

JOANA RIBEIRO DA GLORIA
Data: 28/06/2024 00:11:59-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Universidade Federal de Minas Gerais

Dra. Leila Genova Gaya



Documento assinado digitalmente

LEILA DE GENOVA GAYA
Data: 26/06/2024 09:30:22-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Universidade Federal de São João del-Rei

Dra. Sarah Laguna Conceição Meirelles



Documento assinado digitalmente

SARAH LAGUNA CONCEICAO MEIRELLES
Data: 26/06/2024 15:15:51-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Universidade Federal de Lavras

Dr. Idalmo Garcia Pereira - Orientador



Documento assinado digitalmente

IDALMO GARCIA PEREIRA
Data: 28/06/2024 10:54:48-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Universidade Federal de Minas Gerais

Belo Horizonte, 05 de março de 2024.

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho aos meus pais, Miguel e Maria Nilce, meu esposo, Mario, meus irmãos, Kleiton e Cristiane, minha afilhada, Elisa, e meus sobrinhos, Lucas e Emanuel.

Aos meus familiares e amigos, dedico meu profundo agradecimento pelo apoio incondicional

Aos mestres que, direta ou indiretamente, contribuíram para minha formação profissional, expresso minha gratidão.

Concluo esta etapa importante da minha vida e agradeço a todos que fizeram parte desta trajetória. Como bem disse São Francisco de Assis, “Comece fazendo o que é necessário, depois o que é possível, e de repente você estará fazendo o impossível.”

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, expresso minha enorme gratidão a Deus, cuja fé, sabedoria e força têm sido uma fonte constante de inspiração e orientação em minha jornada. Sou profundamente grata por Sua presença constante e por ouvir minhas preces, mesmo as realizadas em silêncio.

Aos meus amados pais, Miguel Salvador de Assis e Maria Nilce Soares de Assis, desejo expressar minha profunda gratidão por terem sido os pilares essenciais na minha jornada educacional e pessoal. Eles não apenas me proporcionaram acesso à educação, mas também cultivaram em mim os verdadeiros valores que transcendem os muros da sala de aula. Desde cedo, me ensinaram que a verdadeira educação não se limita ao conhecimento acadêmico, mas abrange a formação integral do ser humano, incluindo o desenvolvimento do caráter e a construção de valores éticos. Se hoje posso aspirar a ser uma pessoa melhor, mais compassiva e ética, é porque fui abençoada por ter pais tão dedicados e exemplares. Sou eternamente grata por suas lições de vida, que continuarão a guiar meus passos ao longo de toda a minha jornada.

Ao meu esposo Mario Francisco Moura que soube ser paciente e compreensivo, estando ao meu lado durante toda a trajetória.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado.

À Embrapa Gado de Corte, ao Programa Embrapa de Melhoramento de Bovinos de Corte – Geneplus e à Associação Brasileira dos Pecuaristas Senepol – ABCB Senepol, pela disponibilização do banco de dados.

Ao meu orientador Prof. Dr. Idalmo Garcia Pereira por sua contribuição em minha formação profissional e pessoal. Agradeço também por todas as oportunidades e ensinamentos.

Ao Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes pela parceria, coorientação e ensinamentos.

Ao Prof. Dr. Leandro Sâmia Lopes por todo auxílio, apoio e coorientação durante o doutorado.

Aos membros da banca de defesa, Profa. Dra. Giovanna Faria de Moraes, Profa. Dra. Joana Ribeiro da Glória, Profa. Dra. Leila Genova Gaya e Profa. Dra. Sarah Laguna Conceição Meirelles, expresso minha profunda gratidão por suas valiosas contribuições e sugestões que foram essenciais para a realização e aprimoramento deste trabalho.

Aos professores do doutorado da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), do mestrado da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) e da

graduação do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sudeste de Minas – Campus Rio Pomba, que muito contribuíram para minha formação profissional e pessoal.

Aos colegas do Laboratório de Análises de dados (LADA) da Escola de Veterinária da UFMG por toda troca de conhecimento e momentos de descontração. Em especial, à Fernando dos Santos Magaço, Íris Assis Aganete, Gabriela Canabrava Gouveia, Virgínia Mara Pereira Ribeiro e Mariana Mamedes de Moraes, pela colaboração durante estudos, pelos bons momentos e trocas de experiências pessoais e profissionais.

A todos os colegas da área de genética e melhoramento animal que de alguma forma contribuíram com a realização deste estudo. E também, agradeço a todos os amigos que ganhei durante minha caminhada por Belo Horizonte, Minas Gerais.

Ao Prof. Dr. José Miguel Ortega por ter disponibilizado os recursos computacionais necessários para realização das análises. Agradeço imensamente por todos os ensinamentos e por não ter medido esforços para a realização das análises.

Aos meus queridos irmãos Kleiton Soares de Assis e Cristiane Soares de Assis, por todo companheirismo, conselhos, compreensão e amor.

À minha afilhada Elisa por todo amor e momentos de descontração. Dindinha te ama.

Aos meus sobrinhos Lucas e Emanuel por todo carinho.

Muito obrigada!

“A ciência é a busca da verdade. É a ferramenta que nos permite transformar sonhos em realidade.”

Carl Sagan

RESUMO

A compreensão da arquitetura genética de características de eficiência alimentar e sua relação com outras características de interesse econômico, como características de carcaça e qualidade da carne, poderá promover benefícios sustentáveis à atividade da pecuária de corte. Foram avaliados dados de 42.251 bovinos Senepol, fêmeas e machos (castrados e não castrados). Analisou-se as características: consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR). Estimou-se os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas com aplicação do BLUP convencional e ssGBLUP genômico, validando-se o uso de informações genômicas na predição genética das características em estudo por meio de uma análise de regressão linear (RL). Os valores genéticos e as soluções *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) foram obtidos por meio do método ssGBLUP genômico. Dos 42.251 bovinos, 4.419 bovinos genotipados foram utilizados em estudos de associação genômica ampla para identificar janelas genômicas que explicam ao menos 1% da variância genética para as características em estudo. A anotação dos genes candidatos posicionais foi realizada pelo pacote GALLO/R. Para identificar os genes candidatos funcionais (FCG), adotou-se uma abordagem de biologia de sistemas, utilizando *software* como GUILDify e ToppGene. As estimativas de herdabilidade, obtidas pelos métodos BLUP e ssGBLUP genômico foram consistentes para a maioria das características. As correlações genéticas obtidas pelo ssGBLUP genômico, de modo geral, apresentaram um decréscimo, contudo não se observou diferença devido à sobreposição dos intervalos de alta densidade. As acurácias de predição obtidas por meio do método ssGBLUP genômico foram, em sua maioria, superiores que para BLUP, portanto a inclusão de informações genômicas propiciou uma melhoria nas acurácias de predição. Oito FCGs foram compartilhados entre, ao menos, duas características, sugerindo possível controle simultâneo das características correlacionadas. A identificação de regiões genômicas e seus respectivos genes pode permitir a compreensão da arquitetura genética do CAR em bovinos Senepol. Esses resultados são promissores para a atividade da pecuária de corte, pois podem servir de guias para avaliar a arquitetura genética de características de eficiência alimentar e sua relação com outras características de interesse econômico, avaliadas em diferentes ambientes.

Palavras chaves: Arquitetura genética, GWAS, Pleiotropia, Taurino.

ABSTRACT

Understanding the genetic architecture of feed efficiency traits and their relationship with other traits of economic interest, with carcass traits and meat quality, may promote sustainable benefits to beef cattle farming activities. Data from 42,251 Senepol cattle, females and males (castrated and non-castrated) were evaluated. The following characteristics were analyzed: residual food intake (RFI), dry matter intake (DMI), rib eye area (REA), subcutaneous fat thickness (SFT) and marbling (MAR). The components of (co)variance, heritabilities and genetic correlations were estimated using conventional BLUP and genomic ssGBLUP, validating the use of genomic information in the genetic prediction of the characteristics under study through linear regression analysis (RL). Genetic values and *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) solutions were obtained using the genomic ssGBLUP method. Of the 42,251 cattle, 4,419 genotyped cattle were used in genome-wide association studies to identify genomic windows that explain at least 1% of the genetic variance for the traits under study. The annotation of positional candidate genes was performed using the GALLO/R package. To identify functional candidate genes (FCG), a systems biology approach was adopted, using software such as GUILDify and ToppGene. The heritability estimates obtained by the BLUP and genomic ssGBLUP methods were consistent for most traits. The genetic correlations obtained by genomic ssGBLUP, in general, showed a decrease, however no difference was observed due to the overlap of high-density intervals. The prediction accuracies obtained using the genomic ssGBLUP method were, for the most part, higher than for BLUP, therefore the inclusion of genomic information provided an improvement in prediction accuracies. Eight FCGs were shared between at least two traits, suggesting possible simultaneous control of correlated traits. The identification of genomic regions and their respective genes can allow understanding the genetic architecture of RFI in Senepol cattle. These results are promising for beef cattle farming, as they can serve as guides to evaluate the genetic architecture of feed efficiency traits and their relationship with other traits of economic interest, evaluated in different environments.

Keywords: GWAS, Pleiotropy, Sustainability, Taurus.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

ARTIGO 2. Detecção de regiões genômicas associadas a características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne em bovinos Senepol

Figura 1- Gráficos de Manhattan para porcentagem de variância explicada por janelas genômicas (SNPs adjacentes de 0,5 Mb) para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e m e marmoreio (MAR).....64

Figura 2 - Genes candidatos posicionais e funcionais para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR) avaliados em bovinos Senepol.....66

LISTA DE TABELAS

REVISÃO DE LITERATURA

Tabela 1 - Definição das características indicadoras de eficiência alimentar 20

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos para medidas de eficiência alimentar em Bovinos..... 23

ARTIGO 1. Parâmetros genéticos e validação de previsões genômicas GBLUP de etapa única para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em bovinos Senepol

Tabela 1 - Estatísticas descritivas de características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne em bovinos Senepol 41

Tabela 2 - Médias posteriores e intervalos de alta densidade posterior com 90% das amostras (entre parênteses) para variância genética aditiva, variância residual e herdabilidade de características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em bovinos Senepol obtidas através de análises unicaracterísticas, bicaracterísticas e multicaracterísticas (oriundas de análises bicaracterísticas) por meio de BLUP e ssGBLUP 46

Tabela 3 - Médias posteriores e limites inferior e superior dos intervalos de alta densidade posterior (HPD - 90%) das correlações genéticas aditivas obtidas através de análises multicaracterísticas (oriundas de análises bicaracterísticas) por meio de BLUP (acima da diagonal) e ssGBLUP (abaixo da diagonal) 47

Tabela 4 - Estatísticas de validação de regressão linear (RL) para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em análises bicaracterísticas usando os métodos BLUP e ssGBLUP 48

ARTIGO 2. Detecção de regiões genômicas associadas a características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne em bovinos Senepol

Tabela 1 - Palavras-chave usadas no GUILDify para recuperar a lista treinada de genes para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR) em bovinos Senepol ..63

Tabela 2 - Descrição das janelas genômicas que explicaram ao menos 1% da variância genética aditiva para consumo alimentar residual, consumo de matéria seca, área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea..... 65

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	16
2. REVISÃO DE LITERATURA	18
2.1. Raça Senepol	18
2.2. Medidas de eficiência alimentar	19
2.3. Consumo Alimentar Residual (CAR).....	21
2.4. Parâmetros Genéticos das medidas de eficiência alimentar	22
2.5. Estudos de associação genômica ampla (GWAS).....	25
3. OBJETIVOS	28
3.1 Geral	28
3.2 Específicos.....	28
REFERÊNCIAS	28
Parâmetros genéticos e validação de predições genômicas GBLUP de etapa única para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em bovinos Senepol 37	
1. Introdução.....	39
2. Material e Métodos.....	40
2.1. Características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne	41
2.2. Dados de pedigree e genotípicos	42
2.3. Análise estatística	42
2.4. Análise preditiva.....	43
3. Resultados.....	44
4. Discussão	49
5. Conclusões.....	52
Comitê de Ética	53
Agradecimentos	53
Referências	53

Detecção de regiões genômicas associadas a características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne em bovinos Senepol.....	57
1. Introdução.....	60
2. Material e Métodos.....	60
2.1. Estudo de associação ampla do genoma (GWAS)	61
2.2. Prospecção de genes candidatos.....	62
3. Resultados.....	64
4. Discussão	67
5. Conclusões.....	71
Comitê de Ética	71
Agradecimentos.....	71
Referências	71
CONSIDERAÇÕES FINAIS	76

1. INTRODUÇÃO GERAL

O mercado consumidor de proteína de origem animal está em expansão e cada vez mais exigente, preocupado com o meio ambiente, buscando produtos sustentáveis e que tenham qualidade nutritiva. A seleção para características economicamente importantes obtidas em idades jovens poderá promover benefícios sustentáveis à cadeia produtiva. Desse modo, visando atender as exigências do mercado consumidor, diversos estudos têm direcionado seus esforços para identificar e selecionar animais mais eficientes no uso dos alimentos, com melhor desempenho produtivo e qualidade da carcaça e de carne. Isso requer dos Programas de Melhoramento o emprego de estudos que propiciem a compreensão de tais características (Lorenz, 2013). Dentre os diferentes métodos de seleção despontam: a seleção através do método *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) via equações de modelos mistos (Piepho et al., 2008), baseado no fenótipo e no pedigree, e a metodologia *single-step genomic Best Linear Unbiased Prediction* (ssGBLUP), com o uso de dados fenotípicos, genotípicos e de pedigree.

O ssGBLUP tem se mostrado promissor proporcionando uma melhora da acurácia das estimativas de parâmetros genéticos, como herdabilidade e correlação genética, para características complexas, controladas por múltiplos genes, e de difícil mensuração. Algumas características são medidas apenas no *post-mortem* (Gordo et al., 2018), outras, como eficiência alimentar, apresentam custo elevado de obtenção (Bolormaa et al., 2013). É neste contexto que o uso das tecnologias ômicas tem se destacado, pois fornecem importantes informações biológicas para elucidar a arquitetura genética de características complexas, permitindo melhorar as características economicamente importantes.

Ainda que estudos de associação do genoma (GWAS) permitam identificar várias regiões cromossômicas que afetam as características economicamente importantes (Ahlberg et al., 2014; Tizioto et al., 2013, 2015), é incipiente a identificação de genes candidatos funcionais (FCG). A integração de diferentes tecnologias ômicas, como GWAS e transcriptômica, tem contribuído para a identificação FCG, os principais reguladores de processos biológicos e vias ligadas à variabilidade da característica, como metabolismo de lipídeos e proteínas, transporte de íons associados a características economicamente importantes (Olivieri et al., 2016; Duarte et al., 2019). A identificação de FCGs envolvidos nos mecanismos regulatórios e genômicos de características economicamente importantes poderá contribuir na seleção de animais geneticamente superiores.

Na literatura há diversos estudos que relatam componentes de variância e herdabilidade para características economicamente importantes e a correlação existente entre elas (Moraes et

al., 2017; Martins, 2018; Novo et al., 2021; Oliveira, 2022). Os estudos do efeito do consumo alimentar residual (CAR) sobre características de carcaça e qualidade da carne são controversos. As correlações genéticas relatadas na literatura entre CAR e deposição de gordura na carcaça apresentam valores de baixa a média magnitude (Crowley et al., 2010; Mao et al., 2013; Santana et al., 2014; Ceacero et al., 2016; Moraes et al., 2019; Oliveira, 2022). Segundo Lima et al. (2013) animais mais eficientes apresentam menor deposição de gordura. As diferenças nos valores das estimativas das correlações genéticas entre CAR e deposição de gordura da carcaça podem ser decorrentes das diferentes raças em estudo e das diferenças na determinação da gordura da carcaça. O estudo da relação existente entre a eficiência alimentar e as alterações relacionadas as características carcaça e de qualidade da carne, torna importante a identificação de genes atuantes nestes processos, genes possivelmente pleiotrópicos.

A identificação de genes possivelmente pleiotrópicos tem sido realizada através de GWAS, que consiste na combinação de informações de fenótipos, pedigree e de genótipos, buscando-se identificar regiões do genoma ou genes com maior efeito sobre a expressão fenotípica de características de interesse (Liu et al., 2013; Ponsuksili et al., 2014). A identificação de genes com maior efeito sobre a expressão fenotípica de características relacionadas a eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne poderá permitir melhor compreensão da arquitetura genética e dos processos biológicos compartilhados entre tais características. Além disso, a identificação de FCGs envolvidos nos mecanismos regulatórios e genômicos de características economicamente importantes poderá ser utilizada pelos programas de melhoramento genético para a escolha de critérios de seleção e composição de índices de seleção que maximizem o ganho genético.

Na expectativa de contribuir para a seleção de animais geneticamente superiores e promover benefícios sustentáveis e econômicos ao sistema de produção de carne bovina, os objetivos deste estudo foram validar o uso de informações genômicas na predição genética, identificar FCGs para as características relacionadas à eficiência alimentar, à carcaça e à qualidade da carne; assim como, identificar possíveis genes reguladores para o efeito pleiotrópico associado às características avaliadas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Raça Senepol

Nos anos de 1800, na ilha caribenha de Saint Croix, Ilhas Virgens, bovinos da raça N'Dama foram importados do Senegal, Oeste africano. O *Bos Taurus* N'Dama foi introduzido no Caribe devido à sua resistência ao calor, à parasitas e às doenças, e pela sua capacidade de sobrevivência em regiões com déficit de pastagem (Silva et al., 2018). A família Neltropp, residente na Ilhas Virgens, detentora de um rebanho puro da raça N'Dama, tinha como objetivo melhorar a raça bovina, conferindo melhor desempenho produtivo e tolerância às condições locais. Em 1918, após uma viagem à Trindad, a família Neltropp introduziu características genéticas da raça Red Poll ao seu rebanho, visando aprimorar a habilidade materna, fertilidade e desenvolver animais mochos, de temperamento dócil e com melhor conformação frigorífica (Okamura, 2015). O acasalamento entre touro Red Poll e vacas N'Dama produziu animais de desempenhos superiores, e orientou a criação da raça Senepol – “Sene”, de origem senegalesa, e “pol”, de Red Poll (Paula, 2014).

Na década de 1950, a raça Senepol já havia se espalhado por ilha caribenha e foi oficialmente reconhecida em Porto Rico e nos Estados Unidos da América (EUA) como “Saint Croix Senepol” (Okamura, 2015). Na década de 1970, um lote da raça Senepol, constituído por 22 animais, chegou ao continente americano (EUA), e neste país, devido às instituições de pesquisa e ao trabalho de criadores, a raça alcançou um importante desenvolvimento (Menezes et al., 2014). Atualmente, a raça Senepol é reconhecida mundialmente pela performance de seus rebanhos destinados à produção de carne em regiões tropicais, e está presente em países de todos os continentes (Okamura, 2015).

A chegada do Senepol ao Brasil data dos anos 2000, e desde então tem evoluído geneticamente (Menezes et al., 2016). Em 2010 foi instituído o Programa de Melhoramento Genético da Raça Senepol (PMGS), Programa Geneplus – Senepol, uma parceria entre a Embrapa Gado de Corte e a Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol (ABCB SENEPOL). O PMGS tem como objetivo identificar bovinos geneticamente superiores com boa adaptabilidade a ambientes tropicais que possam contribuir para o aprimoramento de características relacionadas à conformação frigorífica e qualidade da carne (Guimarães et al., 2017).

O Brasil se destaca por possuir o maior rebanho Senepol do mundo, e o PMGS é reconhecido por ser o detentor do maior banco de dados da raça no mundo, proveniente de 172 criatórios. O PMGS conta com 7.188 amostras genotipadas em seu acervo. Após análise pelo

Conselho Deliberativo Técnico, as características AOL, EGS e MAR passaram a constituir o índice de seleção, visando a atender a demanda do mercado por carne de qualidade. Vale ressaltar também que o Senepol se destaca mais uma vez como pioneiro, sendo a primeira raça a incorporar o CAR em seu índice de seleção, com mais de 6.000 animais avaliados para esta característica. Tal inclusão contribuirá para a obtenção de bovinos mais eficientes na transformação do alimento em carne (ABCB SENEPOL, 2023).

2.2. Medidas de eficiência alimentar

A sustentabilidade refere-se às “práticas que permitem garantir os direitos do homem, satisfazendo as necessidades presentes e futuras, sem causar danos irreversíveis no ecossistema e sem comprometer o futuro das gerações vindouras” (APN, 2017). É neste contexto que a melhoria da eficiência alimentar vem se destacando como uma estratégia para atender as demandas de um mercado consumidor de proteína de origem animal cada vez mais exigente, atento à sustentabilidade e a qualidade nutritiva dos produtos, para tanto faz-se necessário identificar e selecionar animais mais eficientes no uso dos alimentos. Identificar e selecionar animais mais eficientes no uso dos alimentos poderá proporcionar benefícios produtivos, sociais e econômicos à indústria animal. Assim, poderá ser obtido maior produção de carne por área, acarretando na otimização da eficiência do uso da terra e dos recursos e, conseqüentemente, redução do impacto ambiental. Ainda, os custos com alimentação poderão ser reduzidos, promovendo a elevação do lucro geral da produção animal (Salleh et al., 2017). Portanto, melhorar a capacidade dos animais em converter o alimento ingerido em produto final, ou seja, melhorar a eficiência alimentar, é essencial para promover a intensificação sustentável da produção animal.

A eficiência alimentar refere-se a habilidade de transformar o material ingerido em produto final, combinando as características de *inputs* (consumo de matéria seca – CMS) e *outputs* (ganho médio diário em peso – GMD e peso vivo metabólico $PV^{0,75}$) (Grion, 2012). Na literatura são descritas diferentes medidas da eficiência no uso dos nutrientes pelos animais, como taxa de kleiber (TK), conversão alimentar (CA), taxa de crescimento relativo (TCR), consumo alimentar residual (CAR), ganho em peso residual (GPR) e consumo e ganho residual (CGR) (Tabela 1), as quais podem ser classificadas em: medidas de ração ou medidas de características residuais (Berry e Crowley, 2013).

A seleção para eficiência alimentar com base em características indicadoras calculadas através de uma ração, como TK, CA e TCR são baseadas em informações de consumo e

pesagens (Grion et al., 2014) e podem estar confundidas com padrões de maturidade dos animais, o que pode acarretar em importante incremento do consumo e do tamanho dos animais (Herd et al., 2003; Arthur e Herd, 2005) e, conseqüentemente, afetar a reprodução e a viabilidade da atividade. Diferentes estudos estimaram correlação fenotípica de -0,67, -0,69 e correlação genética -0,86, -0,59 entre ganho de peso e conversão alimentar (Robinson e Oddy, 2004; Nkrumah et al., 2007) evidenciando a alta correlação dessa característica com aspectos de produção.

Tabela 1 - Definição das características indicadoras de eficiência alimentar

Referência	Sigla/Unidade	Cálculo	Definição
Kleiber (1936)	TK, kg ganho/kg PV ^{0,75}	$100 \times \left(\frac{GMD}{PV^{0,75}} \right)$	GMD proporcional a cada kg de peso metabólico
Brody (1945)	CA, kg MS/kg ganho	$\frac{CMS}{GMD}$	Quantidade de alimento ingerido para cada kg de ganho
Koch et al. (1963)	CAR, kg MS/dia	$CMS - CMS_e$	Diferença entre CMS observado e o estimado com base no GMD e PM ^{0,75}
Koch et al. (1963)	GPR, kg ganho/dia	$GMD - GMD_e$	Diferença entre GMD observado e o estimado com base no CMS e PM ^{0,75}
Fitzhugh e Taylor (1971)	TCR, kg PV/dia	$100 \times \left\{ \frac{(\log PV_f - \log PV_i)}{Duração\ do\ teste} \right\}$	Potencial de crescimento relativo à maturidade
Crowley et al. (2011)	CGR	$GRP + [(-1) \times CAR]$	Índice simples envolvendo o CAR e GPR, corrigidos para variância 1

CA: conversão alimentar; CAR: consumo alimentar residual; CGR: consumo e ganho residual; CMS: consumo de matéria seca; CMS_e: consumo de matéria seca estimado; GMD: ganho médio diário em peso; GMD_e: ganho médio diário em peso estimado; GPR: ganho em peso residual; MS: matéria seca; PV^{0,75}: peso vivo metabólico; PV_f: peso vivo final; PV_i: peso vivo inicial; TCR: taxa de crescimento relativo; TK: taxa de kleiber

Fonte: Adaptado de (Grion et al., 2014).

Portanto, a seleção para características de eficiência alimentar calculadas através de uma razão poderá acarretar em elevadas taxas de crescimento, maior tamanho à idade adulta e aumento das exigências de manutenção (Crews et al., 2006), indo em direção contrária do principal objetivo da seleção para melhor eficiência alimentar.

As medidas de características residuais são calculadas por meio da diferença entre seus componentes. Koch et al. (1963) propuseram o CAR definido pelos resíduos de uma regressão de consumo de matéria seca em ganho médio diário (GMD) e peso metabólico (peso corporal elevado a 0,75) na metade do período de uma prova de eficiência (Crowley et al., 2010). Animais CAR negativo são os mais eficientes, pois eles têm menor consumo de matéria seca do que o esperado para um animal com o ganho de peso observado. Berry e Crowley (2012) relataram a inexistência de correlação entre CAR e ganho médio, o que colocaria no ranking dos animais mais eficientes aqueles com crescimento mais lento. Ante o exposto, os autores propuseram o CGR, uma combinação do CAR e do GPR, padronizaram as duas características para obter a mesma variância e, após inverter o sinal do CAR, somaram as duas características. Segundo Koch et al. (1963) o GPR consiste nos resíduos de uma regressão do GMD em CMS e $PV^{0,75}$. Assim, animais CGR positivo são os animais mais eficientes. O CGR propicia identificar animais que com maior ganho médio diário com consumo proporcionalmente, menor que o esperado.

Dentre as medidas de características residuais o CAR é a medida mais estudada em diferentes espécies de animais de produção. O CAR se destaca como um importante índice de eficiência alimentar, pois propicia a comparação do CMS pelos animais independentemente das diferenças de tamanho ou da taxa de crescimento dos mesmos.

2.3. Consumo Alimentar Residual (CAR)

O Consumo Alimentar Residual (CAR) pode ser definido como o resíduo obtido através da diferença entre o consumo observado (consumo real) e o consumo estimado para um mesmo nível de produção (Koch et al., 1963). Os autores propuseram uma correção do consumo alimentar para o peso do animal (manutenção) e o ganho em peso (produção), e definiram o CAR como o resíduo obtido da diferença entre o consumo observado e o consumo estimado em função do peso vivo metabólico ($PV^{0,75}$) e do GMD.

O CAR se destaca por ser um índice de eficiência alimentar que é fenotipicamente independente do peso corporal e da taxa de crescimento do animal (Archer et al., 2002). O

CAR é obtido via cálculo por meio de equação de regressão linear do consumo de matéria seca (CMS, kg/dia) em função do peso vivo metabólico (PVM, kg) e do ganho médio diário (GMD, kg/dia) (Sainz et al., 2006). O modelo estatístico proposto para se estimar o CAR pode ser apresentado como segue:

$$CMS_{est} = \beta_0 + \beta_1(PV_i^{0,75}) + \beta_2(GMD_i) + \varepsilon_{(CAR)_i},$$

onde: CMS_{est} , representa o consumo de matéria seca estimado; β_0 ; β_1 e β_2 : representam o efeito do peso, o intercepto, o peso vivo metabólico e efeito do ganho médio diário, respectivamente; $PV_i^{0,75}$: o peso vivo metabólico; GMD_i : o ganho médio diário; e $\varepsilon_{(CAR)_i}$: o resíduo aleatório que representa o consumo alimentar residual.

A equação descrita acima permite calcular o consumo estimado, ou seja, a quantidade de alimento necessária para produzir uma unidade de produto e manter uma unidade de peso vivo metabólico. O resíduo obtido pela equação (CAR) é a diferença entre o consumo observado e o estimado pela equação. Portanto, animais considerados eficientes apresentam CAR negativo, pois consomem menos do que o esperado para o mesmo ganho em peso, enquanto que os animais menos eficientes, CAR positivo, apresentam um consumo observado maior que o esperado (Sainz et al., 2006). Nesse sentido, animais com mesmo GMD podem apresentar variação no consumo de alimentos, abaixo ou acima do esperado.

Animais eficientes apresentam consumo de matéria seca observado menor que o consumo de matéria seca estimado. Diferentes trabalhos com bovinos relataram diferenças no CMS entre animais baixo e alto CAR, com valores entre 4% (Polizel Neto et al., 2014) e 15,3% (Castro Bulle et al., 2007). Portanto, a seleção para CAR permite identificar e selecionar animais mais eficientes no uso dos alimentos, com menor consumo e exigências de manutenção sem que ocorram alterações no peso adulto ou o ganho de peso do animal (Mota et al., 2013). Para que o objetivo da seleção seja alcançado é preciso considerar a correlação genética do CAR, assim como das demais medidas de eficiência alimentar, com outras características de importância econômica, como desempenho reprodutivo e qualidade de carcaça e carne (Santana et al., 2014; Ceacero et al., 2016; Grigoletto et al., 2017; Polizel et al., 2018).

2.4. Parâmetros Genéticos das medidas de eficiência alimentar

Em geral, as medidas de eficiência alimentar apresentam variabilidade genética, podendo ser empregadas na identificação e seleção de animais mais eficientes no uso dos alimentos. Na última década vários trabalhos com bovinos foram publicados com estimativas

de parâmetros genéticos de medidas de eficiência alimentar (Tabela 2). As estimativas de herdabilidade para CAR em bovinos variaram de 0,12 (Martin et al., 2019) a 0,33 (Grion et al., 2014). São escassos na literatura trabalhos com estimativas de parâmetros genéticos para GPR e CGR, na Tabela 2 são apresentados relataram valores de herdabilidade para GPR e CGR oscilando de 0,12 (Grion, 2012) e 0,13 (Novo et al., 2021) para 0,14 (Novo et al., 2021) e 0,19 (Grion et al., 2014) , respectivamente.

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos para medidas de eficiência alimentar em Bovinos

Referência	Raça	N	CAR			GPR			CGR		
			σ_a^2	σ_e^2	h^2	σ_a^2	σ_e^2	h^2	σ_a^2	σ_e^2	h^2
Grion (2012)	Nelore	712	0,033	0,158	0,17	0,001	0,007	0,12	0,040	0,203	0,17
Grion et al. (2014)	Nelore	678	0,044	0,089	0,33	0,001	0,007	0,13	0,597	2,60	0,19
Polizel et al. (2018)	Nelore	2.058			0,28						
Martin et al. (2019)	Charolês	584			0,12						
Moraes et al. (2019)	Nelore	945	0,75	1,48	0,33						
Novo et al. (2021)	Senepol	1.393			0,20			0,14			0,13
Pereira et al. (2021)	Guzerá	646	0,06	0,35	0,15						
Oliveira (2022)	Senepol	530	0,08	0,39	0,16						
Gomes et al. (2023)	Nelore	7.808	0,12	0,42	0,22						

N: número observado; CAR: consumo alimentar residual; CGR: consumo e ganho residual; GPR: ganho em peso residual; TCA: taxa de conversão alimentar; h^2 : herdabilidade; σ_a^2 , σ_e^2 : variância genética aditiva e residual, respectivamente

As diferenças nas estimativas de herdabilidades relatadas na literatura, possivelmente, são devidas às diferentes populações em estudo, raças, linhagens, sexo, diferentes metodologias empregadas na estimativa de componentes da variância, variações nos ambientes em que cada população está inserida (Nkrumah et al., 2007). Além disso, as estimativas de herdabilidade podem ser afetadas pelas variáveis utilizadas na estimação do consumo que são empregadas no cálculo do CAR (Rolf et al., 2012). Ainda, as estimativas de herdabilidade para eficiência alimentar, encontradas na literatura, sugerem haver variabilidade genética suficiente para o

alcance do ganho genético via seleção, podendo ser empregadas por programas de melhoramento genético animal.

Os programas de melhoramento genético animal enfrentam o grande desafio de escolher dentre as medidas de eficiência alimentar propostas na literatura a que será implementada como critério de seleção. Portanto, é necessário analisar a variabilidade genética dessas medidas e o impacto da seleção para eficiência alimentar sobre as características economicamente importantes, como características de produção de qualidade de carcaça/carne.

A seleção para eficiência alimentar propicia identificar e selecionar animais mais eficientes no uso dos alimentos, com menor consumo e exigências de manutenção. Entretanto, é de suma importância compreender as relações entre eficiência alimentar e características economicamente importantes e o impacto da seleção sobre tais características. Diferentes estudos com bovinos buscaram compreender as relações entre eficiência alimentar e o comportamento alimentar de bovinos, e os resultados se mostram bastante divergentes. Essa divergência pode ocorrer devido à raça e ao delineamento do estudo, variando de moderadamente negativo ($r_g = -0,31$ para touros Angus e $r_g = -0,51$ para touros Hereford, Kayser e Hill, 2013), nulo (Lancaster et al., 2009; Durunna et al., 2011) a positivo ($r_g = 0,14$, Robinson e Oddy, 2004; $r_g = 0,45$, Benfica et al., 2020). Tais resultados sugerem que a população e a alimentação afetam as relações entre a eficiência alimentar e as características de comportamento alimentar.

A seleção baseada somente em CAR poderá afetar negativamente a composição corporal e, conseqüentemente, poderá reduzir o benefício econômico (Santana et al., 2014; Ceacero et al., 2016). Os autores avaliando touros jovens da raça Nelore relataram correlações genéticas positivas entre CAR e espessura de gordura subcutânea (EGS), de 0,02 e $0,33 \pm 0,19$, respectivamente, e correlações genéticas nulas/negativas entre CAR e área de olho de lombo (AOL), de -0,38 e $0,00 \pm 0,16$. Sugerem assim, que animais mais eficientes no uso dos alimentos apresentam carcaças mais magras, com menor acabamento de gordura, teor gordura intramuscular e teor de gordura na cavidade abdominal (Archer et al., 1999; Basarab et al., 2003; Herd et al., 2003; Robinson e Oddy, 2004).

Na literatura há diferentes estudos que corroboram com o fato de que há diferença na composição de AOL e EGS entre bovinos alto e baixo CAR (Almeida, 2005). Santana et al. (2012), em experimentos com bovinos Nelore, observaram que animais mais eficientes no uso dos alimentos, ou seja, animais CAR negativos, apresentaram menor EGS e maior AOL em comparação aos animais CAR positivos, indicando que animais mais eficientes apresentam

maior conteúdo de proteínas, com menores teores de gordura. Moraes et al. (2019) refutaram os achados anteriores ao relatar não haver diferença significativa para espessura de gordura do lombo e da garupa.

Na atualidade, é crescente o número de pesquisas que visam compreender as consequências da seleção para eficiência alimentar sobre características de desempenho produtivo e qualidade carcaça/carne. Para sanar as lacunas no conhecimento, diversos trabalhos têm empregado análises genômicas com o objetivo de melhorar as estimativas do mérito genético, identificar genes ou regiões candidatas associadas a eficiência alimentar (Seabury et al., 2017; Martin et al., 2019), bem como para melhor compreender a arquitetura genética associada a características economicamente importantes (Fang et al., 2020; Ariel et al., 2021) e suas associações com outras características (Ding et al., 2018).

2.5. Estudos de associação genômica ampla (GWAS)

Ao longo dos anos a humanidade foi fortemente impactada pelo desenvolvimento de diferentes biotecnologias. O desenvolvimento de técnicas de genética molecular e o sequenciamento do genoma bovino fomentaram a realização de diversos trabalhos sobre a aplicação de dados genômicos no melhoramento genético de bovinos e permitiram identificar marcadores moleculares, destacando-se os SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) (Silva et al., 2013). SNPs representam a classe mais abundante de sítios polimórficos em qualquer genoma. Estima-se que há, aproximadamente, 10 milhões destes polimorfismos no genoma humano e bovino (Weiner e Hudson, 2002). Devido a apresentar taxa de mutação relativamente baixa e custo de genotipagem relativamente baixo, os marcadores do tipo SNP vêm sendo usados para realização de estudos de GWAS.

Estudos de GWAS, de modo geral, tem como objetivo identificar associações entre variantes em locis genômicos e características complexas, as quais são controladas por múltiplos genes (Visscher et al., 2017), com a finalidade de identificar as regiões genômicas e compreender suas funções biológicas. A identificação de regiões candidatas poderá contribuir para os programas de melhoramento através da seleção genômica (GS), com foco nas regiões genômicas mais relevantes. Diferentes abordagens metodológicas de GWAS fazem a integração dados de genótipos, fenótipos e de pedigree, e seus resultados ajudam a compreender a variação genética aditiva das características de interesse (Sharma et al., 2015; Schmid e Bennewitz, 2017). O GWAS avalia a associação entre cada SNP com a característica de interesse, nesse sentido, há associação significativa quando o marcador molecular está em

desequilíbrio de ligação (DL) com a mutação causal que afeta a característica (Hayes e Goddard, 2010).

Sabe-se que, em sua maioria, as características economicamente importantes são de natureza quantitativa, influenciadas por vários genes, distribuídos em vários locis ao longo de todo o genoma (Martins, 2020). Além disso, os genes que controlam essas características atuam de diferentes formas e com diferentes intensidades de efeitos, podendo ser pequenos ou grandes. Neste contexto, estudos de GWAS que visam identificar QTLs (*Quantitative trait loci*) e genes candidatos (genes principais) podem auxiliar programas de seleção, considerando que buscam por genes e marcadores relacionados com a expressão fenotípica das características de interesse econômico (Utsunomiya et al., 2013).

Na literatura é crescente e relevante o número de estudos de GWAS realizados com diferentes raças e populações de bovinos que buscam compreender os mecanismos genéticos que regulam características de interesse econômico, como qualidade de carne e eficiência alimentar. A eficiência alimentar é uma característica complexa controlada por muitos genes. Diversos autores buscam compreender quais são os genes candidatos envolvidos nos processos fisiológicos associados a esta característica, bem como conhecer os fatores responsáveis por provocar variação genética entre os animais. Oliveira et al. (2014), em estudos de eficiência alimentar em bovinos Nelore, detectaram 36 regiões genômicas que explicaram mais de 1% da variância, divididas em 21 cromossomos, e estes explicaram entre 0,5 e 9,07% da variância genética. Rolf et al. (2012) identificaram 66 polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) que explicaram 30% da variância genética do CAR, e abrangeram genes que influenciam o metabolismo de aminoácidos e lipídios, distúrbios metabólicos, crescimento e morte celular, e transdução de sinal, como cálcio e vias de sinalização de proteínas quinases ativadas por mitogênio (MAPK). De acordo com a literatura os resultados de GWAS e a identificação de gene candidato indicaram que MAPK e a via de sinalização de cálcio, transdução de energia celular e degradação de ácidos graxos (β -oxidação) e hormônio de crescimento são os processos biológicos mais relevantes que afetam a variação na eficiência alimentar de bovinos de corte (Fonseca et al., 2015; Weber et al., 2016; Meale et al., 2017; Seabury et al., 2017).

Em um estudo com animais Angus, Hereford e SimAngus, genotipados com painéis de alta densidade, Seabury et al. (2017), identificaram, em todas as populações, 14 regiões genômicas associadas com as características de CAR, CMS, GMD e peso metabólico. Diferentes estudos de GWAS em bovinos permitiram identificar a associação de importantes regiões genômicas com características de crescimento, principalmente em uma janela genômica

localizada no autossomo *Bos taurus* (BTA) 14, no qual são encontrados importantes genes como TOX, NSMAF, MRPL15, RGS20 e SOX17 (Crispim et al., 2015; Hay e Roberts, 2017; Martínez et al., 2017). Tais genes estão próximos do gene PLAG1, que também foi descrito como gene que afeta as taxas de crescimento de bovinos de corte (Takasuga, 2016; Utsunomiya et al., 2013, 2017).

Uma vez que características de carcaça e de qualidade da carne são medidas tardiamente na vida do animal, normalmente apenas no *post-mortem* (Gordo et al., 2018), o emprego de GWAS em estudos que abordam características de carcaça e de qualidade da carne tem se mostrado como uma alternativa eficaz para aumentar o progresso genético via redução do intervalo de gerações. Diferentes estudos com bovinos de corte identificaram variantes genéticas associadas a características qualidade da carne. Avaliando marmoreio e maciez da carne Magalhães et al. (2016) observaram janelas genômicas que explicaram 3,89% e 3,80% da variância genética aditiva para marmoreio e maciez, respectivamente, essas janelas foram identificadas nos cromossomos 5, 15, 16 e 25 para marmoreio e nos cromossomos 5, 7, 10, 14 e 21 para maciez. Fernandes Júnior et al. (2016), identificaram importantes regiões genômicas localizadas nos cromossomos 5, 7, 8, 10, 12, 20 e 29, que explicaram 8,72% da variância genética aditiva para a área do olho de lombo.

Santiago et al. (2017) em um estudo de GWAS avaliando bovinos Canchim, relataram a associação de diferentes regiões do genoma com área de olho de lombo e com peso ao sobreano. Em um estudo com bovinos Nelore, Medeiros et al. (2017) identificaram regiões genômicas associadas a espessura de gordura subcutânea (EGS) que explicaram 14,86% da variância genética aditiva, abrangendo 42 genes conhecidos e 23 genes não caracterizados. Com base no exposto, é notório que os estudos de GWAS tem colaborado para o entendimento das relações fenotípicas e genéticas das características de crescimento, eficiência alimentar e qualidade da carcaça, bem como para identificar a atuação dos genes nas características em estudo. Entretanto, ainda há carência de estudos que buscam identificar genes que atuam sobre mais de uma característica, ou seja, genes pleiotrópicos, bem como elucidar os processos biológicos envolvidos na expressão e na variabilidade fenotípica dessas características, consequentemente, que permitam determinar o efeito causal e forneça a validação funcional.

3. OBJETIVOS

3.1 Geral

Avaliar o uso de informações genômicas na predição genética, identificar FCGs para as características relacionadas à eficiência alimentar, à carcaça e à qualidade da carne; assim como, identificar possíveis genes reguladores para o efeito pleiotrópico associado às características avaliadas.

3.2 Específicos

- Estimar os parâmetros genéticos para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne, com aplicação do ssGBLUP.

Artigo 1

- Estimar os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne, com aplicação do BLUP convencional e ssGBLUP.
- Validar o uso de informações genômicas na predição genética de características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em Bovinos Senepol.

Artigo 2.

- Estimar as correlações genéticas entre características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne, e identificar genes com efeitos comuns entre as características em estudo.

REFERÊNCIAS

ABCB Senepol – Avaliação Genômica do Senepol Brasileiro ano 2023. Sumário de Touros Senepol 2023. Acessado em 18/03/2024

Associação Portuguesa dos Nutricionistas. Alimentar o futuro: uma reflexão sobre sustentabilidade alimentar. E-book nº 43. Porto: Associação Portuguesa dos Nutricionistas; 2017.

Ahlberg, C. M., Schiermiester, L. N., T., J., Howard, Calkins, C. R., & Spangler, M. L. (2014). Genome wide association study of cholesterol and poly- and monounsaturated fatty

acids, protein, and mineral content of beef from crossbred cattle. *Meat Science*, 98(4), 804–814. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2014.07.030>

Almeida, R. de. (2005). *Consumo e eficiência alimentar de bovinos em crescimento*. Universidade de São Paulo.

Archer, J. A., Reverter, A., Herd, R. M., Johnston, D. J., & Arthur, P. F. (2002). Genetic variation in feed intake and efficiency of mature beef cows and relationships with postweaning measurements. *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 31, 221–224.

Archer, J. A., Richardson, E. C., Herd, R. M., & Arthur, P. F. (1999). Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. *Australian Journal of Agricultural Research*, 50(2), 147–162.

Ariel, O., Brouard, J. S., Marete, A., Miglior, F., Ibeagha-Awemu, E., & Bissonnette, N. (2021). Genome-wide association analysis identified both RNA-seq and DNA variants associated to paratuberculosis in Canadian Holstein cattle ‘in vitro’ experimentally infected macrophages. *BMC Genomics*, 22(1), 1–15. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07487-4>

Arthur, P. F., & Herd, R. M. (2005). Efficiency of feed utilisation by livestock—Implications and benefits of genetic improvement. *Canadian Journal of Animal Science*, 85(3), 281–290.

Basarab, J. A., Price, M. A., Aalhus, J. L., Okine, E. K., Snelling, W. M., & Lyle, K. L. (2003). Residual feed intake and body composition in young growing cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 83(2), 189–204.

Benfica, L. F., Sakamoto, L. S., Magalhães, A. F. B., Oliveira, M. H. V. de, Albuquerque, L. G. de, Cavalheiro, R., Branco, R. H., Cyrillo, J. N. D. S. G., & Mercadante, M. E. Z. (2020). Genetic association among feeding behavior, feed efficiency and growth traits in growing indicine cattle. *Journal of Animal Science*, 98(11).

Berry, D. P., & Crowley, J. J. (2012). Residual intake and body weight gain: A new measure of efficiency in growing cattle. *Journal of Animal Science*, 90(1), 109–115. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4245>

Berry, D. P., & Crowley, J. J. (2013). Cell biology symposium: Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. *Journal of Animal Science*, 91(4), 1594–1613. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5862>

Bolormaa, Sunduimijid, Pryce, J. E., Kemper, K. E., Hayes, B. J., Zhang, Y., Tier, B., Barendse, W., Reverter, A., & Goddard, M. E. (2013). Detection of quantitative trait loci in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle using genome-wide association studies. *Genetics Selection Evolution*, 45(1). <https://doi.org/10.1186/1297-9686-45-43>

Brody, S. (1945). *Bioenergetic and Growth*. New York: Reinhold Publishing Corp.

Castro Bulle, F. C. P., Paulino, P. V., Sanches, A. C., & Sainz, R. D. (2007). Growth, carcass quality, and protein and energy metabolism in beef cattle with different growth potentials and residual feed intakes. *Journal of Animal Science*, 85(4), 928–936.

- Ceacero, T. M., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, J. N. D. S. G., Canesin, R. C., Bonilha, S. F. M., & De Albuquerque, L. G. (2016). Phenotypic and genetic correlations of feed efficiency traits with growth and carcass traits in nellore cattle selected for postweaning weight. *PLoS ONE*, *11*(8), 1–11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0161366>
- Crews, D. H. J., Pas, G. E., Carstens, P., & Lancaster, P. A. (2006). *C Selection S: A Multiple Trait Index Including Feed*. *22*, 65–70.
- Crispim, A. C., Kelly, M. J., Guimarães, S. E. F., E Silva, F. F., Fortes, M. R. S., Wenceslau, R. R., & Moore, S. (2015). Multi-trait GWAS and new candidate genes annotation for growth curve parameters in brahman cattle. *PLoS ONE*, *10*(10), 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0139906>
- Crowley, J. J., Evans, R. D., McHugh, N., Kenny, D. A., McGee, M., Crews, D. H., & Berry, D. P. (2011). Genetic relationships between feed efficiency in growing males and beef cow performance. *Journal of Animal Science*, *89*(11), 3372–3381. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-3835>
- Crowley, J. J., McGee, M., Kenny, D. A., Crews, D. H., Evans, R. D., & Berry, D. P. (2010). Phenotypic and genetic parameters for different measures of feed efficiency in different breeds of Irish performance-tested beef bulls. *Journal of Animal Science*. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-1852>
- Ding, R., Yang, M., Wang, X., Quan, J., Zhuang, Z., Zhou, S., Li, S., Xu, Z., Zheng, E., Cai, G., Liu, D., Huang, W., Yang, J., & Wu, Z. (2018). Genetic architecture of feeding behavior and feed efficiency in a Duroc pig population. *Frontiers in Genetics*, *9*(JUN), 1–11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00220>
- Duarte, D. A. S., Newbold, C. J., Detmann, E., Silva, F. F., Freitas, P. H. F., Veroneze, R., & Duarte, M. S. (2019). Genome-wide association studies pathway-based meta-analysis for residual feed intake in beef cattle. *Animal Genetics*, *50*(2), 150–153. <https://doi.org/10.1111/age.12761>
- Durunna, O. N., Mujibi, F. D. N., Goonewardene, L., Okine, E. K., Basarab, J. A., Wang, Z., & Moore, S. S. (2011). Feed efficiency differences and reranking in beef steers fed grower and finisher diets. *Journal of Animal Science*, *89*(1), 158–167.
- Fang, L., Cai, W., Liu, S., Canela-Xandri, O., Gao, Y., Jiang, J., Rawlik, K., Li, B., Schroeder, S. G., Rosen, B. D., Li, C. J., Sonstegard, T. S., Alexander, L. J., van Tassell, C. P., van Raden, P. M., Cole, J. B., Yu, Y., Zhang, S., Tenesa, A., ... Liu, G. E. (2020). Comprehensive analyses of 723 transcriptomes enhance genetic and biological interpretations for complex traits in cattle. *Genome Research*, *30*(5), 790–801. <https://doi.org/10.1101/gr.250704.119>
- Fernandes Júnior, G. A., Rosa, G. J. M., Valente, B. D., Carvalheiro, R., Baldi, F., Garcia, D. A., Gordo, D. G. M., Espigolan, R., Takada, L., Tonussi, R. L., De Andrade, W. B. F., Magalhães, A. F. B., Chardulo, L. A. L., Tonhati, H., & De Albuquerque, L. G. (2016). Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nellore cattle. *Genetics Selection Evolution*, *48*(1), 1–8. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0188-y>

- Fitzhugh, H. A., & Taylor, C. S. (1971). Genetic analysis of degree of maturity. *Journal of Animal Science*, 33(4), 717–725. <https://doi.org/10.2527/jas1971.334717x>
- Fonseca, L. F. S., Gimenez, D. F. J., Mercadante, M. E. Z., Bonilha, S. F. M., Ferro, J. A., Baldi, F., de Souza, F. R. P., & de Albuquerque, L. G. (2015). Expression of genes related to mitochondrial function in Nelore cattle divergently ranked on residual feed intake. *Molecular Biology Reports*, 42(2), 559–565. <https://doi.org/10.1007/s11033-014-3801-6>
- Gomes, M. M. A., Lôbo, R. B., & Faria, C. U. de. (2023). Genetic correlation between feed efficiency and carcass traits in Nelore cattle in Brazil. *Semina: Ciências Agrárias*, 44(1), 97–112. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2023v44n1p97>
- Gordo, D. G. M., Espigolan, R., Bresolin, T., Júnior, G. A. F., Magalhães, A. F. B., Braz, C. U., Fernandes, W. B., Baldi, F., & Albuquerque, L. G. (2018). Genetic analysis of carcass and meat quality traits in Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, 96(9), 3558–3564. <https://doi.org/10.1093/jas/sky228>
- Grigoletto, L., Perez, B. C., Santana, M. H. A., Baldi, F., & Ferraz, J. B. S. (2017). Genetic contribution of cytoplasmic lineage effect on feed efficiency in Nelore cattle. *Livestock Science*, 198(August 2016), 52–57. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2017.02.009>
- Grion, A. L. (2012). *PARÂMETROS GENÉTICOS DE MEDIDAS INDICADORAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR DE BOVINOS DE CORTE* (Vol. 08). Instituto de Zootecnia.
- Grion, A. L., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, J. N. S. G., Bonilha, S. F. M., Magnani, E., & Branco, R. H. (2014). Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, 92(3), 955–965. <https://doi.org/10.2527/jas2013-6682>
- Guimarães, A. L., Mercadante, M. E. Z., Canesin, R. C., Branco, R. H., Lima, M. L. P., & Cyrillo, J. N. dos S. G. (2017). Phenotypic association between feed efficiency and feeding behavior, growth and carcass traits in Senepol cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 46(1), 47–55. <https://doi.org/10.1590/S1806-92902017000100008>
- Hay, E. H., & Roberts, A. J. (2017). Genomic prediction and genome-wide association analysis of female longevity in a composite beef cattle breed. *Journal of Animal Science*, 95(4), 1467–1471. <https://doi.org/10.2527/jas2016.1355>
- Hayes, B., & Goddard, M. (2010). Genome-wide association and genomic selection in animal breeding. *Genome*, 53(11), 876–883. <https://doi.org/10.1139/G10-076>
- Herd, R. M., Archer, J. A., & Arthur, P. F. (2003). Reducing the cost of beef production through genetic improvement in residual feed intake: Opportunity and challenges to application. *Journal of Animal Science*, 81(13_suppl_1), E9--E17.
- Kayser, W., & Hill, R. A. (2013). Relationship between feed intake, feeding behaviors, performance, and ultrasound carcass measurements in growing purebred Angus and Hereford bulls. *Journal of Animal Science*, 91(11), 5492–5499. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6611>
- Koch, R. M., Swiger, L. A., Chambers, D., & Gregory, K. E. (1963). Efficiency of feed use in

- beef cattle. *Journal of Animal Science*, 22(2), 486–494.
- Lancaster, P. A., Carstens, G. E., Ribeiro, F. R. B., Tedeschi, L. O., & Crews, D. H. (2009). Characterization of feed efficiency traits and relationships with feeding behavior and ultrasound carcass traits in growing bulls. *Journal of Animal Science*, 87(4), 1528–1539. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1352>
- Lima, N. L. L., Pereira, I. G., & Ribeiro, J. do S. (2013). Consumo Alimentar Residual Como Critério De Seleção Para Eficiência Alimentar. *Acta Veterinaria Brasilica*, 7, 255–260.
- Liu, R., Sun, Y., Zhao, G., Wang, F., Wu, D., Zheng, M., Chen, J., Zhang, L., Hu, Y., & Wen, J. (2013). Genome-Wide Association Study Identifies Loci and Candidate Genes for Body Composition and Meat Quality Traits in Beijing-You Chickens. *PLoS ONE*, 8(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061172>
- Lorenz, A. J. (2013). Resource allocation for maximizing prediction accuracy and genetic gain of genomic selection in plant breeding: A simulation experiment. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 3(3), 481–491. <https://doi.org/10.1534/g3.112.004911>
- Magalhães, A. F. B., Camargo, G. M. F. de, Junior Fernandes, G. A., Gordo, D. G. M., Tonussi, R. L., Costa, R. B., Espigolan, R., De Silva, R. M. O., Bresolin, T., De Andrade, W. B. F., Takada, L., Feitosa, F. L. B., Baldi, F., Carvalheiro, R., Chardulo, L. A. L., & De Albuquerque, L. G. (2016). Genome-Wide Association Study of Meat Quality Traits in Nelore Cattle. *PLoS ONE*, 11(6), 1–12. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157845>
- Mao, F., Chen, L., Vinsky, M., Okine, E., Wang, Z., Basarab, J., Crews, J. D. H., & Li, C. (2013). Phenotypic and genetic relationships of feed efficiency with growth performance, ultrasound, and carcass merit traits in Angus and Charolais steers¹. *Journal of Animal Science*, 91(5), 2067–2076. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5470>
- Martin, P., Taussat, S., Vinet, A., Krauss, D., Maupetit, D., & Renand, G. (2019). Genetic parameters and genome-wide association study regarding feed efficiency and slaughter traits in Charolais cows. In *Journal of Animal Science* (Vol. 97, Issue 9, pp. 3684–3698). <https://doi.org/10.1093/jas/skz240>
- Martínez, R., Bejarano, D., Gómez, Y., Dasoneville, R., Jiménez, A., Even, G., Sölkner, J., & Mészáros, G. (2017). Genome-wide association study for birth, weaning and yearling weight in Colombian Brahman cattle. *Genetics and Molecular Biology*, 40(2), 453–459. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2016-0017>
- Martins, R. (2020). *ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) PARA CARACTERÍSTICAS DE CARÇA MENSURADAS POR ULTRASSONOGRÁFIA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE PONTA GROSSA*.
- Martins, T. (2018). *Parâmetros genéticos para características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol*. 58. <https://repositorio.bc.ufg.br/tede/bitstream/tede/9079/5/Dissertação - Taynara Raimundo Martins - 2018.pdf>
- Meale, S. J., Morgavi, D. P., Cassar-Malek, I., Andueza, D., Ortigues-Marty, I., Robins, R. J., Schiphorst, A. M., Laverroux, S., Graulet, B., Boudra, H., & Cantalapiedra-Hijar, G. (2017).

Exploration of Biological Markers of Feed Efficiency in Young Bulls. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 65(45), 9817–9827. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.7b03503>

Medeiros, O. S. R., Stafuzza, N. B., Fragomeni, B. D. O., Ferreira De Camargo, G. M., Ceacero, T. M., Cyrillo, J. N. D. S. G., Baldi, F., Boligon, A. A., Mercadante, M. E. Z., Lourenco, D. L., Misztal, I., & De Albuquerque, L. G. (2017). Genome-wide association study for carcass traits in an experimental nelore cattle population. *PLoS ONE*, 12(1), 1–14. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169860>

Menezes, G. R. de O., Nobre, P. R. C., Torres Junior, R. A. A., Gondo, A., & Silva, L. O. C. da, & Silva, L. N. (2016). *Sumário de touros Senepol Geneplus-Embrapa* (1st ed.). EMBRAPA Gado de Corte.

Menezes, G. R. de O., Silva, L. O. C. da, Nobre, P. R. C., & Torres Júnior, R. A. de A. (2014). In: *SUMÁRIO DE TOUROS SENEPOL – GENEPLUS | EMBRAPA. A raça Senepol*. (pp. 8–10). RICA Soluções.

Moraes, G. F. de, Abreu, L. R. A., Ferreira, I. C., & Pereira, I. G. (2017). Genetic analysis of residual feed intake adjusted for fat and carcass and performance traits in a Nelore herd. *Ciência Rural*, 47(2). <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20151505>

Moraes, G. F., Abreu, L. R. A., Toral, F. L. B., Ferreira, I. C., Ventura, H. T., Bergmann, J. A. G., & Pereira, I. G. (2019). Selection for feed efficiency does not change the selection for growth and carcass traits in Nelore cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 136(6), 464–473. <https://doi.org/10.1111/jbg.12423>

Mota, R. R., Marques, L. F. A., Lopes, P. S., SILVA, L. P. da, Hidalgo, A. M., Leite, C. D. S., & Torres, R. A. (2013). Random regression models in the evaluation of the growth curve of Simbrasil beef cattle. *Genetics and Molecular Research*, 12(1), 528–536.

Nkrumah, J. D., Sherman, E. L., Li, C., Marques, E., Crews, D. H., Bartusiak, R., Murdoch, B., Wang, Z., Basarab, J. A., & Moore, S. S. (2007). Primary genome scan to identify putative quantitative trait loci for feedlot growth rate, feed intake, and feed efficiency of beef cattle. *Journal of Animal Science*, 85(12), 3170–3181.

Novo, L. C., Gondo, A., Gomes, R. C., Fernandes Junior, J. A., Ribas, M. N., Brito, L. F., Laureano, M. M. M., Araújo, C. V., & Menezes, G. R. O. (2021). Genetic parameters for performance, feed efficiency, and carcass traits in Senepol heifers. *Animal*, 15(3). <https://doi.org/10.1016/j.animal.2020.100160>

Okamura, V. (2015). Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree Genetic structure of Senepol breed in Brazil by pedigree analysis Vinicius Okamura Orientador : Dr . Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior Co-orientador : Dr . Gilberto Romeir. *Tese UFMT*.

Oliveira, A. C. de J. (2022). *Análise do Pedigree e Estimativas de Parâmetros Genéticos para Características de Importância Econômica de Bovinos da Raça Senepol*. Universidade Estadual Paulista - UNESP.

Oliveira, P. S., Cesar, A. S., do Nascimento, M. L., Chaves, A. S., Tizioto, P. C., Tullio, R.

- R., Lanna, D. P., Rosa, A. N., Sonstegard, T. S., Mourao, G. B., Reecy, J. M., Garrick, D. J., Mudadu, M. A., Coutinho, L. L., & Regitano, L. C. (2014). Identification of genomic regions associated with feed efficiency in Nelore cattle. *BMC Genetics*, *15*(1), 100. <https://doi.org/10.1186/s12863-014-0100-0>
- Olivieri, B. F., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, J. N. D. S. G., Branco, R. H., Bonilha, S. F. M., De Albuquerque, L. G., De Oliveira Silva, R. M., & Baldi, F. (2016). Genomic regions associated with feed efficiency indicator traits in an experimental nelore cattle population. *PLoS ONE*, *11*(10), 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0164390>
- Paula, D. F. (2014). *Senepol feito para o Brasil* (1st ed.). ABCB Senepol.
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, *161*(1–2), 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Polizel, G. H. G., Grigoletto, L., Carvalho, M. E., Rossi Junior, P., Ferraz, J. B. S., & Santana, M. H. de A. (2018). Genetic correlations and heritability estimates for dry matter intake, weight gain and feed efficiency of Nelore cattle in feedlot. *Livestock Science*, *214*(June), 209–210. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.06.013>
- Polizel Neto, A., Roça, R. O., Branco, R. H., Bonilha, S. M. F., Andrade, E. N., Corvino, T. L. S., & Gomes, H. F. B. (2014). Animal performance, feeding behaviour and carcass traits of feedlot cattle diet fed with agro-industrial by-product as fat source. *Journal of Agricultural Science*, *6*(6), 54.
- Ponsuksili, S., Murani, E., Trakooljul, N., Schwerin, M., & Wimmers, K. (2014). Discovery of candidate genes for muscle traits based on GWAS supported by eQTL-analysis. *International Journal of Biological Sciences*, *10*(3), 327–337. <https://doi.org/10.7150/ijbs.8134>
- Robinson, D. L., & Oddy, V. H. (2004). Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle. *Livestock Production Science*, *90*(2–3), 255–270. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.06.011>
- Rolf, M. M., Taylor, J. F., Schnabel, R. D., McKay, S. D., McClure, M. C., Northcutt, S. L., Kerley, M. S., & Weaber, R. L. (2012). Genome-wide association analysis for feed efficiency in Angus cattle. *Animal Genetics*, *43*(4), 367–374. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02273.x>
- Sainz, R. D., Cruz, G. D., Monteiro, R. B., Rodriguez, J. A., Monteiro, D. B., Guidi, V., & Anaruma, R. J. (2006). Carcass composition and visceral organs are similar at harvest in low- and high-residual feed intake groups of Angus-Hereford steers. *PROCEEDINGS-AMERICAN SOCIETY OF ANIMAL SCIENCE WESTERN SECTION*, *57*, 401.
- Salleh, M. S., Mazzoni, G., Höglund, J. K., Olijhoek, D. W., Lund, P., Løvendahl, P., & Kadarmideen, H. N. (2017). RNA-Seq transcriptomics and pathway analyses reveal potential regulatory genes and molecular mechanisms in high- and low-residual feed intake in Nordic dairy cattle. *BMC Genomics*, *18*(1), 1–17. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3622-9>

- Santana, M. H. A., Oliveira, G. A., Gomes, R. C., Silva, S. L., Leme, P. R., Stella, T. R., Mattos, E. C., Rossi, P., Baldi, F. S., Eler, J. P., & Ferraz, J. B. S. (2014). Genetic parameter estimates for feed efficiency and dry matter intake and their association with growth and carcass traits in Nelore cattle. *Livestock Science*. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.06.002>
- Santana, M. H. A., Rossi, P., Almeida, R., & Cucco, D. C. (2012). Feed efficiency and its correlations with carcass traits measured by ultrasound in Nelore bulls. *Livestock Science*, *145*(1–3), 252–257. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.02.012>
- Santiago, G. G., Siqueira, F., Cardoso, F. F., Regitano, L. C. A., Ventura, R., Sollero, B. P., Souza, M. D., Mokry, F. B., Ferreira, A. B. R., & Torres, R. A. A. (2017). Genomewide association study for production and meat quality traits in Canchim beef cattle. *Journal of Animal Science*, *95*(8), 3381. <https://doi.org/10.2527/jas2017.1570>
- Schmid, M., & Bennewitz, J. (2017). Invited review: Genome-wide association analysis for quantitative traits in livestock - A selective review of statistical models and experimental designs. *Archives Animal Breeding*, *60*(3), 335–346. <https://doi.org/10.5194/aab-60-335-2017>
- Seabury, C. M., Oldeschulte, D. L., Saatchi, M., Beaver, 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. W., Loy, D. D., Marques, E., Neiberger, H. L., Schnabel, R. D., Shike, D. W., ... Taylor, J. F. (2017). Genome-wide association study for feed efficiency and growth traits in U.S. beef cattle. *BMC Genomics*, *18*(1), 1–25. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3754-y>
- Sharma, A., Lee, J. S., Dang, C. G., Sudrajat, P., Kim, H. C., Yeon, S. H., Kang, H. S., & Lee, S. H. (2015). Stories and challenges of genome wide association studies in livestock - a review. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, *28*(10), 1371–1379. <https://doi.org/10.5713/ajas.14.0715>
- Silva, A. L. da, Sato, G. Y. P., Bordin, R. A., & Reis, H. M. G. (2018). A Raça Senepol Como Opção Para Melhoramento Genético Em Adaptabilidade Ao Clima Tropical. *Tekhne e Logos*, *9*, 16–30.
- Silva, F. F., Rocha, G. S., Resende, M. D. V., Guimarães, S. E. F., Peternelli, L. A., Duarte, D. A. S., & Azevedo, C. (2013). Seleção genômica ampla para curvas de crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, *65*(5), 1519–1526. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352013000500033>
- Takasuga, A. (2016). PLAG1 and NCAPG-LCORL in livestock. *Animal Science Journal*, *87*(2), 159–167. <https://doi.org/10.1111/asj.12417>
- Tizioto, P. C., Decker, J. E., Taylor, J. F., Schnabel, R. D., Mudadu, M. A., Silva, F. L., Mourão, G. B., Coutinho, L. L., Tholon, P., Sonstegard, T. S., Rosa, A. N., Alencar, M. M., Tullio, R. R., Medeiros, S. R., Nassu, R. T., Feijó, G. L. D., Silva, L. O. C., Torres, R. A., Siqueira, F., ... Regitano, L. C. A. (2013). Genome scan for meat quality traits in nelore beef cattle. *Physiological Genomics*, *45*(21), 1012–1020. <https://doi.org/10.1152/physiolgenomics.00066.2013>
- Tizioto, Polyana C., Taylor, J. F., Decker, J. E., Gromboni, C. F., Mudadu, M. A., Schnabel,

R. D., Coutinho, L. L., Mourão, G. B., Oliveira, P. S. N., Souza, M. M., Reecy, J. M., Nassu, R. T., Bressani, F. A., Tholon, P., Sonstegard, T. S., Alencar, M. M., Tullio, R. R., Nogueira, A. R. A., & Regitano, L. C. A. (2015). Detection of quantitative trait loci for mineral content of Nelore longissimus dorsi muscle. *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 1–9.
<https://doi.org/10.1186/s12711-014-0083-3>

Utsunomiya, Yuri T., do Carmo, A. S., Carvalheiro, R., Neves, H. H. R., Matos, M. C., Zavarez, L. B., Pérez O'Brien, A. M., Sölkner, J., McEwan, J. C., Cole, J. B., Van Tassell, C. P., Schenkel, F. S., da Silva, M. V. G. B., Porto Neto, L. R., Sonstegard, T. S., & Garcia, J. F. (2013). Genome-wide association study for birth weight in Nelore cattle points to previously described orthologous genes affecting human and bovine height. *BMC Genetics*, 14.
<https://doi.org/10.1186/1471-2156-14-52>

Utsunomiya, Yuri Tani, Milanese, M., Utsunomiya, A. T. H., Torrecilha, R. B. P., Kim, E. S., Costa, M. S., Aguiar, T. S., Schroeder, S., Do Carmo, A. S., Carvalheiro, R., Neves, H. H. R., Padula, R. C. M., Sussai, T. S., Zavarez, L. B., Cipriano, R. S., Caminhas, M. M. T., Hambrecht, G., Colli, L., Eufemi, E., ... Garcia, J. F. (2017). A PLAG1 mutation contributed to stature recovery in modern cattle. *Scientific Reports*, 7(1), 1–15.
<https://doi.org/10.1038/s41598-017-17127-1>

Visscher, P. M., Wray, N. R., Zhang, Q., Sklar, P., McCarthy, M. I., Brown, M. A., & Yang, J. (2017). 10 Years of GWAS Discovery: Biology, Function, and Translation. *American Journal of Human Genetics*, 101(1), 5–22. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2017.06.005>

Weber, K. L., Welly, B. T., Van Eenennaam, A. L., Young, A. E., Port-Neto, L. R., Reverter, A., & Rincon, G. (2016). Identification of Gene networks for residual feed intake in Angus cattle using genomic prediction and RNA-seq. *PLoS ONE*, 11(3), 1–19.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152274>

Weiner, M. P., & Hudson, T. J. (2002). Introduction to SNPs: Discovery of markers for disease. *BioTechniques*, 32(6 SUPPL.). <https://doi.org/10.2144/jun0201>

4.0 ARTIGO 1

Parâmetros genéticos e validação de previsões genômicas GBLUP de etapa única para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em bovinos Senepol

Resumo

Identificar e selecionar genótipos superiores para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne se tornam cruciais diante de um mercado consumidor exigente que busca por produtos com elevada qualidade nutricional e provenientes de sistemas sustentáveis. O objetivo com este estudo foi estimar os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas com aplicação do BLUP convencional e ssGBLUP, bem como validar o uso de informações genômicas na predição genética de características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne em Bovinos Senepol. Foram utilizados dados de 42.251 bovinos Senepol, fêmeas e machos (castrados e não castrados). Foram analisadas as características: consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR). Foram empregados métodos estatísticos: BLUP clássico baseado em pedigree e o BLUP genômico de etapa única (ssGBLUP), no qual matrizes de pedigree e relacionamento genômico são combinadas em uma única matriz H. A validação da capacidade preditiva dos métodos de avaliação genética, BLUP e ssGBLUP, foi realizada através de uma análise de regressão linear (RL). As estimativas de herdabilidade foram consistentes para a maioria das características. De modo geral, as correlações genéticas obtidas pelo ssGBLUP apresentaram um decréscimo, contudo não se observou diferença devido à sobreposição dos intervalos de alta densidade. As acurácias de predição com inclusão da genômica (método ssGBLUP) foram, em sua maioria, maiores que para BLUP. Estes resultados sugerem que a inclusão de informações genômicas pode ser benéfica para a avaliação genética em Programas de Melhoramentos de bovinos Senepol.

Palavras-chave: Gado de corte, Predição genômica, Seleção genômica, Valor genético.

1. Introdução

O Brasil desempenha um papel significativo na pecuária de corte, com seu sistema agroindustrial movimentando cerca de R\$ 1 trilhão em 2022. O Produto Interno Bruto (PIB) total da carne bovina atingiu a marca de USD 198,12 bilhões, conforme dados da Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes (ABIEC, 2023). Projetando-se para a próxima década, espera-se um crescimento notável no rebanho, no número de abates, na produção de carne, nas exportações e no consumo interno (ABIEC, 2023).

Diante desse panorama promissor e considerando que a alimentação animal representa quase 90% dos custos totais de produção (Broadcast Agro, 2023), torna-se imperativo que o setor de bovinocultura de corte busque constantemente aprimorar sua eficiência. Essa busca pela eficiência visa atender às demandas do mercado consumidor, oferecendo produtos em abundância, com elevada qualidade nutricional e provenientes de sistemas sustentáveis. Identificar e selecionar genótipos superiores para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne requer o uso de métodos de seleção capazes de explorar tais características (Lorenz, 2013). Dentre os diferentes métodos de seleção empregados nos programas de melhoramento destaca-se a seleção através do método *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) via equações de modelos mistos (Piepho et al., 2008), baseado no fenótipo e no pedigree.

Os programas de melhoramento, ao empregar os métodos tradicionais baseados no fenótipo e no pedigree, enfrentam o desafio de alcançar ganhos genéticos explorando características complexas, controladas por múltiplos genes, e de difícil mensuração, sendo algumas delas medidas apenas no *post-mortem* (Gordo et al., 2018), outras, como eficiência alimentar, apresentam custo elevado de mensuração. Assim, a aplicação da metodologia *single-step genomic Best Linear Unbiased Prediction* (ssGBLUP) tem se mostrado uma alternativa para os programas de melhoramento. A aplicação do método ssGBLUP, com o uso de dados fenotípicos, genotípicos e de pedigree, visa melhorar a acurácia das estimativas de parâmetros genéticos, como herdabilidade e correlação genética. Portanto, o objetivo com este estudo foi estimar os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas para características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne, com aplicação do BLUP convencional e ssGBLUP, bem como validar o uso de informações genômicas na predição genética de características de eficiência alimentar e de carcaça em bovinos Senepol.

2. Material e Métodos

Foram utilizados dados de 42.251 bovinos Senepol, fêmeas e machos (castrados e não castrados), nascidos entre 1990 e 2019, participantes do Programa de Melhoramento Genético do Senepol (PMGS), coordenado pela Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol (ABCB Senepol). Os dados experimentais foram coletados durante provas de eficiência alimentar utilizando a tecnologia de cocho eletrônico Intergado (Chizzotti et al., 2015; Oliveira et al., 2017), com duração do período de avaliação de 70 dias, sendo utilizados 21 dias prévios como período de adaptação à dieta e às instalações. Todos os animais pertencentes ao mesmo grupo de manejo foram mantidos nas mesmas condições de manejo. Os animais foram confinados em piquetes análogos acerca da estrutura, tamanho, incidência solar e do tipo de solo. Aos animais foi assegurado consumo *ad libitum* e acesso irrestrito à água. Os dados foram coletados de provas de desempenho que ocorreram entre 2009 a 2021, foram formados 143 grupos, cada um contendo, em média, 295 animais. O número de provas por ano variou de 01, em 2009, à 40, em 2020. Em todas as provas, a dieta básica era composta por silagem de milho, milho moído, farelo de soja e núcleo mineral (Optigen II, producote e biopro Rancho da Matinha) ofertada na forma de ração total misturada. A dieta foi formulada contendo, aproximadamente, 70% de nutrientes digestíveis totais, 13% de proteína bruta e 78% de matéria seca, e foi oferecida duas vezes ao dia. Utilizou-se balança digital calibrada, acoplada ao tronco de manejo, para a pesagem dos animais no início (em jejum), e a cada 14 dias até o final das provas (em jejum).

Os animais possuíam idade média de 536,9 dias na data da coleta dos dados. Os animais foram alocados em grupos de contemporâneos (GCs), sendo que para a formação destes grupos foram considerados os efeitos de sexo, do ano e época de nascimento (1=janeiro a março; 2=abril a junho; 3=julho a setembro; 4=outubro a dezembro), da fazenda na qual o animal foi criado, do regime alimentar, do grupo de manejo, da data da medida, do grupo genético do produto e se o animal é produto de fertilização *in vitro* (FIV) ou transferência de embrião (TE), monta natural (MN). O número de GCs formados alternou de acordo com a característica em análise, sendo formados os seguintes números de GCs: 1.492 - área de olho de lombo (AOL), 583 - consumo alimentar residual (CAR), 576 - consumo de matéria seca (CMS), 1.462 - espessura de gordura subcutânea (EGS) e 1.289 - marmoreio (MAR). Foram considerados apenas GCs com pelo menos dois animais.

2.1. Características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne

Foram consideradas para as análises duas características de eficiência alimentar, CAR e CMS, uma característica de carcaça, AOL, e duas características de qualidade da carne, EGS e MAR (Tabela 1). Para a obtenção dos parâmetros genéticos foram realizadas análises bicaracterísticas, sem que o peso ao sobreano (PS) foi usado como característica âncora para evitar o viés de diminuir a variabilidade genética e fenotípica para as características em estudo.

Tabela 1 - Estatísticas descritivas de características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne em bovinos Senepol

Característica ¹	N-anim	N-obs	\bar{X}	Sd	min	max
CAR	42.251	4.194	0,00	0,66	-2,84	3,05
CMS	42.251	4.071	8,44	1,74	3,74	18,9
AOL	42.251	11.411	65,83	14,69	23,25	110,22
EGS	42.251	11.165	4,33	2,42	0,25	14,62
MAR	42.251	9.563	2,45	1,17	0	9,22
PS	42.251	41.406	355,86	80,21	125,24	714,60

¹ CAR = consumo alimentar residual (Kg MS/dia); CMS = consumo de matéria seca (kg); AOL = área de olho lombo (cm²); EGS = espessura de gordura subcutânea (mm); MAR = marmoreio (%); PS = peso ao sobreano (kg) N-anim = número de animais; N-obs = número observado; \bar{X} = média; Sd = desvio-padrão; min = valor mínimo; max = valor máximo

Ao final de cada prova de desempenho foram coletados dados de peso corporal (PC) por pesagem simples. O ganho médio em peso diário (GMD) foi calculado como a inclinação da regressão do peso corporal em relação à idade na pesagem. O consumo alimentar residual (CAR) foi calculado por meio da diferença entre o consumo de matéria seca observado (CMS) e o consumo de matéria seca estimado (CMS_e).

O consumo de matéria seca estimado foi calculado conforme proposto por Koch et al. (1963):

$$CMS_{e_i} = \mu + b_1 GMD_i + b_2 PVM_i^{0.75} + e$$

Em que: CMS_e = representa o consumo de matéria seca estimada, μ = intercepto do modelo, GMD = ganho médio em peso diário, $PVM^{0.75}$ = peso vivo médio metabólico, b_1 e b_2 são os coeficientes da regressão do ganho médio em peso diário (GMD) e do peso vivo médio metabólico ($PVM^{0.75}$), respectivamente, e é o resíduo associado a cada observação, e i é o indexador da equação.

Os dados das características de carcaça e de qualidade da carne foram mensurados e coletados somente ao final do período de realização das provas. Os procedimentos foram

realizados por técnico credenciado pelo Ultrasound Guidelines Council, utilizando o software Bia da Designer Genes Technology (www.dgtbrasil.com.br/metodologia).

As amostras obtidas em animais vivos por ultrassonografia, foram coletadas entre a 12^a e 13^a costelas no músculo *Longissimus dorsi* para a área de olho de lombo (AOL) em cm², espessura de gordura subcutânea (EGS) em mm, e marmoreio (%).

2.2. Dados de pedigree e genotípicos

O arquivo de pedigree continha 220.598 registros, sendo 39.640 mães e 2.172 pais. As informações completas do pedigree foram obtidas nos bancos de dados pertencentes ao Programa Embrapa de Melhoramento de Bovinos de Corte – Geneplus e à Associação Brasileira dos Pecuaristas Senepol – ABCB Senepol. Os dados genômicos incluíram informações de 4419 bovinos Senepol usando painéis de SNP Neogen (*Neogen GeneSeek Operations*, Lincoln, NE, USA), no painel *Neogen® GeneSeek Genomic Profiler™* (GGP) Bovine (50k, Neogen). No controle de qualidade foram excluídas amostras com registros duplicados (correlação entre amostras > 0,95) e com índice de chamadas inferior a 0,90. Foram mantidos apenas marcadores SNPs que apresentaram frequência de alelos menores (MAF) > 0,05, call rate > 0,95 e GenCall (score GC) > 0,6. Após a edição, foram considerados para análises um total de 39928 marcadores SNP.

2.3. Análise estatística

Os dados e informações mencionados anteriormente foram disponibilizados pelo Programa Embrapa de Melhoramento de Bovinos de Corte – Geneplus e pela Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos da Raça Senepol – ABCB Senepol. A análise estatística teve início somente após a recepção do banco de dados.

Foi ajustado um modelo animal pelo método *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) via equações de modelos mistos por meio de análise *Bayesiana*, para obter as estimativas dos parâmetros genéticos para as características AOL, CAR, CMS, EGS e MAR. O GC foi considerado como efeito fixo, como covariáveis foram considerados o efeito linear da endogamia e o efeito linear e quadrática da idade do animal no teste, e o efeito genético aditivo direto (aleatório). As informações genômicas foram incorporadas via metodologia *single-step genomic Best Linear Unbiased Prediction* (ssGBLUP Legarra et al., 2009; Misztal et al., 2009; Aguilar et al., 2010). Foram realizadas análises uni, bi e multicaracterística, ajustadas a partir de análises bicaracterísticas.

A notação matricial do modelo para os cinco fenótipos (AOL, CAR, CMS, EGS e MAR) pode ser representada por:

$$\underset{\sim}{\gamma} = X \underset{\sim}{\beta} + Z \underset{\sim}{\alpha} + \underset{\sim}{e}$$

em que: $\underset{\sim}{\gamma}$ representa o vetor com as observações dos fenótipos; X é a matriz de incidência para os efeitos sistemáticos; $\underset{\sim}{\beta}$ é o vetor com a solução para os efeitos fixos; Z matriz de incidência dos efeitos genético aditivo do animal; $\underset{\sim}{\alpha}$ vetor que contém as soluções para os efeitos genético aditivo; $\underset{\sim}{e}$ vetor dos resíduos associados a cada observação.

As seguintes pressuposições foram assumidas: $\underset{\sim}{\beta} \sim$ constante, $\underset{\sim}{a}|A, G_o^* \sim N(0, G_o^* \otimes A)$ e $\underset{\sim}{e}|R^* \sim N(0, R^*)$, onde A , matriz de relação de pedigree, foi substituída pela matriz H quando ssGBLUP foi adotado.

As amostras das distribuições condicionais completas dos componentes de covariância foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS3F90 (Misztal et al., 2015). Foram considerados tamanhos de cadeias de 1.500.000, com descarte inicial de 500.000 amostras e amostragens dos valores dos componentes de covariância a cada 100 ciclos. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery e Lewis (1992), disponíveis no pacote BOA (Smith, 2005), do software R (R Core Team, 2019). A convergência das cadeias definitivas foi avaliada por intermédio dos critérios propostos por Geweke (1992) e por Heidelberger e Welch (1983) disponíveis no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

Posteriormente, foram estimados os parâmetros genéticos para as características em estudo, como segue:

$$h_j^2 = \frac{\sigma_{a_j}^2}{\sigma_{p_j}^2}; r_{a_{j,j'}} = \frac{\text{COV}_{a_{j,j'}}}{\sqrt{\sigma_{a_j}^2 \times \sigma_{a_{j'}}^2}}$$

em que: h^2 representa a herdabilidade; σ_a^2, σ_p^2 representam as variâncias genética aditiva e fenotípica, respectivamente; r_a, COV_a , as correlações e covariâncias genética, respectivamente; j , o fenótipo em análise.

2.4. Análise preditiva

Para validar e comparar a capacidade preditiva dos métodos de avaliação genética,

BLUP e ssGBLUP, bem como para avaliar a inclusão de informação genômica na predição dos valores genéticos, foi realizada uma análise de regressão linear (RL) (Legarra e Reverter, 2018). Os valores genéticos (VGEs) em ambos os métodos, BLUP e ssGBLUP, foram estimados em análises bicaracterísticas. Foram considerados dois conjuntos de dados, primeiro baseado no conjunto de dados completos, “VGEs completos” (\hat{a}_c), o segundo conjunto foi gerado definindo aleatoriamente 50% de dados ausentes, “VGEs parciais” (\hat{a}_p). Posteriormente, foi utilizado o método RL, em que foram considerando correlação ($cor(\hat{a}_c\hat{a}_p)$), acurácia (ACC_{LR}), viés (β_0) e dispersão (β_1) dos valores genéticos derivados dos dados completos (\hat{a}_c) ou parciais (\hat{a}_p). A acurácia foi obtida como segue abaixo:

$$ACC_{LR} = \sqrt{\frac{cov(\hat{a}_c\hat{a}_p)}{(1 - \bar{F})\sigma_a^2}}$$

em que: \hat{a}_c e \hat{a}_p representam os (G)VGEs dos dados completos e parciais, respectivamente; \bar{F} representa o coeficiente médio de endogamia e σ_a^2 representa a variância genética aditiva obtida através análise com ou sem inclusão de informação genômica de dados completos. Legarra e Reverter (2017) descreveram $\beta_0 = \bar{\hat{a}}_c - \bar{\hat{a}}_p$ e $\beta_1 = cov(\hat{a}_c\hat{a}_p)/var(\hat{a}_p)$, representando a diferença entre os valores genéticos médios e a inclinação de regressão das estimativas dos dados completos e parciais, respectivamente. A correlação foi obtida entre os valores genéticos estimados pelos dados completos (\hat{a}_c) ou parciais (\hat{a}_p), indicando a associação entre (G)EBVs, sendo usada como medida de consistência entre as avaliações subsequentes.

3. Resultados

As estimativas *a posteriori* das variâncias genética aditiva e residual obtidas pelo método BLUP, não evidenciaram diferenças entre as análises uni, bi e multicaracterística para as características CAR, CMS, AOL, EGS e MAR (Tabela 2). No entanto, observou-se uma oscilação nos intervalos de alta densidade das estimativas *a posteriori* das variâncias genética aditiva e residual para as características CMS e EGS, entre as análises uni, bi e multicaracterística. O intervalo de alta densidade para a estimativa *a posteriori* das variâncias genética aditiva e residual para a característica CMS variou de 0,08 a 0,16 e 0,45 a 0,52 para 0,01 a 0,15 e 0,32 a 0,51, análise uni e multicaracterística, respectivamente. Já para a característica EGS o intervalo de alta densidade para a estimativa *a posteriori* das variâncias

genética aditiva e residual variou de 0,23 a 0,33 e 0,98 a 1,06 para 0,03 a 0,32 e 0,32 a 1,06, análise uni e multicaracterística, respectivamente. Entretanto, de modo geral, não se observou diferença dos valores de variância em função da sobreposição dos intervalos de alta densidade.

No que se refere ao método ssGBLUP, as estimativas a *posteriori* das variâncias genética aditiva e residual obtidas não apresentaram diferenças entre as análises uni, bi e multicaracterística para CAR, CMS, AOL, EGS e MAR (Tabela 2). O CMS apresentou uma variação no intervalo de alta para as estimativas a *posteriori* das variâncias genética aditiva e residual, variando de 0,08 a 0,16 e 0,45 a 0,52 para 0,07 a 0,26 e 0,44 a 1,06, análise uni e multicaracterística, respectivamente. Contudo, não se observou diferença dos valores de variância em função da sobreposição dos intervalos de alta densidade.

As estimativas a *posteriori* das herdabilidades para as características CAR, CMS, AOL, EGS e MAR, de modo geral, se mostraram consistentes entre as análises obtidas pelo método ssGBLUP, e apresentaram um pequeno decréscimo entre as análises uni, bi e multicaracterística obtidas pelo BLUP (Tabela 2). Ressalta-se que essa oscilação não atingiu significância estatística devido à sobreposição do intervalo de alta densidade. Desse modo, as estimativas de valores de herdabilidade, obtidas pelos métodos BLUP e ssGBLUP demonstram consistência nos resultados, independentemente da abordagem adotada.

No que se refere a análise dos modelos adotado, BLUP e ssGBLUP, as estimativas a *posteriori* das variâncias genética aditiva e residual e das herdabilidades para as características CAR, CMS, AOL, EGS e MAR, não alcançaram diferenças, independentemente da abordagem adotada (Tabela 2). Contudo, de modo geral, observou-se que as características CMS e EGS apresentaram uma elevação nos valores das estimativas a *posteriori* das variâncias genética aditiva e residual e das herdabilidades, independentemente da abordagem adotada. Com exceção da estimativa de variância residual para CMS, via análise unicaracterística, que apresentou consistência nos valores estimados. Essa variação não atingiu significância estatística devido à sobreposição dos intervalos de alta densidade.

As estimativas a *posteriori* das herdabilidades não apresentaram diferenças entre os métodos BLUP e ssGBLUP (Tabela 2). No entanto, com o incremento de informações genômicas, obtidos via análise multicaracterística, observou-se uma variação nos valores de herdabilidade para as características CMS e EGS. Essa variação não foi suficiente para alcançar diferença, devido à sobreposição do intervalo de alta densidade.

Tabela 2 - Médias posteriores e intervalos de alta densidade posterior com 90% das amostras (entre parênteses) para variância genética aditiva, variância residual e herdabilidade de características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em bovinos Senepol obtidas através de análises unicaracterísticas, bicaracterísticas e multicaracterísticas (oriundas de análises bicaracterísticas) por meio de BLUP e ssGBLUP

Modelo	Característica	σ_a^2			σ_e^2			h^2		
		Uni	Bi	Multi	Uni	Bi	Multi	Uni	Bi	Multi
BLUP	CAR	0,035 (0,02; 0,05)	0,034 (0,02, 0,05)	0,034 (0,02; 0,05)	0,324 (0,31; 0,34)	0,325 (0,31, 0,34)	0,325 (0,31; 0,34)	0,10 (0,05; 0,15)	0,094 (0,05, 0,14)	0,094 (0,05; 0,15)
	CMS	0,118 (0,08; 0,16)	0,118 (0,08, 0,15)	0,098 (0,01; 0,15)	0,487 (0,45; 0,52)	0,482 (0,45, 0,51)	0,451 (0,32; 0,51)	0,194 (0,13; 0,26)	0,195 (0,14, 0,25)	0,169 (0,04; 0,26)
	AOL	13,973 (11,15; 16,65)	13,929 (11,15, 16,48)	13,929 (11,21; 16,58)	40,524 (38,56; 42,49)	40,364 (38,37, 42,23)	40,364 (38,35; 42,31)	0,256 (0,21; 0,30)	0,256 (0,21, 0,30)	0,256 (0,21; 0,3)
	EGS	0,277 (0,23; 0,33)	0,229 (0,19, 0,27)	0,229 (0,03; 0,32)	1,023 (0,98; 1,06)	0,883 (0,85, 0,92)	0,883 (0,32; 1,06)	0,213 (0,18; 0,25)	0,192 (0,15, 0,23)	0,192 (0,09; 0,25)
	MAR	0,101 (0,08; 0,12)	0,103 (0,09, 0,12)	0,103 (0,08; 0,12)	0,327 (0,31; 0,34)	0,326 (0,31, 0,34)	0,327 (0,31; 0,34)	0,236 (0,20; 0,27)	0,240 (0,20, 0,28)	0,239 (0,20; 0,28)
ssGBLUP	CAR	0,037 (0,02; 0,06)	0,036 (0,02; 0,05)	0,036 (0,02; 0,06)	0,322 (0,30; 0,34)	0,322 (0,31; 0,34)	0,322 (0,30, 0,34)	0,102 (0,06; 0,15)	0,10 (0,06; 0,14)	0,10 (0,05; 0,15)
	CMS	0,120 (0,08; 0,16)	0,141 (0,11; 0,17)	0,141 (0,07; 0,26)	0,484 (0,45; 0,52)	0,591 (0,56; 0,62)	0,591 (0,44; 1,06)	0,199 (0,14; 0,26)	0,194 (0,15; 0,24)	0,194 (0,13; 0,27)
	AOL	13,860 (11,44; 16,2)	13,833 (11,48; 16,08)	13,833 (11,08; 16,68)	40,370 (38,70; 42,11)	40,206 (38,52; 41,85)	40,206 (38,14; 42,19)	0,255 (0,22; 0,29)	0,256 (0,22; 0,29)	0,256 (0,21; 0,30)
	EGS	0,237 (0,20; 0,28)	0,236 (0,20; 0,27)	0,236 (0,19; 0,28)	1,044 (1,008; 1,077)	1,042 (1,01; 1,07)	1,042 (1; 1,08)	0,185 (0,16; 0,21)	0,185 (0,16; 0,21)	0,185 (0,15; 0,22)
	MAR	0,097 (0,08; 0,11)	0,098 (0,08; 0,11)	0,098 (0,08; 0,12)	0,327 (0,31; 0,34)	0,326 (0,31; 0,34)	0,326 (0,31; 0,34)	0,229 (0,20; 0,26)	0,231 (0,20; 0,26)	0,231 (0,19; 0,27)

CAR = consumo alimentar residual, CMS = consumo de matéria seca, AOL = área de olho lombo, EGS = espessura de gordura subcutânea, MAR = marmoreio, σ_a^2 = variância genética aditiva, σ_e^2 = variância residual, h^2 = herdabilidade

As estimativas *a posteriori* das correlações genéticas aditivas, obtidas pelo método BLUP, revelaram valores positivos com magnitudes moderadas entre CAR-CMS, CAR-MAR, CMS-AOL, CMS-MAR e EGS-MAR, enquanto apresentaram valores negativos entre AOL-MAR (Tabela 3). Para os demais pares de características, as médias posteriores das correlações genéticas aditivas demonstraram magnitudes baixas e sentido positivo. Vale ressaltar que os intervalos de alta densidade posterior (HPD) incluíram zero para as correlações entre CAR-AOL, CAR-EGS, AOL-EGS AOL-MAR (Tabela 3).

Tabela 3 - Médias posteriores e limites inferior e superior dos intervalos de alta densidade posterior (HPD - 90%) das correlações genéticas aditivas obtidas através de análises multicaracterísticas (oriundas de análises bicaracterísticas) por meio de BLUP (acima da diagonal) e ssGBLUP (abaixo da diagonal)

	CAR	CMS	AOL	EGS	MAR
CAR		0,558 (0,38; 0,75)	0,067 (-0,19; 0,35)	0,18 (-0,03; 0,41)	0,447 (0,19; 0,69)
CMS	0,564 (0,37; 0,76)		0,377 (0,17; 0,58)	0,283 (0,13; 0,45)	0,447 (0,19; 0,69)
AOL	-0,027 (-0,26; 0,23)	0,340 (0,15; 0,54)		0,064 (-0,07; 0,19)	-0,082 (-0,22; 0,053)
EGS	0,101 (-0,13; 0,33)	0,230 (0,06; 0,40)	0,039 (-0,09; 0,17)		0,366 (0,25; 0,47)
MAR	0,333 (0,11; 0,56)	0,329 (0,21; 0,45)	-0,150 (-0,30; -0,01)	0,329 (0,21; 0,45)	

CAR = consumo alimentar residual, CMS = consumo de matéria seca, AOL = área de olho lombo, EGS = espessura de gordura subcutânea, MAR = marmoreio, σ_a^2 = variância genética aditiva, σ_e^2 = variância residual, h^2 = herdabilidade

Quanto ao método ssGBLUP, as estimativas *a posteriori* das correlações genéticas aditivas apresentaram sinal positivo e magnitudes moderadas entre CAR-CMS, CAR-MAR, CMS-AOL, CMS-MAR e EGS-MAR, e sinal negativo entre CAR-AOL e AOL-MAR (Tabela 3). Para os demais pares de características, as médias posteriores das correlações genéticas aditivas apresentaram magnitudes baixas e sinal positivo. Observa-se que os intervalos de alta densidade posterior (HPD) incluíram zero entre CAR-AOL, CAR-EGS, AOL-EGS e AOL-MAR (Tabela 3).

Ao analisar os métodos adotados, BLUP e ssGBLUP, observa-se que, com exceção da correlação genética aditiva entre CAR-CMS, os demais valores das correlações genéticas apresentaram um decréscimo com o incremento de informações genômicas (método ssGBLUP)

(Tabela 3). Contudo não se observou diferença devido à sobreposição dos intervalos de alta densidade.

As análises estatísticas de validação de regressão linear comparando os dados completos e parciais através de BLUP e ssGBLUP são apresentadas na Tabela 4. Com exceção da característica CMS, todas as demais características apresentaram um ligeiro aumento nas acurácias de predição com a inclusão da genômica. A característica EGS apresentou o maior valor de acréscimo (0,03), seguida pelas demais características, CAR, AOL e MAR, que apresentaram um aumento de 0,02 nos valores de acurácias de predição com a inclusão da genômica (Tabela 4).

Tabela 4 - Estatísticas de validação de regressão linear (RL) para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne em análises bicaracterísticas usando os métodos BLUP e ssGBLUP

Característica	Método	$cor(\hat{a}_c \hat{a}_p)$	β_0	ACC_{LR}	β_1
CAR	BLUP	0,63	-0,02	0,38	0,31
	ssGBLUP	0,60	0,00	0,40	0,23
CMS	BLUP	0,66	0,03	0,40	0,44
	ssGBLUP	0,74	-0,00	0,37	0,44
AOL	BLUP	0,73	0,11	0,31	1,02
	ssGBLUP	0,80	0,17	0,33	0,98
EGS	BLUP	0,79	0,02	0,43	0,90
	ssGBLUP	0,84	-0,01	0,46	0,87
MAR	BLUP	0,78	-0,01	0,36	1,00
	ssGBLUP	0,84	0,00	0,38	1,10

CAR = consumo alimentar residual, CMS = consumo de matéria seca, AOL = área de olho lombo, EGS = espessura de gordura subcutânea, MAR = marmoreio, $cor(\hat{a}_c \hat{a}_p)$ = correlação entre valor genético predito usando banco de dados completos (\hat{a}_c) ou banco de dados parciais (\hat{a}_p), ACC_{LR} = acurácia de predição, (β_0) = viés de predição e (β_1) = dispersão

A inclusão da genômica alterou o valor de correlação entre o valor estimado pelo banco de dados completos (\hat{a}_c) e pelo banco de dados parciais (\hat{a}_p) (Tabela 4). CAR apresentou um pequeno decréscimo no valor de correlação entre o valor estimado pelo banco de dados completos (\hat{a}_c) e pelo banco de dados parciais (\hat{a}_p), comparando os métodos BLUP e ssGBLUP. Analisando os resultados obtidos com o incremento de informações genômicas (ssGBLUP), observa-se que as demais características, CMS, AOL, EGS, MAR, apresentaram um ligeiro aumentos nos valores de correlação entre o valor estimado pelo banco de dados completos (\hat{a}_c) e pelo banco de dados parciais (\hat{a}_p).

Os resultados obtidos para o viés de predição (β_0), com inclusão da genômica (Tabela 4), indicam redução do viés de predição (β_0), com exceção da característica AOL que apresentou ligeiro aumento no valor do viés de predição (β_0) com a inclusão da genômica (ssGBLUP). Acerca dos valores obtidos para a dispersão (β_1) (Tabela 4) observa-se que houve uma certa variação nos resultados, sendo que apenas as características AOL e MAR apresentaram valores próximos a 1,00, indicando baixa inflação/deflação.

4. Discussão

Os componentes de variância (efeitos genéticos aditivos e de ambiente) são específicos à população em análise. A estimativa desses componentes possibilita a definição dos parâmetros genéticos, herdabilidade e correlação genética. Os resultados obtidos para os componentes de variância e herdabilidade foram semelhantes aos disponíveis na literatura para características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne avaliando bovinos Nelore (Grion et al., 2014; Moraes et al., 2017) e Senepol (Pereira, 2020; Novo et al., 2021). A herdabilidade (h^2), também é específica para a população e a característica em estudo. Altos valores estimados para herdabilidade indicam que a característica terá uma resposta mais rápida resposta à seleção.

No presente trabalho, a característica CAR apresentou a menor estimativa para herdabilidade, 0,094 e 0,10, valores obtidos pelos métodos BLUP e ssGBLUP respectivamente, em comparação aos resultados encontrados na literatura. Em estudo de eficiência alimentar com 1.281 animais da raça Senepol, da mesma base de dados em anos anteriores, Pereira (2020) observou estimativa de h^2 para CAR igual a 0,12. Novo et al. (2021), ao avaliarem dados de eficiência alimentar de 2.381 novilhas Senepol obtiveram estimativas de h^2 igual a 0,20. Embora neste trabalho a característica CAR possua estimativas de h^2 baixa, segundo Basarab et al. (2003) a identificação e seleção de animais eficientes no uso dos alimentos sem comprometer sua produtividade, pode otimizar o uso dos recursos, aumentar a produção e, por conseguinte, reduzir os impactos ambientais e aumentar a lucratividade do sistema produtivo, argumentos que justificam a seleção para esta característica. Portanto, as estimativas a *posteriori* de herdabilidades obtidas para características em estudo foram, de modo geral, de baixa à moderadas, e estas podem responder favoravelmente ao processo de seleção.

As características de carcaça e de qualidade da carne apresentaram moderadas estimativas a *posteriori* de herdabilidades, com valores de 0,256 (0,22; 0,29), 0,185 (0,16; 0,21) e 0,231 (0,20; 0,26) para AOL, EGS e MAR, respectivamente. Oliveira (2022) em um trabalho

avaliando os parâmetros genéticos e tendências genéticas para características de importância econômica em bovinos Senepol, observou valores de herdabilidade de 0,31 e 0,28 para AOL e EG, respectivamente. Diferentes estudos com animais Senepol apresentaram estimativas de h^2 oscilando de 0,29 a 0,45 e de 0,11 a 0,45, para AOL e EGS, respectivamente (Martins, 2018; Novo et al., 2021). Isso pode ser atribuído às diferenças nas populações estudadas, nos modelos e métodos de estimação dos parâmetros genéticos e nos programas computacionais empregados.

O estudo da correlação genética entre duas características, sua magnitude e direção, é essencial para o delineamento dos programas de melhoramento, orientando a definição de estratégias de seleção e a adequada definição dos critérios de seleção. O CAR apresentou moderados coeficientes de correlação genética aditiva e sinal positivo com CMS e MAR, e baixos coeficientes de correlação genética com EGS e AOL, sendo que com esta última apresentou sinal negativo. A correlação genética entre CAR e CMS, 0,56 para ambos os métodos BLUP e ssGBLUP, estimada neste estudo era esperado, pois o CMS está contido no cálculo do CAR, caracterizando sua dependência. Diferentes estudos relataram elevados coeficientes de correlação genética entre características de eficiência alimentar e CMS, oscilando de 0,42 a 0,81 (Basarab et al., 2003; Schenkel et al., 2004; Berry e Crowley, 2013), englobando o valor encontrado no presente trabalho. Correlação genética moderada e sinal positivo entre CAR e CMS sugere que animais CAR negativo tendem a ter um consumo de matéria seca mais eficiente, ou seja, animais mais eficientes no uso dos alimentos, consomem menos para um mesmo ganho em peso.

As estimativas de correlações genéticas para CAR e as características de carcaça e de qualidade da carne, obtidas pelo método BLUP, foram positivas e com valores de 0,07, 0,18 e 0,45 para AOL, EGS e MAR, respectivamente. CAR apresentou correlação genética fortemente desfavorável com MAR, indicando que animais mais eficientes (CAR negativo) apresentam carne com menor proporção de marmoreio. Os coeficientes de correlações genéticas entre CAR-AOL e CAR-EGS foram nulos, uma vez que os valores do intervalo de alta densidade, englobam o zero. Embora haja inconsistência entre os resultados relatados na literatura, alguns trabalhos com bovinos de corte descreveram correlações genéticas favoráveis do CAR com características de qualidade de carne (Moraes et al., 2017; Martins, 2018; Novo et al., 2021). Ainda que, ao incluir informações genômicas no método de análise, o valor estimado da correlação genética entre CAR e AOL seja negativo, este valor não difere do valor estimado pelo método BLUP, sem inclusão de informação genômica, devido à sobreposição do intervalo de alta densidade.

As acurácias de predição com inclusão da genômica foram, em sua maioria, 5% maiores que para o BLUP. Cesarani et al. (2019), em um estudo com ovelhas leiteiras sobre o perfil de ácidos graxos do leite de candidatas à seleção, encontrou resultados semelhantes em que o método ssGBLUP apresentou maiores precisões teóricas em comparação ao método BLUP. O mesmo ocorreu em 2021, quando Cesarani et al., ao avaliarem as precisões dos valores genéticos para eficiência de ordenha em bovinos Simental, observaram que os valores genéticos obtidos com ssGBLUP foram superiores aos obtidos pelo método BLUP.

Diferentes estudos com bovinos de corte observaram que o método ssGBLUP foi superior ao BLUP, baseado no fenótipo e no pedigree, para predição de valores genéticos para características de carcaça e crescimento (Onogi et al., 2014; Lourenço et al., 2015; Lee et al., 2017; Mehrban et al., 2017; Naserkheil et al., 2020). No presente trabalho, os resultados obtidos pelo método ssGBLUP, no geral, foram melhores que os obtidos pelo BLUP. Embora, seja possível observar uma pequena oscilação nos valores de dispersão (Tabela 4), houve uma melhoria na precisão de predição com o uso de informações genômicas (ssGBLUP).

A inclusão simultânea de todas as informações disponíveis (fenótipos, genótipos e pedigree) na avaliação genética fornece informações adicionais para estimar valores genéticos (Naserkheil et al., 2020), além disso, permite explicar, um pouco, a pré-seleção e, conseqüentemente, reduzir os vieses das predições (Legarra et al., 2014). Portanto, a inclusão de informações genômicas na avaliação genética possibilitam a obtenção de avaliações genômicas mais precisas e menos tendenciosas e acarretam em maiores ganhos genéticos (Cesarani et al., 2021).

No geral, foram obtidos maiores valores de correlação entre dados completos (\hat{a}_c) e dados parciais (\hat{a}_p) (Tabela 4) para o método ssGBLUP do que para BLUP, o que permite inferir que o uso de informações genômicas propicia maior estabilidade entre avaliações subsequentes de candidatas à seleção (Cesarani et al., 2021). Maiores valores de correlação dentre \hat{a}_c e \hat{a}_p indicam que os dados parciais preveem melhor os dados completos (Silva et al., 2019; Cesarani et al., 2021). Portanto, a correlação dentre \hat{a}_c e \hat{a}_p é função da precisão da predição e retrata o aumento relativo na precisão frente à adição de informações fenotípicas (Legarra e Reverter, 2018).

O método ssGBLUP propiciou, para a maioria das características, maiores acurácias de predição e vieses reduzidos para bovinos Senepol genotipados, em comparação ao método BLUP, apresentando valores iguais ou próximos de zero. Resultado semelhante foi obtido por Chu et al. (2019) que empregaram o método LR para comparar os valores genéticos para peso

corporal de frango de corte usando BLUP e ssGBLUP.

A dispersão β_1 entre todas as características variou de 0,23 a 1,10 para ssGBLUP e de 0,31 a 1,02 para BLUP. Observar o valor do coeficiente de regressão é importante para identificar inflação/deflação da variância, valor menor que 1 indica inflação da variância das previsões genômicas, enquanto a deflação ocorre quando o coeficiente é maior que 1 (Guarini et al., 2018). Em face da comparação das predições de animais genotipados e não genotipados visando embasar as decisões de classificação e seleção, a inflação/deflação da variância pode ser um problema (Campos et al., 2022). Uma vez que, indivíduos genotipados são favorecidos quando o coeficiente LR dos dados completos sobre os dados parciais é menor que 1, as previsões são infladas e pode existir valor genético genômico extremo (Cardoso et al., 2015). Foi possível observar que as características de qualidade de carne apresentaram valores de β_1 próximos de 1, o que significa que estão inflados, enquanto que as características de eficiência alimentar (CAR e CMS) apresentaram valores bem abaixo de 1, valores de β_1 bem abaixo de 1 indicam que os valores genéticos estimados (EBV) e os valores genéticos genômicos estimados (GEBV) estão sobredispersos (Silva et al., 2019).

De modo geral, os resultados obtidos por este trabalho corroboram com as descobertas previamente relatadas na literatura, e sugerem que a integração de todas as informações disponíveis (fenótipos, genótipos e pedigree) na avaliação genética pode ser benéfica para os programas de melhoramento animal. Essa abordagem possibilita a obtenção de avaliações genômicas mais precisas e imparciais, resultando em ganhos genéticos mais substanciais.

5. Conclusões

As estimativas de herdabilidade para as características em estudo variaram de baixas à moderadas, e estas podem responder favoravelmente ao processo de seleção. As correlações genéticas obtidas entre CAR e as demais características, de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne, sugerem que animais mais eficientes no uso dos alimentos tendem a ter um consumo de matéria seca mais eficiente. A seleção para CAR negativo não afeta as características AOL e EGS. As acurácias de predição pelo ssGBLUP foram, no geral, superiores que para BLUP, indicando que a inclusão da informação genômica é benéfica, obtendo valores genéticos mais acurados, acarretando em melhores ganhos genéticos aditivos ao longo das gerações.

Comitê de ética

O estudo foi conduzido de acordo com as diretrizes de bem-estar animal seguindo a Legislação Brasileira sobre Manejo Animal. Todos os procedimentos animais foram aprovados pelo Comitê de Ética e Manejo Animal da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil (Protocolo nº 007/2016).

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001. Agradecemos à Embrapa Gado de Corte, ao Programa Embrapa Geneplus de Melhoramento de Gado de Corte. Em especial, à Associação Brasileira dos Criadores de Senepol pela concessão dos dados.

Referências

ABIEC - Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes, Rebanho Bovino Brasileiro (2023), disponível em <<http://www.abiec.com.br/>> acesso em 01/01/2024.

Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta, S., & Lawlor, T. J. (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(2), 743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>

Basarab, J. A., Price, M. A., Aalhus, J. L., Okine, E. K., Snelling, W. M., & Lyle, K. L. (2003). Residual feed intake and body composition in young growing cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 83(2), 189–204.

Berry, D. P., & Crowley, J. J. (2013). Cell biology symposium: Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. *Journal of Animal Science*, 91(4), 1594–1613. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5862>

Broadcast Agro. 2023. Boi: Estudo da Empresa Ponta revela que nutrição representa 90% do custo de produção em confinamento, disponível em <<http://broadcast.com.br/cadernos/agro/?id=STJJYkFPc3h3NFJKaTliMkZyM3p6dz09>> acesso em 17/03/2024.

Campos, G. S., Cardoso, F. F., Gomes, C. C. G., Domingues, R., De Almeida Regitano, L. C., De Sena Oliveira, M. C., De Oliveira, H. N., Carvalheiro, R., Albuquerque, L. G., Miller, S., Misztal, I., & Lourenco, D. (2022). Development of genomic predictions for Angus cattle in Brazil incorporating genotypes from related American sires. *Journal of Animal Science*, 100(2), 1–13. <https://doi.org/10.1093/jas/skac009>

Cardoso, F. F., G Gomes, C. C., Sollero, B. P., Oliveira, M. M., Roso, V. M., Piccoli, M. L., Higa, R. H., Yokoo, M. J., Caetano, A. R., & Aguilar, I. (2015). Genomic prediction for tick resistance in Braford and Hereford cattle. *J. Anim. Sci*, 93, 2693–2705.

<https://doi.org/10.2527/jas2014-8832>

- Cesarani, A., Garcia, A., Hidalgo, J., Degano, L., Vicario, D., Macciotta, N. P. P., & 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), 5719–5727. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19838>
- Cesarani, A., Gaspa, G., Correddu, F., Cellesi, M., Dimauro, C., & Macciotta, N. P. P. (2019). Genomic selection of milk fatty acid composition in Sarda dairy sheep: Effect of different phenotypes and relationship matrices on heritability and breeding value accuracy. *Journal of Dairy Science*, *102*(4), 3189–3203. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15333>
- Chizzotti, M. L., Machado, F. S., Valente, E. E. L., Pereira, L. G. R., Campos, M. M., Tomich, T. R., Coelho, S. G., & Ribas, M. N. (2015). Technical note: Validation of a system for monitoring individual feeding behavior and individual feed intake in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, *98*(5), 3438–3442. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8925>
- Chu, T. T., Bastiaansen, J. W. M., Berg, P., Romé, H., Marois, D., Henshall, J., & Jensen, J. (2019). Use of genomic information to exploit genotype-by-environment interactions for body weight of broiler chicken in bio-secure and production environments. *Genetics Selection Evolution*, *51*(1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0493-3>
- Geweke, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. *Bayesian Statistical*, v.4, n.1, p.169-193, 1992. Available from: <<http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download;jsessionid=BD177452F62A09165FA87C5498747CC7?doi=10.1.1.27.2952&rep=rep1&type=pdf>>. Acesso em 15/01/2024.
- Gordo, D. G. M., Espigolan, R., Bresolin, T., Júnior, G. A. F., Magalhães, A. F. B., Braz, C. U., Fernandes, W. B., Baldi, F., & Albuquerque, L. G. (2018). Genetic analysis of carcass and meat quality traits in Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, *96*(9), 3558–3564. <https://doi.org/10.1093/jas/sky228>
- Grion, A. L., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, J. N. S. G., Bonilha, S. F. M., Magnani, E., & Branco, R. H. (2014). Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, *92*(3), 955–965. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6682>
- Guarini, A. R., Lourenco, D. A. L., Brito, L. F., Sargolzaei, M., Baes, C. F., Miglior, F., Misztal, I., & Schenkel, F. S. (2018). Comparison of genomic predictions for lowly heritable traits using multi-step and single-step genomic best linear unbiased predictor in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, *101*(9), 8076–8086. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-14193>
- Heidelberger, P., & Welch, P. D. (1983). Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. *Operations Research*, *31*(6), 1109–1144. <https://doi.org/10.1287/opre.31.6.1109>
- Koch, R. M., Swiger, L. A., Chambers, D., & Gregory, K. E. (1963). Efficiency of feed use in beef cattle. *Journal of Animal Science*, *22*(2), 486–494.

- Lee, J., Cheng, H., Garrick, D., Golden, B., Dekkers, J., Park, K., Lee, D., & Fernando, R. (2017). Comparison of alternative approaches to single-trait genomic prediction using genotyped and non-genotyped Hanwoo beef cattle. *Genetics Selection Evolution*, 49(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0279-9>
- Legarra, A., Aguilar, I., & Misztal, I. (2009). A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4656–4663. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2061>
- Legarra, A., Christensen, O. F., Aguilar, I., & Misztal, I. (2014). Single Step, a general approach for genomic selection. *Livestock Science*, 166(1), 54–65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.04.029>
- Legarra, A., & Reverter, A. (2017). CAN WE FRAME AND UNDERSTAND CROSS-VALIDATION RESULTS IN ANIMAL BREEDING? *The Lancet*, 383(9921).
- 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 01 Mathematical Sciences 0104 Statistics. *Genetics Selection Evolution*, 50(1), 1–18. <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0426-6>
- Lorenz, A. J. (2013). Resource allocation for maximizing prediction accuracy and genetic gain of genomic selection in plant breeding: A simulation experiment. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 3(3), 481–491. <https://doi.org/10.1534/g3.112.004911>
- Lourenco, D. A. L., Tsuruta, S., Fragomeni, B. O., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Bertrand, J. K., Amen, T. S., Wang, L., Moser, D. W., & Misztal, I. (2015). Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *Journal of Animal Science*, 93(6), 2653–2662. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-8836>
- Martins, T. (2018). *Parâmetros genéticos para características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol*. 58. <https://repositorio.bc.ufg.br/tede/bitstream/tede/9079/5/Dissertação - Taynara Raimundo Martins - 2018.pdf>
- Mehrban, H., Lee, D. H., Moradi, M. H., Ilcho, C., Naserkheil, M., & Ibáñez-Escriche, N. (2017). Predictive performance of genomic selection methods for carcass traits in Hanwoo beef cattle: Impacts of the genetic architecture. *Genetics Selection Evolution*, 49(1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0283-0>
- Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. (2009). Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4648–4655. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2064>
- Misztal, I., S. Tsuruta, D.A.L. Lourenco, I. Aguilar, A. Legarra, and Z. V. (2015). *Manual for BLUPF90 family of programs*. http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf
- Moraes, G. F. de, Abreu, L. R. A., Ferreira, I. C., & Pereira, I. G. (2017). Genetic analysis of

residual feed intake adjusted for fat and carcass and performance traits in a Nellore herd. *Ciência Rural*, 47(2). <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20151505>

Naserkheil, M., Lee, D. H., & Mehrban, H. (2020). Improving the accuracy of genomic evaluation for linear body measurement traits using single-step genomic best linear unbiased prediction in Hanwoo beef cattle. *BMC Genetics*, 21(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12863-020-00928-1>

Novo, L. C., Gondo, A., Gomes, R. C., Fernandes Junior, J. A., Ribas, M. N., Brito, L. F., Laureano, M. M. M., Araújo, C. V., & Menezes, G. R. O. (2021). Genetic parameters for performance, feed efficiency, and carcass traits in Senepol heifers. *Animal*, 15(3). <https://doi.org/10.1016/j.animal.2020.100160>

Oliveira, A. C. de J. (2022). *Análise do Pedigree e Estimativas de Parâmetros Genéticos para Características de Importância Econômica de Bovinos da Raça Senepol*. Universidade Estadual Paulista - UNESP.

Oliveira, B. R., Ribas, M. N., Machado, F. S., Lima, J. A. M., Cavalcanti, L. F. L., Chizzotti, M. L., & Coelho, S. G. (2017). Validation of a system for monitoring individual feeding and drinking behaviour and intake in young cattle. *Animal*, 12(3), 634–639. <https://doi.org/10.1017/S1751731117002002>

Onogi, A., Ogino, A., Komatsu, T., Shoji, N., Simizu, K., Kurogi, K., Yasumori, T., Togashi, K., & Iwata, H. (2014). Genomic prediction in Japanese Black cattle: Application of a single-step approach to beef cattle. *Journal of Animal Science*, 92(5), 1931–1938. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-7168>

Pereira, G. D. M. (2020). *Dissertação Mestrado Gabriel de Morais Pereira - 05 Mar 2020_revGilberto*.

Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161(1–2), 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>

Raftery, A. E., & Lewis, S. M. (1992). [Practical Markov Chain Monte Carlo]: comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. *Statistical Science*, 7(4), 493–497.

Schenkel, F. S., Miller, S. P., & 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(2), 177–185. <https://doi.org/10.4141/A03-085>

Silva, R. M. O., Evenhuis, J. P., Vallejo, R. L., Gao, G., Martin, K. E., Leeds, T. D., Palti, Y., & Lourenco, D. A. L. (2019). Whole-genome mapping of quantitative trait loci and accuracy of genomic predictions for resistance to columnaris disease in two rainbow trout breeding populations. *Genetics Selection Evolution*, 51(1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0484-4>

Smith, B. J. (2005). Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC. *R Package Version*, 1(5).

5.0 ARTIGO 2

Deteccão de regiões genômicas associadas a características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne em bovinos Senepol

Resumo

Aprimorar a eficiência na conversão de alimentos em produtos pode contribuir para tornar a produção de bovinos de corte mais sustentável. No entanto, há uma falta de compreensão sobre a genes que exercem efeitos pleiotrópicos nas características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne, especialmente no contexto da raça Senepol. Assim, o objetivo com este estudo foi avaliar a relação entre as características de eficiência alimentar, carcaça e da qualidade de carne, além de identificar genes com efeitos compartilhados entre essas características. Para as análises foram utilizados dados de 42.251 bovinos Senepol. Foram analisadas as características relacionadas à eficiência alimentar, consumo alimentar residual (CAR) e consumo de matéria seca (CMS), à carcaça, área de olho de lombo (AOL), e à qualidade da carne, espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR). Foi ajustado um modelo animal multicaracterístico para obter as estimativas dos parâmetros genéticos. Posteriormente, os componentes de variância foram fixados, e os valores genéticos e as soluções e efeitos SNP foram obtidos por meio do método BLUP genômico de etapa única (ssGBLUP). Dos 42251 bovinos, 4419 bovinos foram genotipados e utilizados em estudos de associação genômica ampla para identificar janelas genômicas que explicam ao menos 1% da variância genética para as características em estudo. As médias posteriores das correlações genéticas aditivas e os intervalos de alta densidade foram positivos e apresentaram magnitudes moderadas entre CAR-CMS (0,56; 0,37; 0,76), CAR-MAR (0,33; 0,11; 0,56), CMS-AOL (0,34; 0,15; 0,54), CMS-MAR (0,33; 0,21; 0,45) e EGS-MAR (0,33; 0,21; 0,45), negativos entre CAR-AOL (-0,03; -0,26; 0,23) e AOL-MAR (-0,15; -0,30; -0,01). Para os demais pares de características restantes, as médias posteriores das correlações genéticas aditivas apresentaram magnitudes baixas CAR-EGS (0,10; -0,13; 0,33), CMS-EGS (0,23; 0,06; 0,40) e AOL-EGS (0,04; -0,09; 0,17). Os genes candidatos posicionais foram anotados utilizando o pacote GALLO/R. Para identificar os genes candidatos funcionais, adotou-se uma abordagem de biologia de sistemas. Nessa abordagem, genes compartilhados entre características e estudos foram avaliados por meio de uma priorização de genes de culpa por associação, utilizando software como GUILDify e ToppGene, com o objetivo de identificar os melhores candidatos funcionais. Oito genes candidatos funcionais (FCGs) (SLC16A5, ATP5PD, MIF4GD, CHI3L2, CYGB, RHBDF2, MRPS7 e JPT1) foram compartilhados entre, ao menos, duas características, independentemente dos valores de correlação genética, sugerindo possível controle simultâneo das características correlacionadas. A identificação de regiões genômicas e seus respectivos

genes pode permitir a compreensão da arquitetura genética de características relacionadas à eficiência alimentar em bovinos Senepol, bem como a identificação de FCGs comuns que podem afetar simultaneamente duas ou mais características, contribuindo para os valores de correlação genética.

Palavras-chave: Análise funcional, *Bos taurus*, Correlação genética, GWAS, Pleiotropia.

1. Introdução

Melhorar a eficiência dos sistemas de produção de carne bovina tornou-se essencial diante de um mercado consumidor cada vez mais exigente que requer produtos com qualidade nutritiva e que sejam oriundos de sistemas sustentáveis. A eficiência dos sistemas de produção de bovinos de corte está alicerçada, principalmente, na capacidade do animal em converter a matéria seca consumida em carne, já que os custos com alimentação representam cerca de 90% dos custos totais da fazenda (Broadcast Agro, 2023). Identificar os animais mais eficientes no uso dos alimentos poderá reduzir os gastos com alimentação, mão de obra, instalações, além de reduzir a emissão de gases metano (Hegarty et al., 2007; Fitzsimons et al., 2013), tornando mais sustentável os sistemas de produção de carne bovina (Basarab et al., 2003).

Ainda cabe ao produtor equalizar sistemas de produção eficientes com conformação de carcaça, já que são de extrema importância para a produção de carne. Entretanto, em sua maioria, essas características são complexas, controladas por múltiplos genes, e de difícil mensuração, algumas delas são medidas apenas no post-mortem (Gordo et al., 2018), outras, como eficiência alimentar, apresentam custo elevado de mensuração. Neste contexto, a compreensão da arquitetura genética de características relacionadas a eficiência alimentar, a carcaça e a qualidade da carne, e a seleção para tais características poderá promover benefícios econômicos e sustentáveis aos sistemas de produção de carne bovina.

Diferentes estudos de associação ampla do genoma (GWAS), com o uso de dados fenotípicos, genotípicos e de pedigree, buscam melhorar a acurácia das estimativas de parâmetros genéticos, como herdabilidade e correlação genética, bem como identificar regiões genômicas e genes que afetam características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne. No entanto, ainda há uma lacuna no conhecimento sobre a existência de genes com efeitos pleiotrópicos inerentes às características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne, especificamente relacionado a raça Senepol. Portanto, o objetivo deste estudo foi estimar a correlação entre características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne, e identificar genes com efeitos comuns entre as características em estudo.

2. Material e Métodos

Para as análises, foram utilizados dados cedidos pelo Programa de Melhoramento Genético do Senepol (PMGS), coordenado pela Associação Brasileira dos Criadores de

Bovinos Senepol (ABCB Senepol). Informações completas sobre o banco de dados podem ser consultados no capítulo 1 deste trabalho.

2.1. Estudo de associação ampla do genoma (GWAS)

Inicialmente com objetivo de obter os componentes de variância para as características AOL, CAR, CMS, EGS, MAR e PS foi realizada análise unicaracterística apenas com informações de fenótipo e pedigree, considerando os mesmos efeitos fixos e aleatórios descritos anteriormente. Posteriormente, os componentes de variância foram fixados, e os valores genéticos e as soluções SNP foram obtidos por meio do método BLUP genômico de etapa única (ssGBLUP) (Misztal et al., 2009; Aguilar et al., 2011) e ssGWAS (estudo de associação de todo o genoma usando um BLUP de etapa única (Vitezica et al., 2011; Wang et al., 2012). O modelo ajustado é dado por:

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{\beta} + Z_1 \underset{\sim}{\alpha} + \underset{\sim}{e}$$

Em que: $\underset{\sim}{y}$ = representa o vetor de observações para cada uma das seis características analisadas; X, e Z = são as matrizes relacionando as observações da seis características com seus respectivos efeitos fixos e genético aditivo do animal, respectivamente; $\underset{\sim}{\beta}$ = vetor de efeitos fixos para as diferentes classes de GC e os efeitos linear e quadrático da idade do animal na data da coleta de dados como covariáveis; $\underset{\sim}{\alpha}$ = vetor de efeito genético aditivo direto e $\underset{\sim}{e}$ = vetor dos efeitos residuais.

As distribuições a priori de tipo plano foram assumidas para $\underset{\sim}{\beta}$ ($\underset{\sim}{\beta} \sim \text{constante}$); $\mathbf{a} | \sigma_a^2 \sim \mathbf{N}(0, \mathbf{H}\sigma_a^2)$, onde: \mathbf{H} é a matriz de relacionamento híbrida que combina informações genealógicas e genômicas; σ_a^2 é a variância genética aditiva, e $\mathbf{e} | \sigma_e^2 \sim \mathbf{N}(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, com \mathbf{I} e σ_e^2 representam a matriz identidade e a variância residual, respectivamente. Foi assumida distribuições qui-quadrada inversa em escala como distribuição anterior para σ_a^2 e σ_e^2 .

A seguinte matriz de covariância foi assumida:

$$\text{var} \begin{bmatrix} \alpha \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} H\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que: σ_a^2 e σ_e^2 = representam os componentes das variâncias genética aditiva e residual, respectivamente; I = matriz identidade; e H = representam a matriz de parentesco contendo informações de animais genotipados e não genotipados, conforme descrição de Aguilar et al. (2010), onde a inversa de H pode ser descrita como:

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

Em que: A^{-1} = representa o inverso da matriz de relacionamento aditivo; A_{22}^{-1} = o inverso da matriz de relacionamento baseada em pedigree apenas para animais genotipados; G^{-1} = matriz de relacionamento genômico estimada segundo VanRaden et al. (2009).

Após a obtenção das estimativas dos valores genéticos para animais genotipados (GEBV), estes foram convertidos em efeitos SNP. As análises foram realizadas por amostragem de Gibbs com o software GIBBS3F90 (Misztal et al., 2015). Tamanho da cadeia, descarte e amostragem, bem como os critérios de convergência adotados foram os mesmos descritos anteriormente para a análise multicausal. Os valores genéticos foram estimados com BLUPF90 (Misztal et al., 2015) e os efeitos dos SNPs foram calculados com POSTGSF90 (Wang et al., 2012). Os resultados do GWAS foram descritos como a proporção da variância explicada por janelas genômicas com aproximadamente 0,5 Mb, SNPs adjacentes dentro de 0,5 Mb foram usados, e sua variância foi assumida para obter a variância total da janela. Visando evitar dupla contagem, foram consideradas apenas as janelas não sobrepostas que explicaram pelo menos 1% da variância genética aditiva.

2.2. Prospecção de genes candidatos

O pacote R/GALLO (Fonseca et al., 2020) foi usado para buscar os genes localizados nas regiões genômicas que explicaram pelo menos 1% da variância genética aditiva. A nova versão do genoma bovino (ARS-UCD 1 .2) foi utilizada.

Posteriormente foram usados os softwares GUILDify 2.0 (Aguirre-Plans et al., 2019) e ToppGene (Chen et al., 2009) para realizar a análise de priorização de genes candidatos. Inicialmente, foi obtida uma lista “treinada” de genes candidatos associados a palavras-chave (Tabela 1) para cada uma das características analisadas (AOL, CAR, CMS, EGS e MAR) usando a estrutura GUILDify 2.0.

Tabela 1 - Palavras-chave usadas no GUILDify para recuperar a lista treinada de genes para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR) em bovinos Senepol

Característica	Palavras-chave usadas
CAR	Consumo alimentar residual, ganho de peso, obesidade, consumo de alimentos, desnutrição, crescimento, fatores de crescimento
CMS	Consumo de matéria seca, ganho de peso, obesidade, consumo de alimentos, desnutrição, crescimento, fatores de crescimento
AOL	Área de olho de lombo, maciez, gordura intramuscular, enzima calpastatina, sabor, proteína de suculência, músculo
EGS	Espessura de gordura subcutânea, maciez, gordura intramuscular, enzima calpastatina, sabor, proteína de suculência, músculo
MAR	Marmoreio, maciez, gordura intramuscular, enzima calpastatina, sabor, proteína de suculência, músculo

AOL = área de olho lombo, CAR = consumo alimentar residual, CMS = consumo de matéria seca, EGS = espessura de gordura subcutânea, MAR = marmoreio

Os produtos gênicos foram pesquisados no banco de dados GUILDify 2.0 (base do conhecimento BIANA) e usados para construir uma rede espécie-específica (para o presente estudo usamos *Homo sapiens* como espécie modelo). Os genes foram classificados usando um algoritmo de priorização baseado na topologia de rede (NetScore – pontuação GUILDify), sendo que os 100 genes mais bem classificados obtidos nesta análise foram usados para construir uma lista “treinada” de genes.

Posteriormente, essa lista “treinada” de genes juntamente com a lista de genes candidatos posicionais recuperados por meio do pacote R/GALLO (Fonseca et al., 2020) foram usadas para realizar uma análise multivariada, baseada em lógica fuzzy (difusa) no software ToppGene (Chen et al., 2009). Os dados funcionais foram recuperados das seguintes fontes: termos de ontologia genética (GO) para função molecular, processo biológico e componente celular; fenótipos de humanos e de camundongos; vias metabólicas; publicações no Pubmed; local de ligação do fator de transcrição; padrões de co-expressão e doenças. Por meio de estatísticas de meta-análise, os p-valores foram obtidos por meio de amostragem aleatória de 5000 genes de todo o genoma para cada informação de anotação e, posteriormente, cada p-valor de cada informação de anotação foi combinado p-valor geral.

Os genes que estavam presentes nas listas de genes candidatos posicionais e lista “treinada” foram selecionados automaticamente como genes priorizados. Uma taxa de falsa descoberta (FDR) de 5% para correção múltipla ($p\text{-valor} \leq 0,05$) foi considerada e os genes com $p\text{-valores} \leq 0,05$ foram apresentados como genes candidatos funcionais.

Foi analisada a relação entre correlações genéticas aditivas e regiões genômicas importantes associadas a um par de características, sendo considerados apenas os SNPs que foram mapeados em cada intervalo de genes candidatos funcionais (FCG).

3. Resultados

As estimativas *a posteriori* dos parâmetros genéticos, variâncias aditivas, variâncias residuais, herdabilidades e correlações genéticas aditivas, podem ser consultadas no 1º capítulo deste trabalho.

Dentre as características em análise apenas MAR não apresentou janelas genômicas que explicaram pelo menos 1% da variância genética aditiva (Figura 1). Enquanto as características CAR, CMS, AOL e EGS apresentaram, respectivamente, 95, 62, 34 e 86 janelas genômicas que explicaram pelo menos 1% da variância genética aditiva localizadas nos cromossomos 3, 16 e 19 (CAR), 2, 5, 16 e 19 (CMS), 3 e 20 (AOL), e cromossomos 2 e 19 (EGS) (Figura 1).

Gráficos de Manhattan para porcentagem de variância explicada por janelas genômicas (SNPs adjacentes de 0,5 Mb)

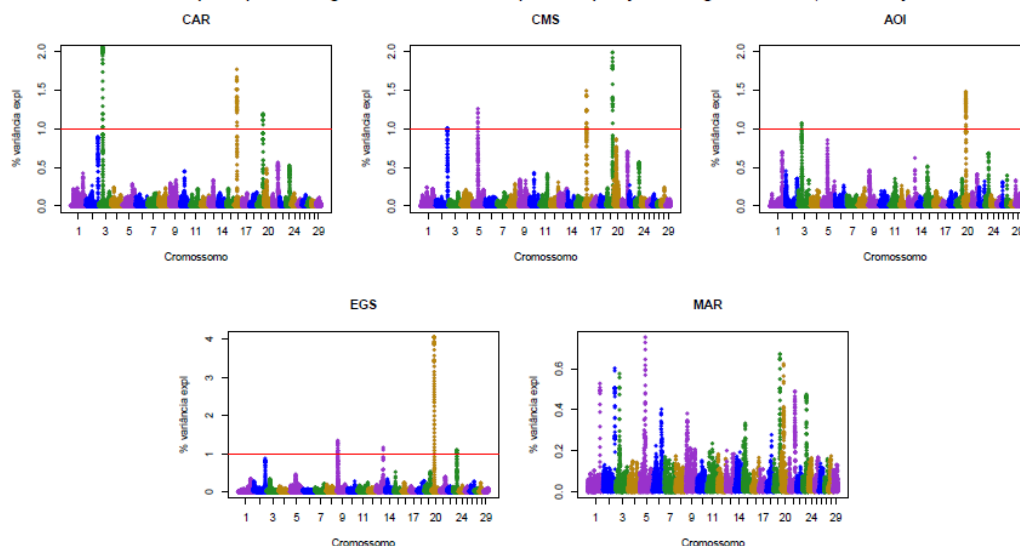


Figura 1- Gráficos de Manhattan para porcentagem de variância explicada por janelas genômicas (SNPs adjacentes de 0,5 Mb) para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e m e marmoreio (MAR)

As janelas que explicavam ao menos 1% da variância genética aditiva apresentaram tamanhos que variaram de 0,04Mb a 0,45Mb e possuíam entre 2 e 59 SNPs (Tabela 2). A janela

genômica presente no cromossomo 3 foi a que conseguiu explicar o maior percentual de variância genética aditiva, representando 2,06% para CAR (Tabela 2). Para o CMS, o maior percentual de variância genética aditiva foi explicado pela janela localizada no cromossomo 29, representando 1,99% da variância genética aditiva total (Tabela 2). Para a AOL, a janela genômica localizada no cromossomo 20 explicou o maior percentual (1,48%) de variância genética aditiva (Tabela 2). Para o EGS, o maior percentual de variância genética aditiva foi explicado pela janela localizada no cromossomo 20, representando 4,05% da variância genética aditiva total (Tabela 2).

Tabela 2 - Descrição das janelas genômicas que explicaram ao menos 1% da variância genética aditiva para consumo alimentar residual, consumo de matéria seca, área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea

Característica	Chr	Pos₋	Pos_e	Tamanho	SNPs	%Var
CAR	3	32.623.590	32.874.461	250.871	42	2,055162
	16	24.747.642	25.102.348	354.706	39	1,768735
	19	55.708.845	55.910.493	201.648	14	1,190564
CMS	2	126.820.281	126.860.443	40.162	3	1,008139
	5	56.076.953	56.144.768	67.815	7	1,257964
	16	24.747.642	25.005.225	257.583	23	1,491046
	19	55.708.845	55.960.800	251.955	29	1,987572
AOL	3	32.623.590	32.689.009	65.419	3	1,073192
	20	21.730.319	22.128.612	398.293	31	1,480487
EGS	9	10.260.399	10.414.591	154.192	14	1,343214
	13	66.029.165	66.138.010	108.845	2	1,158283
	20	21.730.319	22.187.909	457.590	59	4,051270
	23	39.102.182	39.370.128	267.946	11	1,090942

CAR = consumo alimentar residual, CMS = consumo de matéria seca, AOL = área de olho lombo, EGS = espessura de gordura subcutânea, Chr = cromossomo, Pos₋ = posição inicial no par de bases da janela, Pos_e = posição final no par de bases da janela, SNPs = número de SNPs dentro da janela, %Var = porcentagem de variância genética explicada para a janela

Dentro das janelas que explicam ao menos 1% da variância genética aditiva foram recuperados oito, sete, quatro, quatro e zero genes posicionais para CAR, CMS, AOL, EGS e MAR, respectivamente (Figura 2). Desses, quatro (MRPS7, JPT1, SLC16A5 e ATP5PD), cinco (MIF4GD, MRPS7, JPT1, SLC16A5 e ATP5PD), 11 (CHI3L2, MTARC2, MTARC1, CYGB, RHBDF2, MIF4GD, MRPS7, NT5C, SLC16A5, ATP5PD e ACTBL2), sete (CHI3L2, CYGB, RHBDF2, MIF4GD, JPT1, SLC16A5 e ATP5PD) e seis (CHI3L2, CYGB, RHBDF2, MIF4GD, SLC16A5 e ATP5PD) tiveram suas informações funcionais recuperadas da lista de genes treinados pelo GUILDify 2.0 e ToppGenes (ToppGene – Gene Priorization) para CAR, CMS, AOL, EGS e MAR.

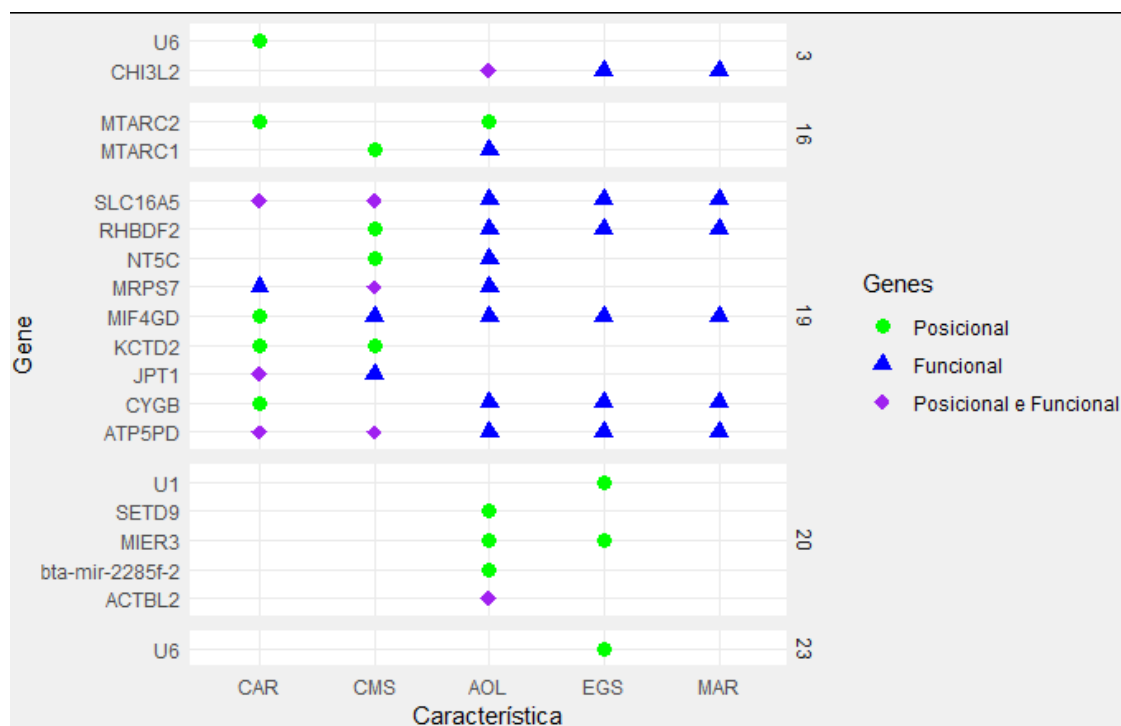


Figura 2 - Genes candidatos posicionais e funcionais para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR) avaliados em bovinos Senepol

Além disso, oito FCGs tiveram efeitos funcionais em mais de uma característica (Figura 2). Os genes SLC16A5, ATP5PD estavam associados à todas as características em estudo, MIF4GD foi ligado a quatro características diferentes (CMS, AOL, EGS e MAR), os genes CHI3L2, CYGB, RHBDF2 (AOL, EGS e MAR), MRPS7 (CAR, CMS e AOL) foi ligado a três características diferentes, e o gene JPT1 (CAR e CMS) foi relacionado a duas características diferentes.

Os genes ATP5PD e SLC16A5 foram recuperados dentro das janelas genômicas que explicam pelo menos 1% da variância genética aditiva para CAR e CMS e tiveram seus efeitos funcionais associados as características de carcaça (AOL, EGS e MAR) (Figura 2). Nesse

mesmo sentido, o gene MIF4GD foi recuperado dentro da janela genômica que explica ao 1% da variância genética aditiva para CAR e teve seus efeitos funcionais ligados às demais características (CMS, AOL, EGS e MAR).

Em geral, os pares de características compartilharam pelo menos dois FCG (Figura 2). Três pares de características (AOL-EGS, AOL-MAR e EGS-MAR), apresentaram seis FCGs associados a ambas as características no par. Os pares, CAR-EGS e CAR-MAR foram os pares de características que apresentaram menor número de FCGs (dois) associados a ambas as características no par (Figura 2).

4. Discussão

A estimativa de parâmetros genéticos e a identificação de genes com efeitos comuns entre as características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne contribui para uma melhor compreensão da arquitetura genética de características relacionadas a eficiência alimentar e a qualidade nutritiva da carne em bovinos Senepol. Conforme relatado no capítulo 1, as estimativas de herdabilidade obtidas para as características em estudo foram, no geral, de baixas à moderadas, sugerindo respostas favoráveis à seleção. Frente a características de baixa herdabilidade, um progresso genético considerável pode ser alcançado aumentando a intensidade e aprimorando a precisão da seleção (Muranty et al., 2015; Song et al., 2019). Isso pode ser obtido com o emprego da seleção genômica que tende a melhorar a precisão da seleção e reduzir o intervalo de geração e, conseqüentemente, acelerar o progresso genético (Wiggans et al., 2011).

A correlação genética é um parâmetro genético crucial para descrição da arquitetura genética de características complexas. A correlação é um parâmetro genético baseado em variantes genéticas em todo o espectro alélico (Ni et al., 2018), sua ocorrência pode ser devido a presença de loci de características quantitativas (QTLs) que podem influenciar uma ou várias características simultaneamente, a depender de sua natureza pleiotrópica (Bourdon, 2000; Bolormaa et al., 2009). Ainda, a correlação genética também pode ocorrer devido a QTLs intimamente ligados no genoma, mas que afetam características diferentes (Yang et al., 2021). O que pode explicar os resultados encontrados neste estudo em que características geneticamente correlacionadas compartilham o mesmo FCG, o mesmo pode ocorrer para características com correlação genética não diferente de zero (HPD inclui o valor zero). Os resultados desse trabalho são corroborados pelos resultados de Ribeiro et al. (2021), que avaliando a ocorrência de genes comuns entre características de crescimento, reprodução e

carga parasitária em bovinos de corte, observaram que independentemente dos valores de correlação genética há FCGs comuns a diferentes características, os quais possivelmente apresentam efeitos pleiotrópicos.

A literatura apresenta resultados muito divergentes acerca da associação genética entre CAR e qualidade de carcaça, alguns trabalhos relatam que a seleção baseada no CAR pode afetar as características de conformação de carcaça. Animais CAR negativo, animais eficientes, tendem a apresentar menor proporção de gordura subcutânea, com carcaça mais magra e menor grau de acabamento, visto que o CAR está associado fenotipicamente com a composição corporal (Archer et al., 1999; Basarab et al., 2003; Leme e Gomes, 2007). Já outros trabalhos apontam pequena associação genética entre CAR e qualidade de carcaça (Basarab et al., 2003; Lanna e Almeida, 2004; Leme e Gomes, 2007; Arthur e Herd, 2008), neste contexto foi proposto a inclusão da espessura de gordura (EG) no cálculo do CAR (CARFat), visando corrigir o viés para composição da carcaça e reduzir sua correlação com CAR (Olivieri et al., 2016; Moraes et al., 2017).

Considerando que os Programas de Melhoramento estabelecem os índices de seleção baseado não apenas em uma única característica, o CAR poderia ser incluído nos índices de seleção associado às características de carcaça e de qualidade da carne. Ainda, é recomendável que os Programas de Melhoramento considerem a direção dos efeitos dos SNPs associados aos FCGs, especialmente aqueles que influenciam tanto as características de eficiência alimentar quanto de carcaça e de qualidade da carne. Essa abordagem pode permitir o alcance de avanços significativos no melhoramento animal, resultando em animais mais eficientes no uso dos alimentos e com melhor acabamento de carcaça.

Nesse contexto, torna-se essencial identificar as regiões genômicas e os genes associados às características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne. Além disso, é fundamental compreender suas funções biológicas e as vias metabólicas nas quais estão envolvidos. O que propiciará a elucidação dos mecanismos biológicos e genéticos subjacentes às características avaliadas, fornecendo percepções valiosas para o melhoramento genético de animais.

Os genes SLC16A5, ATP5PD foram associados à todas as características em estudo, sendo que para as características CAR e CMS esses genes foram identificados como genes posicionais e funcionais, ambos foram identificados no cromossomo 19. O FCG SLC16A5, pertencente à família de transportadores de solutos 16 (SLC16), é identificado como um transportador de monocarboxilato associado à prótons (MCT) e faz parte de um grupo composto por 14 membros (Halestrap e Meredith, 2004). Sua principal função é facilitar o transporte

rápido de monocarboxilatos através da membrana plasmática. Embora as funções de membros conhecidos desta família, como SLC16A1, SLC16A7, SLC16A8 e SLC16A3 tenham sido elucidadas (Bröer et al., 1998; Lin et al., 1998; Grollman et al., 2000; Manning Fox et al., 2000), as funções específicas de SLC16A5 ainda carecem de compreensão.

Dado o potencial papel de SLC16A5 no transporte transmembrana de lactato, piruvato e corpos cetônicos, Xu et al., (2019), avaliando as possíveis interações “lnc-RNA-mRNA” no fígado de animais marinhos alimentados com dietas com diferentes proporções de ácidos graxos ômega-3 (DHA/EPA), identificaram diferença na expressão hepática de SLC16A5 entre grupos com diferentes proporções de DHA e EPA, sugerindo que esses ácidos podem ter eficiência e prioridade distintas na provisão de energia.

A ATP sintase é uma macromolécula que tem a capacidade de converter eficientemente um gradiente de prótons através da membrana em energia química que pode ser utilizada pelas células. Utilizando um mecanismo de catálise rotativa, as ATP sintases são capazes de sintetizar ATP, a partir de adenosina difosfato (ADP) e fosfato inorgânico, fornecendo ATP, a principal fonte de energia para as atividades celulares (Garbossa, 2021). O ATP5PD é uma subunidade da enzima ATP sintase, que desempenha um papel crucial na síntese de ATP nas células. Esta subunidade desempenha um papel importante na estabilidade e na eficiência da ATP sintase, ajudando a acoplar a síntese de ATP com a transferência de prótons através da membrana mitocondrial interna. A análise funcional do ATP5PD, normalmente, se concentra em compreender sua contribuição para a estrutura e função da ATP sintase, principalmente no que diz respeito à formação da haste periférica da enzima.

Estudos funcionais visam obter sequências de ácidos nucleicos brutos por meio de projetos de sequenciamento e, posteriormente, interpretá-las compreender seu significado biológico (Stein, 2001). Nesse sentido, diferentes técnicas podem propiciar a análise da interação entre o ATP5PD e outras subunidades da ATP sintase, bem como a investigação de mutações genéticas ou manipulações para compreender os efeitos dessas alterações na função da enzima e na produção de ATP celular. Além disso, a expressão diferencial do ATP5PD em diferentes tecidos ou em condições fisiológicas diversas pode ser investigada para elucidar seu papel específico em processos metabólicos e bioenergéticos. Essas análises funcionais contribuem para uma compreensão mais profunda do ATP5PD e de seu impacto na produção de energia celular através da síntese de ATP. Umemura (2019) em um estudo de proteômica do tecido hepático de camundongos com diabete mellitus, observou uma superregulação do ATP5PD sugerindo uma reação ao incremento na produção de energia, visando assegurar fluxo constante de substrato (ADP) para a conversão em ATP. Dessa forma, a expressão excessiva

dessas proteínas pode sugerir um aumento no fornecimento de ADP para a mitocôndria, ou pode indicar a ativação da termogênese mitocondrial, que surge devido ao desequilíbrio entre os níveis de ADP e ATP.

O FCG CHI3L2, identificado no cromossomo três, foi associado as três características de carcaça (AOL, EGS e MAR). O CHI3L2 é um gene pertencente à família da glicosil hidrolase 18 que pode se ligar à quitina com alta afinidade (Guan et al., 2009). Descoberto pela primeira vez em 1996, o CHI3L2 é uma glicoproteína mamífera secretada por condrócitos (Hu et al., 1996), sua função está envolvida em processos inflamatórios, resposta imune e remodelação tecidual (Comabella et al., 2021).

Ante os resultados obtidos por este trabalho em que foram observados FCG que influenciam as características relacionadas a eficiência, carcaça qualidade da carne simultaneamente, os quais, possivelmente, apresentam efeitos pleiotrópicos. No geral, os pares de características compartilharam pelo menos dois FCGs associados a ambas as características no par, apresentando funções relacionadas aos processos metabólitos e de crescimento, processos inflamatórios e imunológicos, metabolismo energético e de lipídios. Na literatura são relatados diversos genes associados à eficiência alimentar com funções celulares vinculadas a processos metabólitos, crescimento e eficiência de utilização de energia (Rolf et al., 2012; Santana et al., 2014), metabolismo energético e de lipídios (Mujibi et al., 2011; Duarte, 2019; Brunes, 2021).

Embora na literatura seja possível encontrar relatos de estudos avaliando a arquitetura genética da eficiência alimentar e sua relação com outras características de interesse econômico, é notório que os genes encontrados por este trabalho carecem de mais pesquisas com o objetivo de elucidar suas funções. De modo geral, os resultados deste trabalho são condizentes com os encontrados na literatura, e sugerem que a eficiência alimentar é uma característica complexa controlada por vários genes, influenciada por diversos processos biológicos, e compartilha genes, provavelmente pleiotrópicos, com outras características de interesse econômico, como conformação de carcaça e qualidade da carne. Além disso, a identificação de FCGs compartilhados entre as características de eficiência alimentar, carcaça e de qualidade da carne, especialmente em bovinos Senepol, precisam ser melhor elucidados através de estudos funcionais e de associação.

5. Conclusões

A compreensão da arquitetura genética de características relacionadas à eficiência, bem como o conhecimento sobre a presença de genes com efeitos pleiotrópicos associados às características de interesse econômico, como conformação de carcaça e qualidade da carne, poderá propiciar a obtenção de animais mais eficientes no uso dos alimentos e com melhor acabamento de carcaça, proporcionar benefícios econômicos e sustentáveis aos sistemas de produção bovina. Dentre os genes candidatos funcionais encontrados neste estudo, oito FCG (SLC16A5, ATP5PD, MIF4GD, CHI3L2, CYGB, RHBDF2, MRPS7 e JPT1) foram compartilhados entre, ao menos, duas características de eficiência alimentar, carcaça e qualidade da carne, os quais podem contribuir para melhor compreensão dos mecanismos inerentes a estas características.

Comitê de ética

O estudo foi conduzido em consonância com as diretrizes de bem-estar animal seguindo a Legislação Brasileira sobre Manejo Animal. Todos os procedimentos animais foram aprovados pelo Comitê de Ética e Manejo Animal da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil (Protocolo nº 007/2016).

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001. Reconhecemos com gratidão o apoio da Embrapa Gado de Corte, ao Programa Embrapa Geneplus de Melhoramento de Gado de Corte, em especial, à Associação Brasileira dos Criadores de Senepol pela cessão dos dados.

Referências

- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta, S., & Lawlor, T. J. (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*(2), 743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>
- Aguilar, I., Misztal, I., Legarra, A., & Tsuruta, S. (2011). Efficient computation of the genomic relationship matrix and other matrices used in single-step evaluation. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, *128*(6), 422–428. <https://doi.org/10.1111/j.1439->

0388.2010.00912.x

Aguirre-Plans, J., Piñero, J., Sanz, F., Furlong, L. I., Fernandez-Fuentes, N., Oliva, B., & Guney, E. (2019). GUILDify v2.0: A Tool to Identify Molecular Networks Underlying Human Diseases, Their Comorbidities and Their Druggable Targets. *Journal of Molecular Biology*, *431*(13), 2477–2484. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2019.02.027>

Archer, J. A., Richardson, E. C., Herd, R. M., & Arthur, P. F. (1999). Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. *Australian Journal of Agricultural Research*, *50*(2), 147–162.

Arthur, J. P. F., & Herd, R. M. (2008). Residual feed intake in beef cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, *37*(spe), 269–279. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982008001300031>

Arthur, P. F., & Herd, R. M. (2005). Efficiency of feed utilisation by livestock—Implications and benefits of genetic improvement. *Canadian Journal of Animal Science*, *85*(3), 281–290.

Basarab, J. A., Price, M. A., Aalhus, J. L., Okine, E. K., Snelling, W. M., & Lyle, K. L. (2003). Residual feed intake and body composition in young growing cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, *83*(2), 189–204.

Bolormaa, S., Hayes, B. J., Savin, K., Hawken, R., Barendse, W., Arthur, P. F., Herd, R. M., & Goddard, M. E. (2009). *Genome-wide association studies for feedlot and growth traits in cattle 1*. 000, 1684–1697. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3079>

Bourdon, R. M. (2000). *Understanding animal breeding* (Vol. 2).

Bröer, S., Schneider, H. P., Bröer, A., Rahman, B., Hamprecht, B., & Deitmer, J. W. (1998). Characterization of the monocarboxylate transporter 1 expressed in *Xenopus laevis* oocytes by changes in cytosolic pH. *Biochemical Journal*, *333*(1), 167–174. <https://doi.org/10.1042/bj3330167>

Broadcast Agro. 2023. Boi: Estudo da Empresa Ponta revela que nutrição representa 90% do custo de produção em confinamento, disponível em <<http://broadcast.com.br/cadernos/agro/?id=STJJYkFPc3h3NFJKaTliMkZyM3p6dz09>> acesso em 17/03/2024.

Brunes, L. C. (2021). *Associação e Seleção Genômica para Eficiência Alimentar em Bovinos Nelore*.

Chen, J., Bardes, E. E., Aronow, B. J., & Jegga, A. G. (2009). ToppGene Suite for gene list enrichment analysis and candidate gene prioritization. *Nucleic Acids Research*, *37*(SUPPL. 2), 305–311. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp427>

Comabella, M., Sastre-Garriga, J., Borrás, E., Villar, L. M., Saiz, A., Martínez-Yélamos, S., Garca-Merino, J. A., Pinteac, R., Fissolo, N., López, A. J. S., Costa-Frossard, L., Blanco, Y., Llufríu, S., Vidal-Jordana, A., Sabidó, E., & Montalban, X. (2021). CSF Chitinase 3-Like 2 Is Associated With Long-term Disability Progression in Patients With Progressive Multiple Sclerosis. *Neurology: Neuroimmunology and NeuroInflammation*, *8*(6). <https://doi.org/10.1212/NXI.0000000000001082>

- Duarte, A. S. (2019). *Depicting residual feed intake in Nelore cattle through gene expression, lipidomic profiling and pathway-based meta-analysis*. <https://www.locus.ufv.br/handle/123456789/24818>
- Fitzsimons, C., Kenny, D. A., Deighton, M. H., Fahey, A. G., & McGee, M. (2013). Methane emissions, body composition, and rumen fermentation traits of beef heifers differing in residual feed intake. *Journal of Animal Science*, *91*(12), 5789–5800. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6956>
- Fonseca, P. A. S., Suárez-Vega, A., Marras, G., & Cánovas, Á. (2020). GALLO: An R package for genomic annotation and integration of multiple data sources in livestock for positional candidate loci. *GigaScience*, *9*(12), 1–9. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa149>
- Garbossa, P. L. M. (2021). *Influência da condição sexual de bovinos cruzados Angus x Nelore terminados em confinamento sobre a proteólise post mortem e maciez da carne*.
- Gordo, D. G. M., Espigolan, R., Bresolin, T., Júnior, G. A. F., Magalhães, A. F. B., Braz, C. U., Fernandes, W. B., Baldi, F., & Albuquerque, L. G. (2018). Genetic analysis of carcass and meat quality traits in Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, *96*(9), 3558–3564. <https://doi.org/10.1093/jas/sky228>
- Grollman, E. F., Philp, N. J., McPhie, P., Ward, R. D., & Sauer, B. (2000). Determination of transport kinetics of chick MCT3 monocarboxylate transporter from retinal pigment epithelium by expression in genetically modified yeast. *Biochemistry*, *39*(31), 9351–9357. <https://doi.org/10.1021/bi000464+>
- Guan, S., Mok, Y., Koo, K., ... K. C.-P. & P., & 2009, undefined. (2009). Chitinases: Biomarkers for Human Diseases. *Researchgate.Net*. <https://doi.org/10.2174/092986609788167842>
- Halestrap, A. P., & Meredith, D. (2004). The SLC16 gene family - From monocarboxylate transporters (MCTs) to aromatic amino acid transporters and beyond. *Pflugers Archiv European Journal of Physiology*, *447*(5), 619–628. <https://doi.org/10.1007/s00424-003-1067-2>
- Hegarty, R. S., Goopy, J. P., Herd, R. M., & McCorkell, B. (2007). Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production. *Journal of Animal Science*, *85*(6), 1479–1486. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-236>
- Hu, B., Trinh, K., Figueira, W. F., & Price, P. A. (1996). *Isolation and Sequence of a Novel Human Chondrocyte Protein Related to Mammalian Members of the Chitinase Protein Family**.
- Lanna, D. P., & Almeida, R. D. E. (2004). Residual Feed Intake : Um Novo Critério De Seleção? *V Simpósio Da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 1963*.
- Leme, P. R., & Gomes, R. C. (2007). Características de carcaça de novilhos Nelore com diferente consumo alimentar residual. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, *15*, 453.

- Lin, R. Y., Vera, J. C., Chaganti, R. S. K., & Golde, D. W. (1998). Human monocarboxylate transporter 2 (MCT2) is a high affinity pyruvate transporter. *Journal of Biological Chemistry*, 273(44), 28959–28965. <https://doi.org/10.1074/jbc.273.44.28959>
- Manning Fox, J. E., Meredith, D., & Halestrap, A. P. (2000). Characterisation of human monocarboxylate transporter 4 substantiates its role in lactic acid efflux from skeletal muscle. *The Journal of Physiology*, 529(Pt 2), 285. <https://doi.org/10.1111/J.1469-7793.2000.00285.X>
- Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. (2009). Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4648–4655. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2064>
- Misztal, I., S. Tsuruta, D.A.L. Lourenco, I. Aguilar, A. Legarra, and Z. V. (2015). *Manual for BLUPF90 family of programs*. http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf
- Moraes, G. F. de, Abreu, L. R. A., Ferreira, I. C., & Pereira, I. G. (2017). Genetic analysis of residual feed intake adjusted for fat and carcass and performance traits in a Nellore herd. *Ciência Rural*, 47(2). <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20151505>
- Mujibi, F., Nkrumah, J., Durunna, O., ... J. G.-J. A., & 2011, undefined. (2011). Associations of marker panel scores with feed intake and efficiency traits in beef cattle using preselected single nucleotide polymorphisms1. *Researchgate.Net*, 89, 3362–3371. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3362>
- Muranty, H., Troglio, M., Sadok, I. Ben, Rifai, M. Al, Auwerkerken, A., Banchi, E., Velasco, R., Stevanato, P., Weg, W. E. van de, Guardo, M. Di, Kumar, S., Laurens, F., & Bink, M. C. A. M. (2015). *Accuracy and responses of genomic selection on key traits in apple breeding*. <https://doi.org/10.1038/hortres.2015.60>
- Ni, G., Moser, G., Working, S., Wray, N. R., & Lee, S. H. (2018). *Estimation of Genetic Correlation via Linkage Disequilibrium Score Regression and Genomic Restricted Maximum Likelihood*. 1185–1194. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2018.03.021>
- Olivieri, B. F., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, J. N. D. S. G., Branco, R. H., Bonilha, S. F. M., De Albuquerque, L. G., De Oliveira Silva, R. M., & Baldi, F. (2016). Genomic regions associated with feed efficiency indicator traits in an experimental nellore cattle population. *PLoS ONE*, 11(10), 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0164390>
- Ribeiro, V. M. P., Gouveia, G. C., Moraes, M. M. de, Araújo, A. E. M. de, Raidan, F. S. S., Fonseca, P. A. de S., Cardoso, E. P., Silva, M. V. G. B. da, & Toral, F. L. B. (2021). Genes underlying genetic correlation between growth , reproductive and parasite burden traits in beef cattle. *Livestock Science*, 244(August 2020), 104332. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104332>
- Rolf, M. M., Taylor, J. F., Schnabel, R. D., McKay, S. D., McClure, M. C., Northcutt, S. L., Kerley, M. S., & Weaber, R. L. (2012). Genome-wide association analysis for feed efficiency in Angus cattle. *Animal Genetics*, 43(4), 367–374. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02273.x>

- Santana, M. H. A., Oliveira, G. A., Gomes, R. C., Silva, S. L., Leme, P. R., Stella, T. R., Mattos, E. C., Rossi, P., Baldi, F. S., Eler, J. P., & Ferraz, J. B. S. (2014). Genetic parameter estimates for feed efficiency and dry matter intake and their association with growth and carcass traits in Nellore cattle. *Livestock Science*. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.06.002>
- Song, H., Zhang, J., Zhang, Q., & Ding, X. (2019). *Using Different Single-Step Strategies to Improve the Efficiency of Genomic Prediction on Body Measurement Traits in Pig*. 9(January), 1–10. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00730>
- Stein, L. (2001). Genome annotation: from sequence to biology. *Nature Reviews Genetics* 2(7), 493–503. <https://doi.org/10.1038/35080529>
- Umemura, T. Y. G. (2019). Análise Proteômica do Tecido Hepático de Camundongos com Diabetes Mellitus Induzidos por Estreptozotocina e Dieta Hiperlipídica. In *Angewandte Chemie International Edition*, 6(11), 951–952. (Vol. 2).
- VanRaden, P. M., Van Tassell, C. P., Wiggans, G. R., Sonstegard, T. S., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., & Schenkel, F. S. (2009). Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *Journal of Dairy Science*, 92(1), 16–24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>
- Vitezica, Z. G., Aguilar, I., Misztal, I., & Legarra, A. (2011). Bias in genomic predictions for populations under selection. *Genetics Research*, 93(5), 357–366. <https://doi.org/10.1017/S001667231100022X>
- Wang, H., Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., & Muir, W. M. (2012). Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. *Genetics Research*, 94(2), 73–83. <https://doi.org/10.1017/S0016672312000274>
- Wiggans, G. R., Cooper, T. A., Vanraden, P. M., & Cole, J. B. (2011). Technical note : Adjustment of traditional cow evaluations to improve accuracy of genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 94(12), 6188–6193. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4481>
- Xu, H., Cao, L., Sun, B., Wei, Y., & Liang, M. (2019). Transcriptomic analysis of potential “lncRNA-mRNA” interactions in liver of the marine teleost *Cynoglossus semilaevis* fed diets with different DHA/EPA ratios. *Frontiers in Physiology*, 10(APR), 416599. <https://doi.org/10.3389/FPHYS.2019.00331/BIBTEX>
- Yang, R., Xu, Z., Wang, Q., Zhu, D., Bian, C., Ren, J., Huang, Z., Zhu, X., Tian, Z., Wang, Y., Jiang, Z., Zhao, Y., Zhang, D., Li, N., & Hu, X. (2021). Genome - wide association study and genomic prediction for growth traits in yellow - plumage chicken using genotyping - by - sequencing. *Genetics Selection Evolution*, 1–15. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00672-9>

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados obtidos proporcionaram informações importantes sobre a inclusão de informações genômicas para avaliação genética em Programas de Melhoramento de bovinos Senepol. A inclusão de todas as informações disponíveis (fenótipos, genótipos e pedigree) permite obter valores genéticos mais acurados, conseqüentemente, o alcance de ganhos genéticos relevantes. Ainda o conhecimento da arquitetura genética da eficiência alimentar, bem como a identificação de genes com efeitos pleiotrópicos associados às características de interesse econômico, como conformação de carcaça, poderá proporcionar benefícios econômicos e sustentáveis aos sistemas de produção bovina.

Novos estudos sobre a arquitetura genética da eficiência alimentar em bovinos Senepol devem investigar sua relação com outras características de interesse econômico, avaliadas em diferentes ambientes.