

XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

18 a 19 de Outubro de 2021

On-line



*Universidade do Estado de Santa Catarina
Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal*

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Suínos e Aves
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

On-line

*Universidade do Estado de Santa Catarina
Embrapa Suínos e Aves
Chapecó, SC
2022*

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Suínos e Aves

BR 153, Km 110
Caixa Postal 321
CEP 89.715-899 - Concórdia, SC
Fone: (49) 3441 0400
Fax: (49) 3441 0497
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Universidade do Estado de Santa Catarina - UDESC Oeste

Rua Beloni Trombeta Zanin, 680-E
Bairro Santo Antônio
CEP: 89815-630 - Chapecó, SC
Fone: (49) 2049 9524
comunicacao.ceo@udesc.br
www.udesc.br/ceo/home
sbmaoficial@gmail.com
sbmaonline.org.br

Unidade responsável pela edição

Embrapa Suínos e Aves e
Universidade do Estado de Santa Catarina - UDESC Oeste

Instituição responsável pelo conteúdo

Universidade do Estado de Santa Catarina - UDESC Oeste

Coordenação editorial: *Tânia M. B. Celant*
Editoração eletrônica: *Vivian Fracasso*
Normalização bibliográfica: *Claúdia A. Arrieche*
Arte da capa: *Vivian Fracasso*

Nota

Os artigos publicados são de inteira responsabilidade de seus autores. As opiniões neles contidas não representam, necessariamente, a visão da Embrapa Suínos e Aves. A revisão ortográfica e gramatical dos artigos é de inteira responsabilidade dos respectivos autores.

1ª edição

Publicação digitalizada (2022)

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Suínos e Aves

Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal (14. : 2021 : on-line).

Anais do 14º Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal (SBMA), on-line, 18 e 19 de outubro de 2021 - Chapecó: UDESC: Concórdia: Embrapa Suínos e Aves. 2022. 655 p.

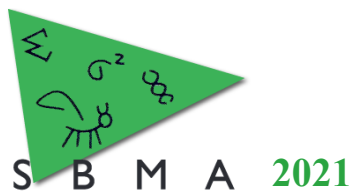
Evento online

Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader.

ISBN 978-65-997745-0-8

1. Melhoramento Genético Animal. 2. Suínos. 3. Aves. 4. Bovinos de corte. 5. Bovinos de leite. 6. Caprinos. 7. Ovinos. 8. Equinos. 9. Abelhas. 10. Coelhoos. 11. Bubalinos. 12. Organismos Aquáticos. 13. Ensino. 14. Estatística Aplicada. I. Embrapa Suínos e Aves. II. Universidade do Estado de Santa Catarina. III. Evento.

CDD 636



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

COMISSÃO ORGANIZADORA

Diego de Córdova Cucco

Presidente

Universidade do Estado de Santa Catarina

Aline Zampar

Secretária Executiva

Universidade do Estado de Santa Catarina

Claudio Manoel Rodrigues de Melo

Universidade Federal de Santa Catarina

Idacir Antonio Santin Junior

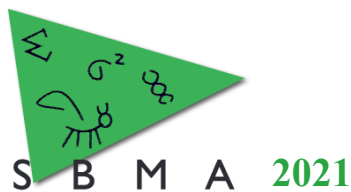
Universidade do Estado de Santa Catarina

Priscila Arrigucci Bernardes

Universidade Federal de Santa Catarina

Rafael Keith Ono

Pamplona Alimentos



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

COMISSÃO CIENTÍFICA

Mônica Corrêa Ledur

*Presidente
Embrapa Suínos e Aves*

Adriana Luiza Bocchi

Universidade Federal de Jataí

Adriana Mércia Guaratini Ibelli

Embrapa Suínos e Aves

Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes

Embrapa Gado de Corte

Gregório Miguel Ferreira de Camargo

Universidade Federal da Bahia

Jane de Oliveira Peixoto

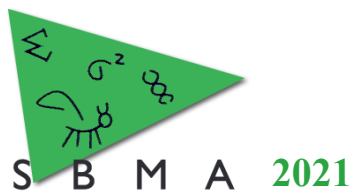
Embrapa Suínos e Aves

Lenira El Faro Zadra

Instituto de Zootecnia

Mário Luiz Santana Junior

Universidade Federal de Rondonópolis



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

COMISSÃO DE AVALIAÇÃO DAS PREMIAÇÕES

Adriana Bocchi

Universidade Federal de Jataí

Gerson Barreto Mourão

Universidade de São Paulo

Luis Fernando Batista Pinto

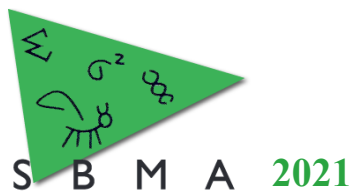
Universidade Federal da Bahia

Claudio Manoel Rodrigues de Melo

Universidade Federal de Santa Catarina

Tiago do Prado Paim

Instituto Federal Goiano



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

APRESENTAÇÃO

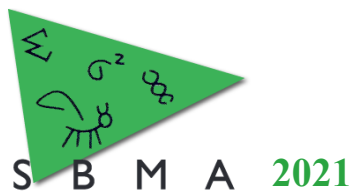
O XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal contemplou os 25 anos de fundação da SBMA. Neste contexto teve como tema o “Passado, Presente e Futuro”. Foram abordados assuntos atuais e relevantes, bem como foi feito um resgate histórico, fortalecendo nossas raízes e olharemos para o futuro.

Gostaríamos ter recebido a todos presencialmente em Santa Catarina, contudo, devido à incerteza da pandemia, realizamos o evento com a mesma qualidade, mas no formato online. O evento ocorreu aos mesmos moldes tradicionais com o envio de trabalhos e grande interação entre os participantes, mesmo à distância.

Excelentes palestrantes abordaram temas de grande relevância e aplicações práticas em nossas cadeias produtivas.

Uma sociedade só é forte com a união e engajamento de seus sócios, faça parte e participe desta evolução.

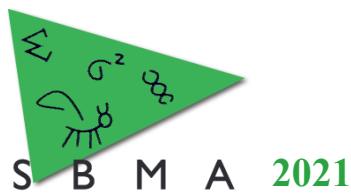
Diego de Córdova Cucco
Presidente da SBMA



PROGRAMAÇÃO

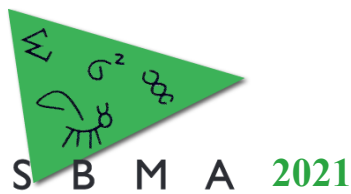
Segunda-feira - 18/10/2021

8h30 as 8h40	Abertura SBMA
8h40 as 9h15	25 anos de SBMA Participação de ex-presidentes
9h15 as 9h30	Debate
9h30 as 10h10	The power of new breeding tools to make better animals for a better planet Tad Sonstegard - <i>Chief Executive & Scientific Officer da Acceligen</i>
10h10 as 10h30	Moderador: Nick Serão - <i>Iowa State University</i>
10h:30 as 11h10	Genomic Prediction and Epistasis – Disentangling the relationship between epistatic variance, linear models and genetic architectures Cedric Gondro - <i>Michigan State University</i>
11h10 as 11h30	Moderador: Flavio Schramm Schenkel - <i>University of Guelph</i>
12h as 14h	Intervalo de almoço
14h as 14h40	Inferência causal aplicada ao melhoramento animal: panorama e perguntas não respondidas Bruno Valente - <i>PIC</i>
14h40 as 15h	Moderador: Rafael Keith Ono - <i>Pamplona Alimentos S.A.</i>
15h as 15h30	Sessão de Posters
15h30 as 16h10	Desafios e perspectivas do melhoramento de frangos em uma empresa global Marcos Yamaki - <i>Aviagen</i>
16h10 as 16h30	Moderador: Rodolpho de Almeida Torres Filho - <i>Universidade Federal Fluminense</i>
16h30 as 17h	Premiações e Homenagens
17h as 18h	Assembleia SBMA



Terça-feira - 19/10/2021

- 8h30 as 9h10 Novos fenótipos na avaliação genética internacional de bovinos de leite e como aplicá-los em nossa realidade
João Durr - *CEO CDCB*
- 9h10 as 9h30 Aplicação no campo (moderador)
André Thaler Neto - *UDESC*
- 9h30 as 10h Sessão de Posters
- 10h0 as 10h40 A visão da indústria de genética para o futuro da pecuária de corte
Fabiana Barichello Mokry - *ABS Global*
- 10h:40 as 11h Aplicação no campo (moderador)
Fernando Flores Cardoso - *Embrapa Pecuária Sul*
- 11h as 11h45 Apresentação de Trabalhos premiados (3)
(12 minutos cada e 3 de pergunta)
- 12h as 14h Intervalo de almoço
- 14h as 14h40 O papel e as ações do Mapa na área de Melhoramento Animal
Raquel Pereira Caputo - *MAPA*
- 14h40 as 15h Moderadora: **Maria Gabriela C. D. Peixoto** - *Embrapa Gado de Leite*
- 15h as 15h40 Palestra - WeBImp-BR (Web Beef Imputation for Brazilian Researchers): Projeto colaborativo para imputação de genótipos e sequências em gado de corte
Ricardo Ventura - *FMVZ/USP Pirassununga*
- 15h40 as 16h Moderador: **Roberto Carvalheiro** - *UNESP Jaboticabal*
- 16h as 16h40 Genômica no melhoramento animal: experiências, desafios e expectativas futuras
Daniela Lourenço - *University of Georgia*
- 16h40 as 17h Moderador: **Gilberto Menezes** - *Embrapa Gado de Corte*
- 17h as 17h40 Ensino em Melhoramento Animal no Brasil
Fábio Toral - *UFMG*
- 17h40 as 18h Moderador: **Rodrigo Pereira** - *Universidade Federal de Rondonópolis*
- 18h Encerramento do evento



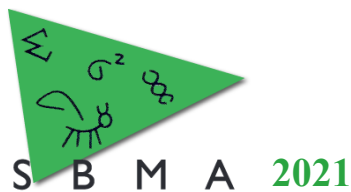
PREMIAÇÃO

A SBMA homenageia, a cada realização da reunião bienal, um Professor/ Pesquisador (Prêmio Prof. José Rodolpho Torres) e um Produtor/Empresa (Prêmio Dr. Arnaldo Zancaner) com medalha, acompanhada de diploma de mérito, para premiar profissionais que tenham realizado atividades de destaques durante sua vida em prol do Melhoramento Genético Animal no Brasil. No ano de 2021, foram homenageados:

- **Prêmio Prof. José Rodolpho Torres:** Prof. Dr. Elias Nunes Martins.
- **Prêmio Dr. Arnaldo Zancaner:** Sr. Fernando Penteado Cardoso (*in memorian*).

O Prof Dr. Elias Nunes Martins é um membro ativo e muito dedicado à SBMA, com carreira sólida e brilhante. Deixou um legado muito importante em volume e qualidade científica, desenvolveu linhagens de codornas para o Brasil, algumas destas sendo as mais dominantes do mercado brasileiro. Se dedicou adicionalmente ao desenvolvimento de linhagens de tilápias melhoradas, além de diversas outras parcerias e colaborações. Sua trajetória pode ser destacada à formação de mestres e doutores, ao tempo dedicado ao melhoramento e à SBMA.

O Sr. Fernando Penteado Cardoso, Engenheiro Agrônomo que foi Secretário da Agricultura do Estado de São Paulo e uma pessoa única, que dedicou a vida à produção de alimentos, a adubação (Fundador de Adubos Manah), desenvolvimento de pastagens e criação bovinos de corte em especial pela dedicação ao melhoramento genético da linhagem de Nelore Lemgruber da Fazenda Mundo Novo. Cardoso foi um dos grandes promotores da tecnologia do Plantio Direto e um dos pioneiros na aplicação das mais modernas tecnologias no melhoramento genético na raça Nelore, e, em sua longa vida de quase 107 anos (faleceu recentemente em setembro/2021), foi um dos agrônomos mais influentes da história brasileira.



Resumos Premiados

1º Lugar - Prêmio Fabyano Fonseca e Silva: Aplicação de Árvores de Decisão em atributos extraídos via método Local Binary Patterns (LBP) para classificação do escore de marmoreio em bovinos de corte

Primeiro autor: Diógenes Lodi Pinto (diogenes.pinto@usp.br)

Co-autores: Lucas Tassoni Andrietta, Dan Tulpan, Gordon Vander Voort, Jasper Munro, Roberto Carneiro, Júlio Cesar de Carvalho Balieiro e Ricardo Vieira Ventura

Página: 646

2º Lugar: Development and validation of SNP panels for genomic selection of freshwater fish species tambaqui *Colossoma macropomum* and pacu *Piaractus mesopotamicus*

Primeiro autor: Vito A. Mastrochirico-Filho (vito.oceano@gmail.com)

Co-autores: Raquel B. Ariede, Milena V. Freitas, Carolina H. S. Borges, Lieschen V. G. Lira, Natália J. Mendes, John F. G. Agudelo, Pablo Cáceres, Milthon H. M. Berrocal, Gustavo A. L. Sucerquia, José M. Yáñez e Diogo T. Hashimoto

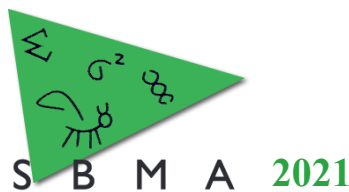
Página: 501

3º Lugar: Detecção de variantes funcionais baseada em biologia de sistemas: O caso da eficiência alimentar em bovinos de corte

Primeiro autor: Gabriela Ribeiro (gabriela.ribeiro.br@gmail.com)

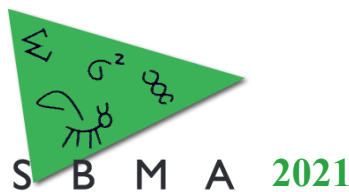
Co-autores: Fernando Baldi, Aline Silva Melo Cesar, Pâmela Almeida Alexandre, José Bento Sterman Ferraz e Heidge Fukumasu

Página: 191

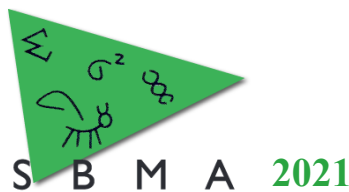


SUMÁRIO

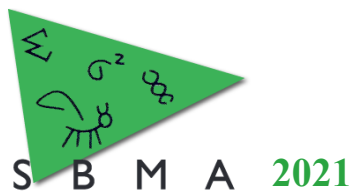
PALESTRAS	28
Inferencia causal aplicada ao melhoramento animal: panorama e perguntas não respondidas	29
Bruno Valente	
Novos fenótipos na avaliação genética de bovinos de leite e possíveis aplicações em países importadores de genética	36
João Walter Dürr	
O papel e as ações do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento na área de melhoramento animal	41
Raquel Pereira Caputo	
Using genomic information for genetic improvement: experience, challenges, and future developments.....	43
Daniela Lourenco, Shogo Tsuruta, and Ignacy Misztal	
Ensino em melhoramento animal no Brasil	51
Fabio Luiz Buranelo Toral	
RESUMOS	60
Aves e Suínos	61
Abordagem do Pós-GWAS: uma análise funcional de genes candidatos para característica reprodutiva em suínos.....	62
Tânia Fernandes Martins, Geovana Cristina Santos, Aline Gabrielly de Oliveira Freitas, Lucas Lima Verardo, Cristina Moreira Bonafé, Ana Fabrícia Braga Magalhães	
Diversidade genômica de raças de suínos locais brasileiras.....	65
Anna Mikaela Batista, Suelen Fernandes Padilha, Rosyara Pedrina Maria Montanha Juliatto, Samuel Rezende Paiva, Francisco Rosa, Laila Talarico Dias, Marson Bruck Warpechowski	
Avaliação de índice de seleção em linhagens de codornas de postura.....	68
Tádia Emanuele StivaninI, Ana Carolina de Jesus Oliveira, Ana Carolina Almeida Rollo de Paz, Sandra Maria Simonelli, Elias Nunes Martin, Danísio Prado Munari	
Herdabilidade para características produtivas, reprodutivas e de qualidade do ovo em três linhagens poedeiras.....	71
Letícia Weber Barbeiro, Vanessa Tomazetti Michelotti, Thaís Ferreira Machado, Thaise Pinto de Melo, Pamela Itajara Otto, Elsie Antonio Pereira de Figueiredo, Fernanda Cristina Breda Mello, Paulo Roberto Nogara Rorato	
Expressão diferencial de genes relacionados ao metabolismo de cálcio e fósforo em poedeiras com diferentes níveis de desempenho.....	74
Letícia Alves Salmória, Adriana Mércia Guaratini Ibelli, Fernando de Castro Tavernari, Jane de Oliveira Peixoto, Débora Ester Petry Marcelino, Mariane Spudeit Dal Pizzo, Maurício Egídio Cantão, Mônica Corrêa Ledur	
Perfil de metilação diferencial em suínos normais e afetados com osteocondrose <i>latens</i>	77
Mariane S. Dal Pizzol, Adriana M. G. Ibelli, Leticia Alves Salmória, Marcos Antônio Zanella Morés, Jane de Oliveira Peixoto, Igor Ricardo Savoldi, Fábio Pertille, Pilar Drummond Sampaio Corrêa Mariani, Luiz Lehman Coutinho, Mônica Corrêa Ledur	



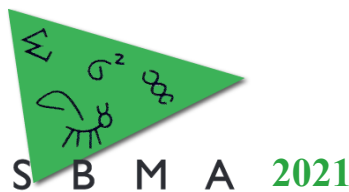
Identificação e caracterização de variantes funcionais no transcriptoma de duodeno em poedeiras.....	80
Adriana Mércia Guaratini Ibelli, Letícia Alves Salmória, Fernando de Castro Tavernari, Jane de Oliveira Peixoto, Débora Ester Petry Marcelino, Mariane Spudeit Dal Pizzol, Maurício Egídio Cantão, Mônica Corrêa Ledur	
Genes de referência para estudos de expressão gênica no rim e no duodeno de galinhas poedeiras submetidas a diferentes níveis de cálcio e fósforo na dieta.....	83
Karine Daenquele Silva Pinto, Letícia Alves Salmória, Fernando de Castro Tavernari, Jane de Oliveira Peixoto, Adriana M. Guaratini Ibelli, Débora Ester Petry Marcelino, Mariane Spudeit dal Pizzol, Leila de Genova Gaya, Mônica Corrêa Ledur	
Expressão de genes candidatos no rim de poedeiras submetidas a dietas com diferentes níveis de cálcio e fósforo.....	86
Letícia Alves Salmória, Adriana Mércia Guaratini Ibelli, Fernando de Castro Tavernari, Jane de Oliveira Peixoto, Débora Ester Petry Marcelino, Mariane Spudeit Dal Pizzol, Karine Daenquele Silva Pinto, Mônica Corrêa Ledur	
Análises de componentes principais e correlação de Spearman para a determinação de características a serem utilizadas em programas de melhoramento de poedeiras.....	89
Thaís Ferreira Machado, Vanessa Tomazetti Michelotti, Letícia Weber Barbeiro, Thaise Pinto de Melo, Pamela Itajara Otto, Elsie Antonio Pereira de Figueiredo, Fernanda Cristina Breda Mello, Paulo Roberto Nogara Rorato	
Perfil da expressão dos genes <i>PERP2</i> , <i>LEPR</i> e <i>ANGPLT5</i> em frangos de corte de 21 dias normais e afetados com necrose da cabeça do fêmur.....	92
Mariane Spudeit Dal Pizzol, Débora Ester Petry Marcelino, Adriana Mércia Guaratini Ibelli, Fernanda Tonello Neis, Letícia Alves Salmória, Jane de Oliveira Peixoto, Mônica Corrêa Ledur	
Comparação de transcriptomas evidencia vias de diferenciação de condrócitos e desenvolvimento da cartilagem envolvidas na manifestação da necrose da cabeça do fêmur em frangos de corte.....	95
Lana Teixeira Fernandes, Iara Goldoni, Ludmila Mudri Hul, Adriana Mércia Guaratini Ibelli, Jane de Oliveira Peixoto, Maurício Egídio Cantão, Mônica Corrêa Ledur	
Estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para características de interesse econômico em suínos da raça Landrace.....	98
Iasmin Marques Rocha, Giovanna Maria dos Santos Câmara, Raíssa Larissa Santos, Luciana Diniz Rola, Marcos Eli Buzanskas	
Bovinos de Corte	101
Abordagem das funções biológicas para a característica de espessura de gordura na picanha em bovinos da raça Nelore	102
Rafaela Martins, Pamela Carla Machado, Luis Fernando Batista Pinto, Marcio Ribeiro Silva, Luiz Fernando Brito, Victor Breno Pedrosa	
Ilhas de homozigose em sobreposição entre bovinos Brahman e Gir revelam histórico entre as populações	105
Henrique Alberto Mulim, Luiz Fernando Brito, Pamela Carla Machado, Emanueli de Fátima Pereira da Silva, Rita Carolina Gaia, Gabriele Ratke Morgan, Leticia Sikorski Caldeira, José Bento Sterman Ferraz, Lais Grigoletto, Marcio Ribeiro Silva, Luís Fernando Batista Pinto, Victor Breno Pedrosa	
Análise de corridas de homozigose em diferentes populações de bovinos	108
Henrique Alberto Mulim, Luiz Fernando Brito, Pamela Carla Machado, Emanueli de Fátima Pereira da Silva, Rita Carolina Gaia, Gabriele Ratke Morgan, Leticia Sikorski Caldeira, José Bento Sterman Ferraz, Lais Grigoletto, Marcio Ribeiro Silva, Luís Fernando Batista Pinto, Victor Breno Pedrosa	
<i>HSD17B2</i> e <i>Serpinas</i> são genes candidatos para idade ao primeiro parto na raça Nelore	111
Luís Fernando Batista Pinto, Miguel Angel Carabantes Dubon, Fabieli Loise Braga Feitosa, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo, Marcio Ribeiro Silva, Victor Breno Pedrosa	



Ilha de homozigose em populações de bovinos Senepol comprova a existência de gene associado a resistência ao estresse térmico	114
Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Henrique Alberto Mulim, Luiz F. Brito, Rita Carolina Gaia, Gabriele Ratke Morgan, Leticia Sikorski Caldeira, Pamela Carla Machado, Luís Fernando Batista Pinto, Victor Breno Pedrosa	
Análise de enriquecimento de ontologia genética do gene <i>ELOVL5</i> associado à precocidade em bovinos Nelore	117
Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Pamela Carla Machado, Rafaela Martins, Luiz F. Brito, Rita Carolina Gaia, Gabriele Ratke Morgan, Leticia Sikorski Caldeira, Henrique Alberto Mulim, Luís Fernando Batista Pinto, Marcio Ribeiro Silva, Victor Breno Pedrosa	
Correlação entre coeficientes de endogamia analisados sob diferentes metodologias genômicas em populações de bovinos	120
Rita Carolina Gaia, Henrique Alberto Mulim, Pamela Carla Machado, Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Gabriele Ratke Morgan, Leticia Sikorski Caldeira, Luiz F. Brito, José Bento Sterman Ferraz, Lais Grigoletto, Marcio Ribeiro Silva, Luís Fernando Batista Pinto, Victor Breno Pedrosa	
Análise de regiões ricas em heterozigose em diferentes populações de bovinos	123
Rita Carolina Gaia, Henrique Alberto Mulim, Luiz F. Brito, Pamela Carla Machado, Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Gabriele Ratke Morgan, Leticia Sikorski Caldeira, José Bento Sterman Ferraz, Lais Grigoletto, Marcio Ribeiro Silva, Luís Fernando Batista Pinto, Victor Breno Pedrosa	
Estudo de associação genômica ampla para característica de conformação mensurada por avaliação visual em bovinos Nelore	126
Pamela Carla Machado, Rafaela Martins, Luiz F. Brito, Leticia Sikorski Caldeira, Rita Carolina Gaia, Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Gabriele Ratke Morgan, Henrique Alberto Mulim, Luiz Fernando Batista Pinto, Marcio Ribeiro da Silva, Victor Breno Pedrosa	
Análise de enriquecimento de ontologia genética dos genes <i>SEMA6A</i> e <i>TIAM2</i> , associados a musculosidade em bovinos Nelore	129
Gabriele Ratke Morgan, Pamela Carla Machado, Luiz Fernando Brito, Rita Carolina Gaia, Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Leticia Sikorski Caldeira, Rafaela Martins, Henrique Alberto Mulim, Luís Fernando Batista Pinto, Márcio Ribeiro da Silva, Victor Breno Pedrosa	
Análise de enriquecimento de ontologia genética dos genes <i>CYP7A1</i> , <i>RXRG</i> e <i>BTBD1</i> associados a conformação corporal em bovinos Nelore	132
Pamela Carla Machado, Luiz F. Brito, Rafaela Martins, Leticia Sikorski Caldeira, Rita Carolina Gaia, Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Gabriele Ratke Morgan, Henrique Alberto Mulim, Luiz Fernando Batista Pinto, Márcio Ribeiro Silva, Victor Breno Pedrosa	
Estudo de associação genômica ampla para característica de precocidade de acabamento mensurada por avaliação visual em bovinos Nelore	135
Leticia Sikorski Caldeira, Pamela Carla Machado, Luiz F. Brito, Rafaela Martins, Rita Carolina Gaia, Emanuéli de Fátima Pereira da Silva, Gabriele Ratke Morgan, Henrique Alberto Mulim, Luiz Fernando Batista Pinto, Marcio Ribeiro da Silva, Victor Breno Pedrosa	
Análise funcional de genes diferencialmente expressos em bovinos Nelore com valores extremos para ácidos graxos	139
João Inácio Gomes Vieira, Luana Rafaela de Moraes, Aline Auxiliadora Silva Fernandes, Aline Gabrielly de Oliveira Freitas, Cristina Moreira Bonafé, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Lucas Lima Verardo	
Co-expressão gênica diferencial do músculo <i>Longissimus thoracis</i> associado ao perfil de ácidos graxos em bovinos da raça Nelore	142
Gustavo Pimenta Schettini, Alejandra Maria Toro Ospina, Wellington Bizarria dos Santos, Elisa Peripolli, Pâmela Almeida Alexandre, Rogério Abdallah Curi, Fernando Baldi	

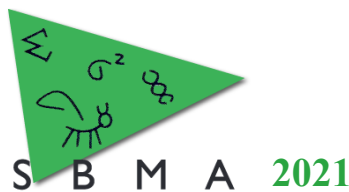


Fatores de transcrição associados a concentração do ácido alfa-linolênico no músculo <i>Longissimus thoracis</i> em bovinos da raça Nelore terminados em confinamento	145
Gustavo Pimenta Schettini, Alejandra Maria Toro Ospina, Wellington Bizarria dos Santos, Elisa Peripolli, Pâmela Almeida Alexandre, Fernando Baldi, Rogério Abdallah Curi	
Análise integrativa do transcriptoma e proteoma do tecido muscular de bovinos Nelore	148
Gabriela Bonfá Frezarim, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Bruna Maria Salatta, Marta Serna Garcia, Natália Andrea Marín Garzón, Fernando Sebastián Baldi, Luis Artur Loyola Chardulo, Lucia Galvão de Albuquerque	
Genes hub associados ao perfil de ácidos graxos essenciais do músculo <i>Longissimus thoracis</i> em bovinos da raça Nelore terminados em confinamento	151
Gustavo Pimenta Schettini, Alejandra Maria Toro Ospina, Wellington Bizarria dos Santos, Elisa Peripolli, Pâmela Almeida Alexandre, Fernando Baldi, Rogério Abdallah Curi	
Análise de endogamia genômica na raça Criollo Caqueteño colombiana	154
Alejandra Maria Toro Ospina, Viviana Helena Vallejo Aristizabal, Cesar Augusto Zapata Ortiz, Gustavo Pimenta Schettini, Pablo Eduardo Ocampo Ortiz, Edna Gicela Ortiz Morea	
Análise de estrutura populacional na raça colombiana Criollo Caqueteño usando informação genômica	158
Alejandra Maria Toro Ospina, Viviana Helena Vallejo Aristizabal, Cesar Augusto Zapata, Gustavo Pimenta Schettini, Pablo Eduardo Ocampo Ortiz, Edna Gicela Ortiz Morea	
Modelos de normas de reação para ganho de peso do nascimento à desmama em bovinos Nelore	161
Ivan Carvalho Filho, Delvan Alves da Silva, Caio de Souza Teixeira, Lucia Galvão de Albuquerque, Fabyano Fonseca e Silva, Roberto Carneiro	
Parâmetros genéticos para habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos na raça Canchim	164
Rodrigo Junqueira Pereira, Diogo Osmar Silva, Mario Luiz Santana Júnior, Denise Rocha Ayres, Annaiza Braga Bignardi, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior, Andréa Gondo	
Efeitos genéticos e não-genéticos sobre dias para o parto em bovinos da raça Nelore	167
Diogo Osmar Silva, Débora da Silva Morales, Denise Rocha Ayres, Annaiza Braga Bignardi, Mário Luiz Santana Júnior, Roberto Carneiro, Lucia Galvão de Albuquerque, Rodrigo Junqueira Pereira	
Modelos de regressão aleatória ou multivariada na avaliação genética para peso corporal da raça Nelore em um estudo de simulação	170
Diogo Osmar Silva, Denise Rocha Ayres, Annaiza Braga Bignardi, Mario Luiz Santana Júnior, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, Carlos Henrique Cavalari Machado, Luiz Antônio Josahkian, Rodrigo Junqueira Pereira	
Perfil de proteínas diferencialmente expressas em bovinos com fenótipos divergentes para marmoreio ...	173
Bruna Maria Salatta, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Gabriela Bonfá Frezarim, Natália Andrea Marín Garzón, Marta Serna Garcia, Fernando Sebastián Baldi Rey, Luis Artur Loyola Chardulo, Lucia Galvão de Albuquerque	
Avaliação do estresse térmico por termografia infravermelha em bovinos Caracu	176
Natalya Gardezani Abduch, Bianca Vilela Pires, Rogério Ribeiro Vicentini, Luana Lelis Souza, Claudia Cristina Paro de Paz, Nedenia Bonvino Stafuzza	
Identificação de assinaturas de seleção no cromossomo X da raça Nelore	179
Miller de Jesus Teodoro, Amanda Marchi Maiorano, Wellington Bizarria dos Santos, José Eduardo da Silva Lopes, Lucia Galvão de Albuquerque, Henrique Nunes de Oliveira	

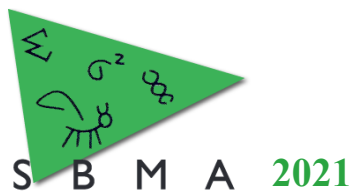


XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

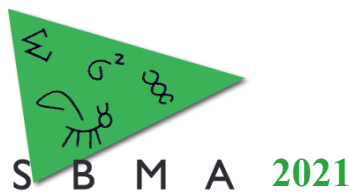
Estudo de associação genômica ampla para despigmentação em bovinos da raça Nelore	182
Giovana Vargas, Haroldo H. R. Neves, Natalia Andrea Marín Garzón, Gerardo Alves Fernandes Júnior, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Lucia Galvão de Albuquerque, Roberto Carvalheiro	
Análise genética para conformação de pernas e pés em bovinos da raça Nelore	185
Thales de Lima Silva, Delvan Alves da Silva, Giovana Vargas, Haroldo Henrique de Rezende Neves, Caio de Souza Teixeira, Roberto Carvalheiro	
Análise genética para hipoplasia testicular em bovinos da raça Nelore	188
Thales de Lima Silva, Delvan Alves da Silva, Giovana Vargas, Haroldo Henrique de Rezende Neves, Caio de Souza Teixeira, Roberto Carvalheiro	
Deteção de variantes funcionais baseada em biologia de sistemas: O caso da eficiência alimentar em bovinos de corte	191
Gabriela Ribeiro, Fernando Baldi, Aline Silva Melo Cesar, Pâmela Almeida Alexandre, José Bento Serman Ferraz, Heidge Fukumasu	
Avaliação da duração do período de teste de eficiência alimentar na raça Brahman	194
Thaynara Kellyn Teixeira, Marielle Moura Baena, Luma Maria Souza Machado, Jaime Urdapilleta Tarouco, Sarah Laguna Conceição Meirelles	
Curva de crescimento de fêmeas da raça Brahman	197
Larissa Raffaella Trindade Borges, Marielle Moura Baena, Sarah Laguna Conceição Meirelles, Felipe Amorim Caetano de Souza, Gabriela Rodrigues Vieira, Tales Jesus Fernandes	
Avaliação da diversidade genética de rebanhos bovinos Braford usando estatísticas FST	200
Araceli Rocío Marisel González, Francisco Javier Navas González, Gustavo Ángel Crudeli, Juan Vicente Delgado Bermejo, María Esperanza Camacho Vallejo, Celia Raquel Quirino	
Associação genética entre dias para o parto e habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos nas raças Hereford e Braford	203
Rafaela dos Santos Dias, Denise Rocha Ayres, Mário Luiz Santana Júnior, Annaiza Braga Bignardi, Roberto Carvalheiro, Mário Luiz Piccoli, Vanerlei Mozaquatro Roso, Rodrigo Junqueira Pereira	
Associação genética entre idade ao primeiro parto e habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos nas raças Angus e Brangus	206
Rafaela dos Santos Dias, Dalila Ribeiro dos Santos, Denise Rocha Ayres, Mário Luiz Santana Júnior, Annaiza Braga Bignardi, Roberto Carvalheiro, Mário Luiz Piccoli, Vanerlei Mozaquatro Roso, Rodrigo Junqueira Pereira	
Identificação de polimorfismos pleiotrópicos para precocidade sexual em bovinos da raça Nelore	209
Delvan Alves Silva, Thaise Pinto de Melo, Gabriel Soares Campos, Alessandra Alves Silva, Ivan Carvalho Filho, Lucia Galvão de Albuquerque, Roberto Carvalheiro	
Efeitos da heterose e recombinação sobre características de carcaça, medidas por ultrassonografia de bovinos compostos Montana Tropical®	212
José Bento Serman Ferraz, Joanir Pereira Eler, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira, Fernando de Oliveira Bussiman, Gabriela Giacomini, João Luis Oliveira, Yuri Farjala, Rafael Nuñez Dominguez, Luis Telo da Gama	
Efeitos da heterose e recombinação sobre características de crescimento de bovinos compostos Montana Tropical®	215
José Bento Serman Ferraz, Joanir Pereira Eler, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira, Fernando de Oliveira Bussiman, Gabriela Giacomeni, João Luis Oliveira, Rafael Nuñez Dominguez, Luis Telo da Gama	
Habilidade de predição genômica do cromossomo X sobre característica perímetro escrotal em bovinos da raça Nelore	218
Marina Ribeiro Araújo Santos, Gregório Miguel Ferreira de Camargo, Iara Del Pilar Solar Diaz, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Isis da Costa Hermisdorff, Ingrid Bulhões Pimenta, Caio Victor Damasceno Carvalho, Lucia Galvão de Albuquerque, Raphael Bernal Costa	



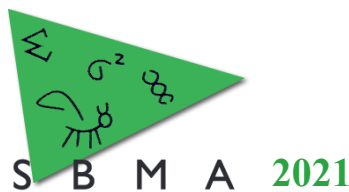
Predição de fatores de transcrição e seus sítios de ligações em genes diferencialmente expressos no tecido muscular de bovinos Nelore divergentes para o consumo alimentar residual	221
Danielly Beraldo dos Santos Silva, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Gabriela Bonfá Frezarim, Géssica Corrêa Gonçalves Pocchini; Mariely Simone Lopes Corrêa; Evandro Neves Silva; Thaís Cristina Ferreira dos Santos, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Sarah Figueiredo Martins Bonilha, Lucia Galvão de Albuquerque	
Predição de módulos <i>cis</i> -regulatórios em genes processados alternativamente associados com características de importância econômica de bovinos Nelore	224
Danielly Beraldo dos Santos Silva, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Bruna Maria Salatta, Thaís Cristina Ferreira dos Santos, Evandro Neves Silva, Mariely Simone Lopes Corrêa, Fernando Baldi, Luis Artur Loyola Chardulo, Lucia Galvão de Albuquerque	
Genes associados à frequência de consumo de água em bovinos da raça Nelore	227
Rafael Nakamura Watanabe, Priscila Arrigucci Bernardes, Tainã Figueiredo Cardoso, Luciana Correia de Almeida Regitano, Ricardo Andrade Reis, Danísio Prado Munari	
Resposta correlacionada para características reprodutivas em bovinos da raça Nelore selecionados p Para características de eficiência alimentar	230
Caroline Assis Almeida, Bárbara da Conceição Abreu Silva, Fernando de Oliveira Bussiman, Rachel Santos Bueno Carvalho, Elisângela Chicaroni de Mattos, Joanir Pereira Eler, Miguel Henrique de Almeida Santana, Tamires Miranda Neto, José Bento Sterman Ferraz	
Identificação do perfil de expressão de IncRNA associados a maciez da carne em bovinos Nelore	233
Gabriela Bonfá Frezarim, Maria Malane Magalhães Muniz, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Bruna Maria Salatta, Danielly Beraldo dos Santos Silva, Patrícia Iana Schmidt, Lucia Galvão de Albuquerque	
Parâmetros e tendências genéticas de características de crescimento de bovinos Nelore criados na região região Norte do Brasil	236
Jorge Luís Ferreira, Mariana Rocha Rodrigues, Matheus Henrique Dias Rodrigues, Ana Beatriz Bezerra Sousa, Rafael Espigolan, José Bento Sterman Ferraz	
Impacto da composição de grupos de contemporâneos na predição de valores genéticos para idade ao primeiro parto de novilhas Nelore	239
Larissa Bordin Temp, Delvan Alves Silva, Roberto Carneiro, Lucia Galvão de Albuquerque, Pamela Itajara Otto, Fernanda Breda Mello, Thaise Pinto de Melo	
O tamanho do grupo de contemporâneo afeta a avaliação genética da idade ao primeiro parto?	242
Larissa Bordin Temp, Delvan Alves Silva, Roberto Carneiro, Lucia Galvão de Albuquerque, Pamela Itajara Otto, Fernanda Breda Mello, Thaise Pinto de Melo	
Estimativas de parâmetros genéticos para características de carcaça e qualidade da carne em bovinos da raça Nelore, utilizando informação genômica	245
Leonardo Machedropo Arikawa, Patrícia Iana Schmidt, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Larissa Fonseca Simielli, Delvan Alves Silva, Luis Artur Loyola Chardulo, Roberto Carneiro, Lucia Galvão de Albuquerque	
Avaliação da interação genótipo x ambiente sobre a característica peso à desmama em bovinos da raça Nelore criados em diferentes regiões geoclimáticas na Bahia	248
Caio Victor Damasceno, Heik Pires de Souza, Thereza Cristina Calmon de Bittencourt, Raphael Bernal Costa	
Correlações genéticas entre perímetro escrotal e características de ultrassonografia de carcaça em bovinos compostos	252
Gabriel Costa Medeiros, Fernando de Oliveira Bussiman, Gabriela Giacomini, João Luis Oliveira, Felipe Eguti de Carvalho, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado, Elisângela Chicaroni de Mattos, Joanir Pereira Eler, José Bento Sterman Ferraz	



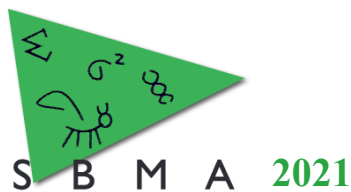
Efeito da idade da vaca sobre características de ultrassonografia de carcaça em bovinos compostos	255
Gabriel Costa Medeiros, Luis Telo da Gama, Joanir Pereira Eler, Elisangela Chicaroni de Mattos, Gabriela Giacomini, João Luis Oliveira, Rafael Nuñez Domingues, Fernando de Oliveira Bussiman, Felipe Eguti de Carvalho, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado, José Bento Sterman Ferraz	
Análise proteômica de plasma sanguíneo para identificação de biomarcadores para eficiência alimentar em bovinos	258
Henrique Gonçalves Reolon; Natalya Gardezani Abduch; Bruna Gabriela Bosquini; Claudia Cristina Paro de Paz; Nedenia Bonvino Stafuzza	
Grupos geneticamente similares em população bovina da raça Nelore	261
Milena Aparecida Ferreira Campos, Adriana Luize Bocchi	
Estudo de associação genômica ampla de emissão de metano em bovinos Nelore	264
Luana Lelis Souza, Leandro Sannomiya Sakamoto, Nedenia Bonvino Stafuzza, Sarah Bernardes Gianvecchio, Joslaine Noely dos Santos Goncalves Cyrillo, Lucia Galvao Albuquerque, Josineudson Augusto II Vasconcelos da Silva, Maria Eugenia Zerlotti Mercadante	
Alterações no perfil proteico do plasma sanguíneo em bovinos sob estresse térmico	267
Natalya Gardezani Abduch; Ana Claudia de Freitas; Henrique Gonçalves Reolon; Claudia Cristina Paro de Paz; Nedenia Bonvino Stafuzza	
Modelo de norma de reação genômica para detecção de interação genótipo × ambiente pré-natal sobre o crescimento pós-natal de bovinos Nelore	270
Mário Luiz Santana Júnior, Annaiza Braga Bignardi, Rodrigo Junqueira Pereira, Gerson Antônio de Oliveira Júnior, Anielly de Paula Freitas, Roberto Carneiro, Joanir Pereira Eler, José Bento Sterman Ferraz, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante	
Efeito da idade da vaca sobre características de crescimento em bovinos compostos, considerando-se os efeitos de recombinação no modelo de análise	273
Elisangela Chicaroni de Mattos, Gabriel Costa Medeiros, Luis Telo da Gama, Joanir Pereira Eler, Gabriela Giacomini, João Luis Oliveira, Rafael Nuñez Domingues, Fernando de Oliveira Bussiman, Felipe Eguti de Carvalho, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado, José Bento Sterman Ferraz	
Caracterização de novos lncRNA associados ao marmoreio da carne em bovinos Nelore	276
Bruna Maria Salatta, Maria Malane Magalhães Muniz, Larissa Fernanda Simielli Fonseca, Gabriela Bonfá Frezarim, Danielly Beraldo dos Santos Silva, Lucia Galvão de Albuquerque	
Indicativo de nova característica para selecionar matrizes nelore produtivas e longevas	279
Millena Fraga Santana, Milena Aparecida Ferreira Campos, Adriana Luize Bocchi	
Efeito da recombinação na estimação de valores genéticos aditivos de animais de raça Composto Montana® para ganho de peso a desmama	282
Filipe Ribeiro Rodrigues, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado, Luis Telo da Gama, Joanir Pereira Eler, Elisangela C.M. Oliveira, Gabriela Giacomini, João Luis Oliveira, Rafael Nuñez Dominguez, Gabriel Costa Medeiros, Bárbara da Conceição Abreu Silva, Felipe Eguti de Carvalho, José Bento Sterman Ferraz	
Análise de dados com medidas ultrassonográficas repetidas em bovinos de corte	285
Leonardo de Oliveira Seno, Éric Renan Zancanaro, Alexandre Rodrigo Mendes Fernandes, Maria Fernanda de Castro Burbarelli, Humberto Tonhati	
Influência das estimativas de componentes de variância sobre as predições genômicas para circunferência escrotal em bovinos Nelore	288
Daniel Cardona Cifuentes, Juan Diego Rodriguez Neira, Raysildo Barbosa Lôbo, Lucia Galvão de Albuquerque, Fernando Sebastián Baldi Rey	



Avaliação genômica utilizando o método de passo único para características reprodutivas em bovinos Nelore	291
Gabriel Soares Campos, Delvan Alves Silva, Haroldo H. R. Neves, Ivan Carvalho Filho, Lucia Galvão de Albuquerque, Roberto Carvalheiro	
Efeito do cromossomo X nas avaliações genômicas de idade ao primeiro parto	294
Louise Sarmento Martins de Oliveira, Iara Del Pilar Solar Diaz, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Isis da Costa Hermisdorff, Caio Victor Damasceno Carvalho, Gregório Miguel Ferreira de Camargo, Lucia Galvão de Albuquerque, Raphael Bermal Costa	
Influência de genearcas e novos genearcas da raça Nelore na composição genética de touros de centrais inseminação artificial no Brasil Identificação da distribuição de ilhas de homozigose em bovinos de corte da raça Braford	297
Darilene Ursula Tyska, Karine Aparecida Rodrigues de Souza, Alexandra Fabielle Pereira Viana, Gabriel Soares Campos, Fernando Flores Cardoso, José Braccini Neto, Filipe Ribeiro Rodrigues, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Caçado, José Bento Sterman Ferraz	
Efeito do cromossomo X nas avaliações genômicas da característica prenhez precoce	300
Victoria Camilla Parente Rocha, Louise Sarmento Martins de Oliveira, Iara Del Pilar Solar Diaz, Gregório Miguel Ferreira de Camargo, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Isis da Costa Hermisdorff, Caio Victor Damasceno Carvalho, Lúcia Galvão de Albuquerque, Raphael Bermal Costa	
Análise da estrutura de uma população da raça Senepol	303
Ana Carolina de Jesus Oliveira, Priscila Arrigucci Bernardes, Alejandro Barrera Carvajal, Thomaz Marques Sena, Raysildo Barbosa Lôbo, Danísio Prado Munari	
Inclusão da característica <i>stayability</i> no índice de qualificação genética do programa Embrapa Geneplus	306
André Luis Romeiro de Lima, André Luiz Julien Ferraz, Gustavo Garcia Santiago, Paulo Roberto Costa Nobre, Luiz Otávio Campos da Silva, Roberto Augusto de Almeida Torres, Guilherme Costa Venturini, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes	
Estimação de parâmetros genéticos para características dependentes do sexo relacionadas a eficiência reprodutivas em bovinos da raça Nelore	309
Felipe Eguti de Carvalho, Fernando de Oliveira Bussiman, Luiz Fernando Brito, Fernando A. Caçado, Gabriel C. Medeiros, Fernanda Scheneberguer, Caroline A. Almeida, Rafael Espigolan, Elisângela C. Mattos Oliveira, Joanir Pereira Eler, José Bento Sterman Ferraz	
Estimação de parâmetros genéticos para características seminais e de aptidão andrológica em touros da raça Nelore	312
Felipe Eguti de Carvalho, Fernando de Oliveira Bussiman, Luiz Fernando Brito, Victor Breno Pedrosa, José Domingos Guimarães, Marcio Ribeiro Silva, Fernando A. Caçado, Bárbara C. Abreu Silva, Alisson S. Acero Valderrama, Elisângela C. Mattos Oliveira, Joanir Pereira Eler, José Bento Sterman Ferraz	
Caracterização das corridas de homozigose no genoma de bovinos da raça Hereford	315
Darilene Ursula Tyska, Alexandra Fabielle Pereira Viana, Karine Aparecida Rodrigues de Souza, Gabriel Soares Campos, Fernando Flores Cardoso, José Braccini Neto	
Identificação da distribuição de ilhas de homozigose em bovinos de corte da raça Braford	318
Darilene Ursula Tyska, Karine Aparecida Rodrigues de Souza, Alexandra Fabielle Pereira Viana, Gabriel Soares Campos, Fernando Flores Cardoso, José Braccini Neto	
Desempenho de progênies de vacas F1 (Hereford x Nelore) acasaladas com touros de diferentes composições raciais	321
Denyus Augusto de Oliveira Padilha, Lukas Pfeiffer, Amauri Felipe Evangelista, Rafaela Martins, Laila Talarico Dias, Rodrigo de Almeida Teixeira	

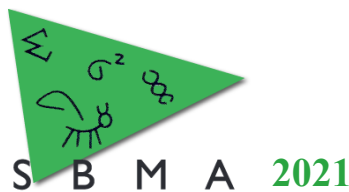


Parâmetros genéticos para consumo alimentar residual e individual em bovinos Nelore	324
André Luis Romeiro de Lima, Gustavo Garcia Santiago, André Luiz Julien Ferraz, Paulo Roberto Costa Nobre, Leonardo Martin Nieto, Luiz Otávio Campos da Silva, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior, Rodrigo da Costa Gomes, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes	
Deteção de variantes estruturais usando dados de sequenciamento de genoma completo de bovinos da raça Nelore	327
Natalia Andrea Marin Garzón, Giovana Vargas, Gerardo Alves Fernandes Junior, Roberto Carvalheiro, Lucia Galvão de Albuquerque	
Avaliação da endogamia através de corridas de homozigose (ROH) usando dados de sequenciamento de genoma completo de touros da raça Nelore	330
Natalia Andrea Marín Garzón, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Gerardo Alves Fernandes Junior, Lucia Galvão de Albuquerque	
Tendências fenotípicas para característica peso ao desmame em bovinos da raça Nelore na Amazônia Legal	333
Brena Nunes da Silva, Alexandre Costa Glins, Eleanatan Syanne da Cruz Ribeiro, Marcela Cristina Flexa do Amaral, Henrique Torres Ventura, Lais Costa Brito	
Desempenho ponderal na fase pré-desmame das progênes de touros Angus, Limousin e Wagyu acasalados com vacas Nelore e cruzada	336
Christian Borges de Souza, Karla Izidio Latta, André Luis Romeiro de Lima, Gabriel de Moraes Pereira, Andrei Pereira Neves, Thiago Luis Alves de Araújo, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior, Rodrigo da Costa Gomes, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes	
Inclusão do consumo alimentar residual na composição do índice de qualificação genética do programa Embrapa Geneplus para a raça Senepol	339
Christian Borges de Souza, André Luis Romeiro de Lima, Gabriel de Moraes Pereira, Karla Izidio Latta, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes	
Efeito da idade da mãe sobre características do bovino Montana Composto Tropical®	342
Gerardo Mamani, Luis Telo da Gama, Joanir Pereira Eler, Elisangela Chicaroni de Mattos, Gabriela Giacomini, João Luis Oliveira, Rafael Nuñez Dominguez, Bruna Folegatti Santana, Gabriel Costa Medeiros, José Bento Sterman Ferraz	
Comparação de sistemas de cruzamentos com touros Angus e Wagyu para a produção de carnes <i>Premium</i>	345
Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, Marina de Nadai Bonin Gomes, Marília Williani Figueira Pereira, Brenda Farias da Costa Leite Lopes, Lucy Mery Antônia Surita, Jaqueline Rodrigues Ferreira, Paulo Eduardo de Oliveira Monteiro, Thiago Luis Alves Campos de Araújo, Luis Carlos Vinhas Ítavo, Rodrigo da Costa Gomes	
Desempenho ponderal na fase pós-desmama de progênes de touros Angus, Limousin e Wagyu, acasalados com vacas Nelore e cruzadas	348
Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, Karla Izidio Latta, André Luis Romeiro de Lima, Christian Borges de Souza, Andrei Pereira Neves, Thiago Luis Alves Campos de Araújo, Gabriel de Moraes Pereira, Rodrigo da Costa Gomes, Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior	
Bovinos de Leite	351
Pós-GWAS aliadas a análise de variantes estruturais: genes e suas variantes potencialmente associados a resistência a carrapatos em bovinos	352
Cassiane Gomes dos Santos, João Inácio Gomes Vieira, Luana Rafaela Moraes, Aline Auxiliadora Silva Fernandes, Cristina Moreira Bonafé, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Lucas Lima Verardo	
Anotação funcional de variantes genéticas em genes candidatos para resistência a carrapatos em Bovinos	355
Cassiane Gomes dos Santos, João Inácio Gomes Vieira, Luana Rafaela Moraes, Aline Auxiliadora Silva Fernandes, Cristina Moreira Bonafé, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Lucas Lima Verardo	

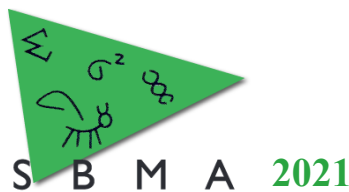


XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

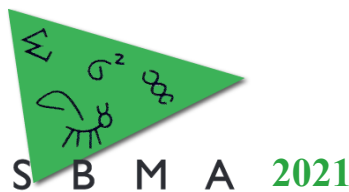
Parâmetros genéticos para número de oócitos e embriões na raça Gir	358
Renata de Fátima Bretanha Rocha ¹ , Pamela Itajara Otto, Arielly Oliveira Garcia, Mateus Guimarães dos Santos, Francelly Geralda Campos, Isabela de Oliveira Eiterer, João Cláudio do Carmo Panetto, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva, Simone Eliza Facioni Guimarães	
Bovinos da raça Guzerá e a produção de leite A2	361
Davi Pinheiro Teixeira, Raphael Bernal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Reconstrução de pedigree com uso de SNPs comuns a diferentes chips comerciais em Gir Leiteiro	367
Arielly Oliveira Garcia ¹ , Mateus Guimarães dos Santos, Renata de Fátima Bretanha Rocha, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias, Arícia Chaves Zanetti Reis, Pamela Itajara Otto, Julia Cristine Dias Louzada, Luiz Afonso Glatzl Júnior, João Claudio do Carmo Panetto, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva, Marco Antonio Machado, Simone Eliza Facioni Guimarães	
Parâmetros genéticos para <i>Stayability</i> em bovinos da raça Holandesa no Brasil	370
Hugo Teixeira Silva, Claudio Napolis Costa, Paulo Sávio Lopes, Renata Veroneze, Fabyano Fonseca e Silva	
Avaliação genômica da tolerância ao estresse calórico na produção de leite de búfalas usando um modelo de norma de reação genômico de passo único	373
Gabriela Stefani; Mário Luiz Santana Júnior; Lenira El Faro; Humberto Tonhati	
Estimativas de parâmetros genéticos sugerem viabilidade de seleção para duplo-propósito em bovinos Guzerá	376
Eula Regina Carrara, Paulo Sávio Lopes, Fabyano Fonseca e Silva, Renata Veroneze, Pedro Vita Brasil Ramos, Luiz Antônio Josahkian, Frank Angelo Tomita Bruneli, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto	
Acurácia de predição do valor genético para características de leite e corte em bovinos Guzerá via BLUP e <i>single-step genomic</i> BLUP	379
Eula Regina Carrara, Paulo Sávio Lopes, Fabyano Fonseca e Silva, Renata Veroneze, Alessandra Alves da Silva, José Teodoro de Paiva, Luiz Antônio Josahkian, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto	
Modelos de normas de reação para produção de leite em até 305 dias em bovinos da raça Girolando	382
Caio de Souza Teixeira, Ivan Carvalho Filho, Delvan Alves da Silva, Thales de Lima Silva, Darlene dos Santos Daltro, Renata Negri, Sabrina Kluska, Marco Antônio Machado, João Cláudio do Carmo Panetto, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva, Roberto Carneiro	
Deleção no gene <i>MC1R</i> altera coloração da pelagem em bovinos da raça Guzerá	385
Caroline Jesus Silva Santana, Jackeline Santos Alves, Louise Sarmento Martins de Oliveira, Marisa Silva Bastos, Raphael Bernal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Frequência alélica e genotípica para beta-caseína do leite em rebanhos leiteiros na microrregião de Araguaína, Tocantins, Brasil	388
Rodolfo Olinto Rotoli Garcia Oliveira, Jorge Luís Ferreira, Matheus Henrique Dias Rodrigues, Ana Beatriz Bezerra Sousa, Itallo Romero Marques Sobreira, Minos Esperandio de Carvalho, Helcileia Dias Santos, Silvia Minharro, José Bento Sterman Ferraz	
Avaliação do pagamento diferenciado para qualidade do leite praticado pelas indústrias do Brasil	391
Viviane Andrade Ligor ¹ , Vera Lúcia Cardoso ¹ , Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto, Frank Angelo Tomita Bruneli, Eula Regina Carrara, Lenira El Faro Zadra ¹	
Valores econômicos para características leiteiras em rebanhos mestiços da raça Guzerá	394
Viviane Andrade Ligor ¹ , Vera Lúcia Cardoso, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto, Frank Angelo Tomita Bruneli, Lenira El Faro Zadra	
Regiões de variação no número de cópias de alta confiança identificadas em bovinos Gir Leiteiro	397
Larissa Graciano Bragal ¹ , Thomaz Marques Sena, Marco Antônio Machado, João Cláudio do Carmo Panetto, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva, Tatiane Cristina Seleguim Chud, Danísio Prado Munari	



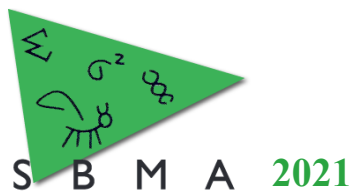
Caracterização funcional de regiões de variação no número de cópias identificadas em bovinos Gir Leiteiro	400
Larissa Graciano Braga, Rafael Nakamura Watanabe, Samla Marques Freire Cunha, João Cláudio do Carmo Panetto, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva, Tatiane Cristina Seleguim Chud, Danísio Prado Munari	
Biotecnologias reprodutivas aliadas à avaliação genética promovem aumento da produção de leite em búfalas	403
Rayanne Casabona Castanheira, Viviane Andrade Ligori, Otávio Bernardes, Pietro Sampaio Baruselli, Lenira El Faro Zadra, Nélcio Antônio Tonizza de Carvalho	
Avaliação da persistência da primeira lactação de vacas Holandesas por meio de modelo de regressão aleatória	408
Amauri Felipe Evangelista, Rafaela Martins, Lukas Pfeiffer, Altair Antônio Valoto, Laila Talarico Dias, Rodrigo de Almeida Teixeira	
Influência da frequência de ordenha sobre a curva de lactação em vacas Holandesas	409
Amauri Felipe Evangelista, Lukas Pfeiffer, Denyus Augusto de Oliveira Padilha, Altair Antônio Valoto, Laila Talarico Dias, Rodrigo de Almeida Teixeira	
Caracterização morfométrica da estrutura corporal de vacas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas	412
Alvimara Felix dos Reis, Maria Dulcinéia da Costa, José Reinaldo Mendes Ruas, Virgílio Mesquitas Gomes, Luciana Albuquerque Caldeira Rocha, Felipe Matheus Ferreira Chagas	
Caracterização morfométrica do sistema mamário de vacas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas	415
Alvimara Felix dos Reis, Maria Dulcinéia da Costa, José Reinaldo Mendes Ruas, Cinara da Cunha Siqueira Carvalho, Virgílio Mesquita Gomes, Luciana Albuquerque Caldeira Rocha	
Avaliação do peso ao nascimento para predição genética da facilidade de partos em bovinos Girolando	418
Luciana Almeida da Silva Olivera, Giovana da Silva Zanini, João Cláudio do Carmo Panetto, Marco Antonio Machado, Edivaldo Ferreira Júnior, Leandro de Carvalho Paiva, Thaise Pinto de Melo, Fernanda Breda Mello, Pamela Itajara Otto, Marcos Vinicius G. Barbosa da Silva	
Risco de descarte em função das características do composto mamário em vacas holandesas no Estado do Paraná	421
Lorena Carla Gomes Vernaschi, Altair Antonio Valloto, Rodrigo de Almeida Teixeira, Laila Talarico Dias	
Utilização do gene <i>PRDM9</i> em estudo de diversidade genética de bovinos da raça Sindi	424
Victoria Camilla Parente Rocha, Jackeline Santos Alves, Valdecy Aparecida Rocha Cruz, Gregório Miguel Ferreira de Camargo, Raphael Bermal Costa	
Association study between copy number variants and stillbirth in Holstein cattle	427
Hinayah R. Oliveira, Tatiane C. S. Chud, Gerson A. Oliveira Junior, Saranya G. Narayana, Lucas Alcantara, Kerry Houlahan, Christine F. Baes, Flavio S. Schenkel	
Influência de fatores não genéticos sobre a mortalidade perinatal de crias de vacas e novilhas puras e com alta porcentagem da raça Lucerna	430
Alejandra Álvarez Múnera, Maira Alejandra Mejía Sanchez, Natalia Andrea Marín-Garzón, Luis Gabriel González-Herrera	



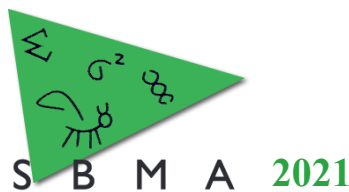
Caprinos e Ovinos	433
Meta-análise de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos	434
Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise de parâmetros genéticos para características reprodutivas em ovinos	437
Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise de estimativas de herdabilidade para características de carcaça em ovinos	440
Tatiana Cortez de Souza, Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista	
Meta-análise das estimativas de herdabilidade para característica de produção de lã em ovinos	443
Taiana Cortez de Souza, Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise das estimativas de correlação genética entre variáveis ligadas à produção de lã e crescimento em ovinos	446
Taiana Cortez de Souza, Bruno Delphino Medrado, Vitor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise das estimativas de correlações genéticas entre características de carcaça em ovinos	449
Tatiana Cortez de Souza, Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise de estimativas de correlações genéticas entre características ligadas à tolerância aos parasitos em ovinos	452
Luis Paulo Batista Sousa Junior, Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise de estimativas de herdabilidade para variáveis ligadas à resistência a parasitos em ovinos ..	455
Luis Paulo Batista Sousa Junior, Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Estimativa de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos cruzados Corriedale X Frisona	458
Mateus Guimarães dos Santos, Thaise Pinto de Melo, Mariana Carvalho de Barros, Pamela Itajara Otto, Arielly Oliveira Garcia, Renata de Fátima Bretanha Rocha	
Consumo alimentar residual e sua relação com características de carcaça e morfométricas em cordeiros da raça Dorper mantidos em confinamento	461
José Eduardo da Silva Lopes, Paola Perez Bóscollo, Francine de Campos Silvério, Pablo Dominguez Castaño, Amanda Marchi Maiorano, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	
Crescimento, eficiência alimentar e medidas de carcaça em cordeiros da raça Dorper mantidos em confinamento	464
José Eduardo da Silva Lopes, Miller de Jesus Teodoro, Matheus Henrique Vargas de Oliveira, Pablo Dominguez Castaño, Amanda Marchi Maiorano, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	
Efeitos fixos que influenciam a eficiência reprodutiva de ovelhas Santa Inês	467
Beatriz Bastos Senes, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Raphael Bermal Costa, Hymerson Costa Azevedo, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Deteção e quantificação de fraudes em leite e produtos lácteos de ovinos	470
Hiago Polli, Bianca Tainá Azevedo, Rodrigo Giglioti, Anibal Eugênio Vercesi Filho	
Comparação de métodos de agrupamento de ovinos por parâmetros de resistência a verminoses	473
Leonardo Sartori Menegatto, Ricardo Dutra do Bem, Luara Afonso de Freitas, Luiza Vage Coelho Sartori, Nedenia Bonvino Stafuzza, Claudia Cristina Paro de Paz	
Deteção e visualização de corridas de homozigosidade e desequilíbrio de ligação em populações de ovinos	476
Alana Selli, Ricardo Vieira Ventura, Pablo Augusto de Souza Fonseca, Marcos Eli Buzanskas, Lucas Tassoni Andrietta, Júlio César de Carvalho Balieiro, Luiz Fernando Brito	



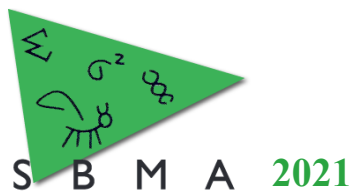
Genes candidatos funcionais para eficiência alimentar: revisão sistemática e análise funcional dos resultados de GWAS	479
Iris Assis Aganete, Gabriela Canabrava Gouveia, Clélia Soares de Assis, Luiz Gustavo Vieira da Silva, Sofia de Paula Ribeiro Tarabal, Idalmo Garcia Pereira	
Organismos Aquáticos	482
Acurácia da imputação de genótipos ao nível de sequência em tilápia do Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>) ...	483
Baltasar Fernandes Garcia Neto, Grazyella Massako Yoshida, José Manuel Yáñez, Roberto Carvalheiro	
Estimativas de endogamia baseadas em pedigree e corridas de homozigose em tilápias do Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>)	486
Isabella Almeida Ferreira, Baltasar Fernandes Garcia Neto, José Manuel Yáñez, Roberto Carvalheiro	
Associação entre características de crescimento em uma população melhorada de tilápia-do-Nilo	489
Gisele Ferreira da Silva, Carolina Schlotefeldt, Ricardo Pereira Ribeiro, Carlos Antonio Lopes de Oliveira	
Análises de imagens digitais para mensuração de áreas corporais de tilápia do Nilo: estimativas de herdabilidade e correlações genéticas com peso e rendimento de filé	492
Alex Júnio da Silva Cardoso, Carlos Antonio Lopes de Oliveira, Eric Costa Campos, Carolina Schlotefeldt, Karla Miky Tsujii, Fabyano Fonseca e Silva	
Associação genética entre peso corporal e rendimento de filé de tilápias do Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>)	495
Carolina Schlotefeldt, Gisele Ferreira da Silva, Elisângela De Cesaro, Eric Costa Campos, Alex Junio da Silva Cardoso, Carlos Antonio Lopes de Oliveira	
Impacto do efeito de ambiente comum em características morfométricas de tambaqui (<i>Colossoma macropomum</i>) avaliadas aos 6 e 12 meses de idade	498
Kétuly da Silva Ataidés, Luciana Shiotsuki, Baltasar Fernandes Garcia, Delvan Alves Silva, Giovana Vargas, Roberto Carvalheiro	
Development and validation of SNP panels for genomic selection of freshwater fish species tambaqui <i>Colossoma macropomum</i> and pacu <i>Piaractus mesopotamicus</i>	501
Vito A. Mastrochirico-Filho, Raquel B. Ariede, Milena V. Freitas, Carolina H. S. Borges, Lieschen V. G. Lira, Natália J. Mendes, John F. G. Agudelo, Pablo Cáceres, Milthon H. M. Berrocal, Gustavo A. L. Sucerquia, José M. Yáñez, Diogo T. Hashimoto	
Parâmetros genéticos para microsensibilidade ambiental do peso à despesca em tilápia do Nilo	503
Eric Costa Campos, Ricardo Pereira Ribeiro, Alex Júnio da Silva Cardoso, Carolina Schlotefeldt, Laís Santana Celestino Mantovani, Karla Miky Tsujii, Diogo Osmar Silva, Carlos Antonio Lopes de Oliveira	
Outros (equinos, coelhos, abelhas, animais silvestres, etc.)	506
Variabilidade do gene <i>PRDM9</i> em bubalinos	507
Luca Godoi Santana Rocha, Jackeline Santos Alves, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Regiões genômicas associadas à posição e ao número de redemoinhos na cabeça em equinos Quarto de Milha	510
Diogo Felipe Pereira de Assis Lima, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Guilherme Luís Pereira, Rogério Abdallah Curi, Raphael Bernal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Análises de variabilidade da linhagem materna de equinos marchadores	513
Beatriz Bastos Senes, Jackeline Santos Alves, Marisa Silva Bastos, Louise Sarmiento Martins de Oliveira, Ingrid Pereira Pinto Oliveira, Silel Vinícius Simões Andrade Maciel, Ivana Louise Santos Silva, Luís Fernando Batista Pinto, Raphael Bernal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	



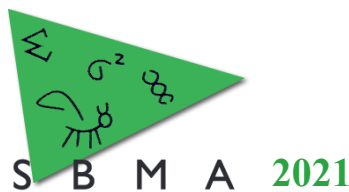
Associação Genômica Ampla (GWAS) de característica morfométrica em equinos da raça Campolina: altura na cernelha	516
Lisia Castro Krebs, Marina Monteiro de Moraes Santos, Brennda Paula Gonçalves Araujo, Maria Claudia Siqueira, Fabiany Costa Feitosa, Leonardo Gonçalves Gomes, Iara Del Pilar Solar Diaz, Gregório Miguel Ferreira de Camargo, Raphael Bermal Costa, Chiara Albano de Araújo Oliveira, Marina Mortati Dias Barbero, Erica Beatriz Schultz, Fernanda Nascimento de Godoi	
Parâmetros da endogamia em cavalos atletas de apartação da raça Quarto de Milha no Brasil	519
Larissa Yahagi Rodrigues, Ricardo António Silva Faria, Carolina Zucatelle, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva	
Probabilidade de origem do gene da população de cavalos da raça Quarto de Milha atletas na modalidade apartação no Brasil	522
Larissa Yahagi Rodrigues, Ricardo António Silva Faria, Carolina Zucatelle, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva	
Identificação de grupos genéticos distintos de asininos: um passo para reconhecimento de raças	525
Jackeline Santos Alves, Marcia da Silva Anjos, Louise Sarmento Martins de Oliveira, Marisa Silva Bastos, Chiara Albano de Oliveira, Luís Fernando Batista Pinto, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Gene da miostatina e a hipertrofia muscular em bubalinos	528
Jackeline Santos Alves, Sebastião Tavares Rolim-Filho, Humberto Tonhati, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
A pelagem lobuna em equinos da raça Campolina: um estudo de caso	531
Ivana Louise Santos Silva, Chiara Albano de Araújo Oliveira, Raphael Bermal Costa, Glebb Strauss Borges Junqueira, Beatriz Bastos Senes, Ingrid Pereira Pinto Oliveira, Silel Vinicius Simões Andrade Maciel, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Utilização de redes de haplótipos para análise de diversidade genética em raças norte americanas de equinos	534
Ingrid Pereira Pinto Oliveira, Beatriz Bastos Senes, Ivana Louise Santos Silva, Silel Vinicius Simões Andrade Maciel, Jackeline Santos Alves, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Associação genômica ampla para medidas morfométricas identifica genes relacionados ao desenvolvimento ósseo em equinos	537
Marisa Silva Bastos, Jackeline Santos Alves, Louise Sarmento Martins de Oliveira, Iara Del Pilar Solar Diaz, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Estudo preliminar do comportamento social em cavalos atletas da raça Quarto de Milha	540
Carolina Zucatelle, Ricardo António da Silva Faria, Larissa Yahagi Rodrigues, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	
Longevidade esportiva em cavalos atletas de velocidade da raça Quarto de Milha no Brasil	543
Carolina Zucatelle, Ricardo António da Silva Faria, Larissa Yahagi Rodrigues, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	
Associação Genômica Ampla (GWAS) de característica morfométrica em equinos da raça Campolina: altura na garupa	546
Lisia Castro Krebs, Marina Monteiro de Moraes Santos, Brennda Paula Gonçalves Araujo, Maria Claudia Siqueira, Fabiany Costa Feitosa, Leonardo Gonçalves Gomes, Iara Del Pilar Solar Diaz, Gregório Miguel Ferreira de Camargo, Raphael Bermal Costa, Chiara Albano de Araújo Oliveira, Marina Mortati Dias Barbero, Erica Beatriz Schultz, Fernanda Nascimento de Godoi	
Análise de GWAS usando modelos de regressão aleatória ajustados com diferentes funções para produção de leite em búfalos Murrah	549
Alessandra Alves Silva, Karina Rosa Silveira, Sirlene Fernandes Lázaro, Delvan Alves Silva, Gabriela Stefani, Humberto Tonhati	



Meta-análise de estimativas de herdabilidade para peso vivo em bubalinos	552
Keyla Rocha Ribeiro, Bruno Delphino Medrado, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise de correlações genéticas entre as medidas de peso vivo de búfalos em diferentes idades	555
Keyla Rocha Ribeiro, Bruno Delphino Medrado, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Correlação para características de redemoinho em equinos	558
R.A.C Cerqueira, V.A.R. Cruz, D.F.P de A. Lima, R.A. Curi, G.L. Pereira, R.B. Costa, G.M.F. de Camargo	
Herdabilidade para características de redemoinho em equinos	561
R.A.C Cerqueira, V.A.R. Cruz, D.F.P de A. Lima, R.A. Curi, G.L. Pereira, R.B. Costa, G.M.F. de Camargo	
Estimativa de parâmetros genéticos para medidas morfométricas em equinos	564
Silel Vinicius Simões Andrade Maciel, Beatriz Bastos Senes, Chiara Albano Araújo de Oliveira, Gleb Strauss Borges Junqueira, Ingrid Pereira Pinto Oliveira, Ivana Louise Santos Silva, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Iara Del Pilar Solar Diaz, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Avaliação do peso ao nascimento de perdizes (<i>Rhynchotus rufescens</i>) criadas em cativeiro com base em índice de seleção fenotípico para características produtivas	567
Ryan Gomes de Almeida, Claudianny Souto Maior de Moraes Vilar, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia, Matheus Vargas de Oliveira, Pablo Dominguez Castaño, Felipe Ferreira dos Santos, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	
Modelos de reprodutores múltiplos em avaliação genética de escargots <i>gros gris</i> (<i>Cornu aspersum</i> <i>maximum</i>) para idade à primeira oviposição	570
Claudiana de Fátima Miranda, Eula Regina Carrara, Gerson Barreto Mourão, Vinicius Silva Junqueira, Felipe André Oliveira Freitas, Arícia Chaves Zanetti Reis, Fernanda Larissa César Santos, Iris Assis Aganete, Thamires Aparecida Leôncio, Matheus Aparecido Salviano Lourenço, Kelvin Rodrigues Kelles, Leila de Genova Gaya	
Diversidade genética de raças equinas de tração	573
Ivana Louise Santos Silva, Silel Vinicius Simões Andrade Maciel, Louise Sarmento Martins de Oliveira, Marisa Silva Bastos, Jackeline Santos Alves, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Predição de valores genéticos para displasia coxofemoral em cães da raça Golden Retriever	576
Luíza Pinto Coelho Ribeiro Jardim, Fabiana Michelsen de Andrade, Letícia Weber Barbeiro, Thaís Ferreira Machado, Jaime Araújo Cobuci	
Predição de valores genéticos para displasia coxofemoral em caninos da raça: Boiadeiro Bernês	582
Fabiana Michelsen de Andrade, Rodrigo Leivas Nunes, Giovani Luis Feltes, Jaime Araújo Cobuci	
Análise comparativa entre ssGWAS e WssGWAS para produção de leite em uma população de búfalas leiteiras da raça Murrah	585
Diego Ortunio Rosa Gobo, Pamela Itajara Otto, Willian Bruno Fernandes de Andrade, Baltasar Fernandes Garcia Neto, Sirlene Fernandes Lázaro, Humberto Tonhati	
Quais espécies domésticas produzem leite A2? Uma análise <i>in silico</i>	588
Louise Sarmento Martins de Oliveira, Jackeline Santos Alves, Marisa Silva Bastos, Maria Luiza Bertani, Raphael Bermal Costa, Gregório Miguel Ferreira de Camargo	
Ganhos genéticos esperados e realizados para peso corporal em <i>escargots</i> (<i>Cornu aspersum</i> <i>maximum</i>)	591
Thamires Aparecida Leôncio, Rui Macieira Figueiredo Silva, Felipe André Oliveira Freitas, Matheus Aparecido Salviano Lourenço, Claudiana de Fátima Miranda, Iris Assis Aganete, Arícia Zanetti Reis, Fernanda Larissa César Santos, Kelvin Rodrigues Kelles, Leila de Genova Gaya	



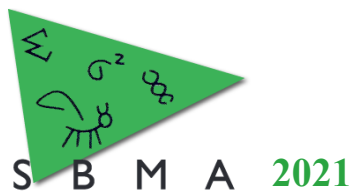
Influência no desempenho de diferentes formas físicas da ração em perdizes da espécie <i>Rhynchotus rufescens</i>	594
Thaís Ferreira dos Santos Zullo, Ricardo Antônio Silva Faria, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia, Claudianne Souto Maior de Moraes Vilar, Beatriz Nicoletti Ferreira Amoras, Larissa Yahagi Rodrigues, Carolina Zucatelle, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva	
Avaliação do peso do ovo e peso ao nascimento como possíveis causas relacionadas à taxa de mortalidade de filhotes de perdizes (<i>Rhynchotus rufescens</i>) criadas em cativeiro	597
Ryan Gomes de Almeida, Claudianne Souto Maior de Moraes Vilar, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia, Paula Mamani Mamani, Felipe Ferreira dos Santos, Matheus Vargas de Oliveira, Pablo Dominguez Castaño, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	
Análise do comportamento e crescimento de perdizes (<i>Rhynchotus rufescens</i>) em cativeiro com adição de <i>Matricaria chamomilla</i> na dieta	600
Camila Shyu Fiorindo, Thaís Ferreira dos Santos Zullo, Beatriz Nicoletti Ferreira Amoras, Claudianne Souto Maior de Moraes Vilar, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia, Matheus Vargas de Oliveira, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva	
Estudo de RNAs não codificantes no genoma da raça de cavalos Mangalarga Marchador	602
Wellington B. Santos, Amanda M. Maiorano, Miller J. Teodoro, Gustavo P. Schettini, Henrique N. Oliveira, Rogério A. Curi	
Estatística aplicada ao Melhoramento Animal	603
Impacto dos modelos de regressão aleatória ajustados usando polinômios de Legendre ou B-Splines na avaliação genômica em búfalos Murrah	604
Alessandra Alves Silva, Delvan Alves Silva, Sirlene Fernandes Lázaro, Karina Silveira, Gabriela Stefani, Humberto Tonhati	
Efeito da herdabilidade e arquitetura genética na acurácia da predição genômica de animais cruzados Utilizando dados simulados	607
Letícia Fernanda de Oliveira, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias, Arícia Chaves Zanetti Reis, Alvimara Felix dos Reis, Fernanda Larissa Cesar Santos, Tainara Luana da Silva Soares, Renata Veroneze	
Meta-análise de correlações genéticas entre características de qualidade do leite de búfalo	610
Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Meta-análise de estimativas de herdabilidade para características de qualidade do leite em búfalos	613
Valdecy Aparecida Rocha da Cruz, Bruno Delphino Medrado, Victor Breno Pedrosa, Luís Fernando Batista Pinto	
Efeito da recombinação no valor genético aditivo de animais de raça Composto Montana® para peso aos 12 meses	616
Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado, José Bento Sterman Ferraz, Joanir Pereira Eler, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira, Gabriela Giacomini, João Luis Oliveira, Rafael Nuñez Dominguez, Gabriel Costa Medeiros, Bárbara da Conceição Abreu Silva, Felipe Eguti de Carvalho, Luis Telo da Gama	
Impacto da utilização de pseudo-fenótipos na predição dos valores genéticos de características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore	619
Caroline Assis Almeida, Fernando de Oliveira Bussiman, Bárbara da Conceição Abreu Silva, Rachel Santos Bueno Carvalho, Elisângela Chicaroni de Mattos, Joanir Pereira Eler, Miguel Henrique de Almeida Santana, Tamires Miranda Neto, José Bento Sterman Ferraz	
Modelagem de funções adaptativas quanto à ocorrência de diferentes tipos de seleção artificial e natural em rebanhos de ovinos com ocorrência de parasitoses	622
Leonardo Sartori Menegatto, Ricardo Dutra do Bem, Luara Afonso de Freitas, Luiza Vage Coelho Sartori, Nedenia Bonvino Stafuzza, Claudia Cristina Paro de Paz	



Parâmetros genéticos relacionados à tolerância ao estresse térmico durante o final da gestação para o crescimento pós-natal de bovinos de corte compostos	625
Matheus Gomes Rodrigues Cardoso, Annaiza Braga Bignardi, Joel Alves da Silva, José Bento Sterman Ferraz, Joanir Pereira Eler, Alberto Menéndez-Buxadera, Rodrigo Junqueira Pereira, Mário Luiz Santana Júnior	
Interação genótipo × ambiente térmico durante o final da gestação para peso ao nascimento de bovinos de corte compostos	628
Joel Alves da Silva, Annaiza Braga Bignardi, Matheus Gomes Rodrigues Cardoso, José Bento Sterman Ferraz, Joanir Pereira Eler, Alberto Menéndez-Buxadera, Rodrigo Junqueira Pereira, Mário Luiz Santana Júnior	
Efeitos dos erros de genotipagem na estimação dos valores genéticos genômicos: um estudo de simulação	631
Fernanda Schneberger, Rafael Espigolan, Alisson Stefany Acero Valderrama, Bárbara da Conceição Abreu Silva, Fernando de Oliveira Bussiman, Caroline Assis Almeida, Felipe Eguti de Carvalho, José Bento Sterman Ferraz, Elisângela Chicaroni Mattos, Fernando Baldi, Joanir Pereira Eler	
Caracterização da estrutura populacional genotípica do Composto Tropical Montana®	634
Camila Alves dos Santos, José Bento Sterman Ferraz, Rafael Espigolan, Concepta McManus, Tiago do Prado Paim	
Avaliação genética genômica utilizando grupos de pais desconhecidos em características de baixa herdabilidade	637
Alisson Stefany Acero Valderrama, Bárbara da Conceição Abreu Silva, Fernando de Oliveira Bussiman, Rafael Espigolan, Caroline Assis Almeida, Fernanda Schneberger dos Santos, Felipe Eguti Carvalho, Joanir Pereira Eler	
Estabilidade dos valores genéticos genômicos para ganho de peso da desmama ao sobreano com o uso de reprodutores múltiplos e grupos de pais desconhecidos em bovinos Nelore	640
C Alisson Stefany Acero Valderrama, Bárbara da Conceição Abreu Silva, Fernando de Oliveira Bussiman, Rafael Espigolan, Caroline Assis Almeida, Fernanda Schneberger dos Santos, Felipe Eguti Carvalho, Elisângela Chicaroni Mattos, José Bento Sterman Ferraz, Joanir Pereira Eler	
Impacto da seleção genômica sobre as estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodutivas em bovinos Nelore	643
Daniel Cardona Cifuentes, Raysildo Barbosa Lôbo, Lucia Galvão de Albuquerque, Fernando Sebastián Baldi Rey	
Aplicação de Árvores de Decisão em atributos extraídos via método Local Binary Patterns (LBP) para classificação do escore de marmoreio em bovinos de corte	646
Diógenes Lodi Pinto, Lucas Tassoni Andrietta, Dan Tulpan, Gordon Vander Voort, Jasper Munro, Roberto Carneiro, Júlio Cesar de Carvalho Balieiro, Ricardo Vieira Ventura	
Impacto nos parâmetros e valores genéticos de consumo alimentar residual causado pela adoção de análises bivariadas com medidas de eficiência hídrica em bovinos Senepol	649
Gabriel de Moraes Pereira, Andréa Alves do Egito, Karla Izidio Latta, André Luis Romeiro de Lima, Christian Borges de Souza, Rodrigo da Costa Gomes, Marcelo Neves Ribas, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior, José Antônio Fernandes Júnior, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes	
Ensino em Melhoramento	652
Projeto de ensino nas Disciplinas de Inverno na área de Melhoramento Genético Animal da UFJ	653
Camila Alves dos Santos, Milena Aparecida Ferreira Campos, Adriana Luize Bocchi	

PALESTRAS





Inferência causal aplicada ao melhoramento animal: panorama e perguntas não respondidas

Bruno Valente

Genusplc United States

bruno.valente@genusplc.com

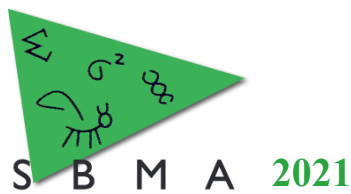
Resumo: Nas últimas duas décadas, aplicações diferentes de modelos gráficos causais foram propostas em genética e genômica animal. Conceitos causais também foram usados na proposição de que a avaliação genética padrão não é um exercício de predição, mas de inferência causal, o que afeta a construção e comparação de modelos. Porém, muitas perguntas necessárias para continuar o desenvolvimento desta área ainda não foram respondidas. Princípios causais também são pouco explorados para elucidar questões frequentes que parecem exigir tais princípios (e.g. a suposta dicotomia entre predição genômica com modelos “black-box” e inferência de “arquitetura” genômica). Esta apresentação estabelece um *status quaestionis* para estes tópicos, incluindo conceitos fundamentais, erros comuns, perguntas em aberto e oportunidades de pesquisa.

Introdução – conceitos fundamentais

O propósito deste trabalho é apresentar fundamentos e métodos de inferência causal propostos em genética animal, mas com uma abordagem geral que difere de revisões anteriores pelo foco mais intenso em pontos problemáticos de interpretação e perguntas não respondidas. Um tópico fundamental é a diferença entre associação e efeito causal. Esta distinção é intuitiva em muitos cenários, mas pode ser menos clara especialmente na aplicação e interpretação de alguns tipos de análises estatísticas. Por exemplo, é comum denominar e interpretar coeficientes de regressão estimados como efeitos, quando por si mesmos são apenas associações.

Uma associação pode ser vista como a descrição de como os valores de duas ou mais variáveis estão relacionados. Esta informação pode ser suficientemente derivada de uma distribuição conjunta. Covariância, correlação e regressão são maneiras típicas de expressar associações. Predições pertencem a este conjunto de informações suficientemente deriváveis de uma distribuição. Por exemplo, um preditor de uma variável y com base em x pode ser representado por $E(y|x)$, expressando como o valor esperado de y muda se diferentes valores de x são observados.

Efeitos causais representam um tipo diferente de relacionamento entre variáveis. Uma maneira de definir uma relação causal $x \rightarrow y$ seria pela representação de como o valor esperado de y mudaria se diferentes valores de x fossem estabelecidos por intervenções externas. (i.e. não apenas observados). Parte desta distinção é a assimetria dos efeitos causais (e.g. $x \rightarrow y$ indica que y responde intervenções externas em x , mas x não responde a intervenções externas em y), enquanto meras associações são simétricas (e.g. dizer que x está associado a y é o mesmo que dizer que y está associado a x). Apesar da distinção, existe uma relação entre efeito causal e associação. Efeitos causais produzem associações como consequências observáveis.



Outra importante diferença é que efeitos causais não podem ser suficientemente inferidos de uma distribuição de probabilidade, pois diferentes relações causais podem resultar na mesma associação. Por exemplo, uma associação entre x e y pode ser igualmente explicada por $x \rightarrow y$, $x \leftarrow y$, ou $x \leftarrow c \rightarrow y$. A possibilidade de diferentes estruturas causais resultarem na mesma distribuição conjunta é uma das dificuldades na inferência do relacionamento causal entre (especialmente pares de) variáveis. Por outro lado, sistemas causais mais complexos podem apresentar aspectos que deixam marcas na distribuição conjunta. Por exemplo, *d-separations* em grafos causais (diagramas com variáveis conectadas por setas representando relações causais) resultam em independências condicionais na distribuição das variáveis envolvidas (Pearl, 2000, Valente et al., 2015). Esta relação entre grafo causal e distribuição conjunta das variáveis possibilitou o desenvolvimento de algoritmos que buscam por estruturas causais compatíveis com as independências condicionais nesta distribuição. Grafos causais também podem ser usados para expressar premissas causais. Neste contexto, outra utilidade da relação entre grafos causais e distribuição conjunta é permitir verificar se um coeficiente de regressão de um modelo ajustado está identificando um efeito causal específico de acordo com as premissas causais (Pearl, 2000).

Todo aprendizado de efeitos causais exige premissas causais. Por exemplo, algoritmos de busca de estrutura causal geralmente assumem suficiência causal (*i.e.* dado um conjunto de variáveis investigadas, não há variáveis fora do conjunto que afetam duas ou mais variáveis dentro dele). Verificar se um modelo de regressão identifica um efeito causal assume conhecimento a priori sobre a estrutura causal relacionando as variáveis deste modelo. Isso faz com que a inferência causal em dados observacionais seja especialmente desafiadora. Por que então usar tais métodos se suas premissas são mais difíceis de aceitar do que métodos baseados em associações e preditores? A questão é que os dois tipos de métodos não são possíveis alternativas para satisfazer um mesmo objetivo de pesquisa. Se uma investigação tem como objetivo responder uma pergunta causal (e.g. Qual a influência de x em y ? É possível melhorar y com intervenções nos valores de x ?), associações e preditores não vão poder atender às exigências da pergunta, não importando o quão fácil seja aceitar suas premissas.

Modelos de equações estruturais

Modelos de Equações Estruturais (MES) são a aplicação mais notória de inferência causal no contexto de modelos mistos e genética animal (Gianola; Sorensen, 2004). Enquanto modelos multicaracterísticas (MMC) tradicionais representam relações entre características somente por meio de componentes de covariância, MES adicionalmente permitem que o fenótipo de uma característica possa sofrer efeito direto de fenótipos de outras características. Guiando-se por um grafo representando o relacionamento causal entre múltiplas características fenotípicas, cada característica y_i é incluída como covariável de uma característica y_j se of grafo contém $y_i \rightarrow y_j$. Isso permite a inferência dos efeitos entre fenótipos.

Como MMC já são saturados parametricamente, a inclusão de mais fontes de associação entre características torna o modelo não-identificável. Desde as primeiras aplicações em genética animal, a principal maneira de lidar com este problema é diagonalizando a matriz de covariância residual. Isto é frequentemente apresentado como uma simples restrição paramétrica. Porém, há

uma premissa causal forte incluída da qual depende qualquer interpretação causal do modelo: assumir resíduos independentes implica em assumir suficiência causal.

Outra premissa na aplicação de MES é a de que a estrutura causal entre características é conhecida, mas esta pode ser aliviada pela aplicação de algoritmos de busca de estruturas causais mencionados anteriormente. Entretanto, no contexto de modelos mistos, estes algoritmos não podem ser aplicados diretamente na distribuição das características observáveis, já que efeitos genéticos correlacionados quebram a premissa de suficiência causal. Valente et al., (2010) mostraram que, neste contexto, a busca por estruturas causais pode ser realizada na distribuição conjunta das características condicionalmente aos efeitos genéticos, o que corresponde à matriz de covariância residual do MMC.

O limite de tais algoritmos de busca é a chamada equivalência causal: não se pode distinguir entre estruturas causais que impõem o mesmo conjunto de independências condicionais. Dentro deste limite, os pares de variáveis conectadas são corretamente identificados pelo algoritmo de busca, mas parte das direções causais podem permanecer não resolvidas. Algo ainda não explorado para direcionamento extra de conexões causais são métodos que analisam padrões de relacionamento entre resíduos e causas (e.g. múltiplos métodos apresentados em Glymour et al., (2019)). Sob determinadas condições, tais métodos permitem selecionar direções causais mesmo em contextos com apenas um par de variáveis associadas.

As primeiras aplicações de MES mistos deixavam claro que estes modelos inferiam informações adicionais em relação aos MMC, mas as vantagens disto para programas de seleção não estavam claras. Além disso, faziam-se interpretações causais dos efeitos entre características fenotípicas, mas a interpretação dos demais parâmetros e outros elementos do MES eram evitadas. Valente et al., (2013) apresentaram uma interpretação de todos os elementos do MES, especialmente em comparação com elementos análogos dos MMC. Na parte genética do modelo, MMC consideram efeitos genéticos totais. Alternativamente, MES apresentam efeitos genéticos diretos em cada característica, enquanto as conexões causais entre fenótipos permitem a partição dos efeitos genéticos totais em diretos e indiretos (estes últimos mediados por outras características fenotípicas). Quanto à utilidade desta informação, os autores concluíram que mesmo conhecendo a partição dos efeitos genéticos em diretos e mediados, a informação fundamental para cenários típicos de seleção são os efeitos genéticos totais, algo que os MMC já fornecem. Por outro lado, e como é típico para inferências causais, somente os MES fornecem informações para prever como intervenções externas nas características (e.g. erradicação de doenças, cross-fostering, intervenções em partos, etc.) afetariam os méritos genéticos.

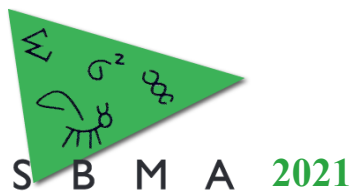
MES foram posteriormente adaptados para GWAS (e.g. Momen et al., 2018; Wang et al., 2020, que permitem particionar os efeitos de variantes genômicas totais em efeitos diretos e mediados) e na integração de dados multi-omics (Penagaricano et al., 2015). Várias outras aplicações foram feitas, mas muitas dúvidas ainda permanecem a respeito dos métodos propostos até agora. Estudos que podem ser úteis incluem: a) a validação do poder dos MES em prever méritos genéticos em cenários de intervenção, b) a possibilidade de modelar GxE expressando diferentes ambientes, como intervenções/modificações na estrutura causal, c) interações entre genótipo e sexo em sistemas envolvendo características expressas em um só sexo, e d) modelagem causal de variáveis múltiplas provenientes de fenotipagem em grande escala (*high-throughput phenotypes*).

Avaliação genética como inferência causal

Uma questão mais ampla de aplicação de inferência causal no melhoramento animal diz respeito à construção e avaliação de modelos padrão para avaliação genética. Essa tarefa apresenta algumas contradições geralmente pouco percebidas. Por um lado, sabe-se que modelos de predição não são geralmente propícios para aprendizado causal. A avaliação genética é geralmente considerada uma atividade de predição. Modelos são avaliados principalmente pela capacidade preditiva. Discussões sobre identificabilidade de efeitos causais estão essencialmente ausentes na literatura. Por outro lado, os preditores resultantes são interpretados como efeitos genéticos, que por sua vez são definidos em genética quantitativa com termos causais. O termo “efeito” em si pertence ao reino causal. Parece existir, portanto uma contradição entre a interpretação teórica da quantidade inferida (e.g. GEBVs) e as metodologias utilizadas para tal inferência.

Um caminho para resolver essa questão é investigar se programas de seleção exigem o aprendizado de efeitos genéticos causais entre o genoma G e o fenótipo y ou se a capacidade de predição genômica seria suficiente. Valente et al. (2015) argumentaram que em programas de seleção, algo é feito para modificar (i.e. por intervenção) a constituição alélica de G da geração seguinte, com a expectativa de que y responderá a esta intervenção. Isso indica que o processo assume $G \rightarrow y$. Uma associação entre G e y que não tem contribuição proveniente de $G \rightarrow y$ também poderia ser utilizada para predição genômica. Porém, se não há $G \rightarrow y$, não haveria resposta de y nas gerações futuras à seleção com base nesses preditores. Em outras palavras: se a resposta à seleção depende de $G \rightarrow y$, se adicionalmente queremos modificar a constituição alélica das gerações futuras para melhorar y e, finalmente, se estes alelos são provenientes dos indivíduos da geração atual, então identificar os melhores reprodutores corresponde a identificar os indivíduos com alelos que tenham melhor efeito causal em y , e não alelos que estejam apenas associados aos melhores valores de y . Se GEBVs são usados como critério de seleção, assume-se que representam $G \rightarrow y$.

Considerando que avaliações genéticas são primariamente inferência causal, a construção e avaliação dos modelos usados nesta tarefa deveriam ser guiados por métodos adequados. Aqui incluem-se o estabelecimento de premissas causais e verificação de identificabilidade dos efeitos alvo, o que afetaria especialmente a escolha de covariáveis. De acordo com as premissas causais, covariáveis que bloqueiam trilhas causais de confundimento ligando G e y devem ser incluídas. Covariáveis que possam fazer mediação do efeito de G em y , ou que possam ser causados por ambos G e y devem ser evitadas. Neste sentido, a habilidade de predição não deveria ser o critério primário de avaliação da qualidade do modelo, pois bons preditores podem explorar associações entre G e y que não representam $G \rightarrow y$. Um dos exemplos simulados apresentados em Valente et al. (2015) envolve a avaliação genética de uma característica não herdável y_D afetada por uma característica herdável y_m . Dois modelos alternativos para a avaliação genética de y_D são propostos. O modelo M_1 inclui y_m como covariável (e.g. como se aplica frequentemente em “correções” para peso corporal, produção de leite, etc.) e permite boa capacidade de predição genômica de y_D (o preditor genômico explora a trilha $G \rightarrow y_m \leftarrow y_D$ que ativamente gera associações quando y_m é incluído no modelo). O modelo M_2 ignora y_m e apresenta capacidade de predição praticamente nula. Se os dois modelos são comparados por habilidade de predição, M_1 deve ser escolhido. Porém, M_2 é o modelo que fornece a informação necessária para seleção: o efeito de G em y_D .



Mais especificamente, M_2 é o modelo que informa que não há efeito de G em y_D , (i.e. y_D é não herdável) e portanto não haveria resposta à seleção.

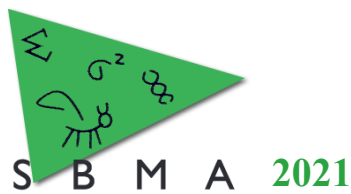
Dificuldades relacionadas ao encadeamento causal entre variáveis em um modelo têm sido destacadas em estudos de efeitos de microbioma (e.g. Maltecca et al., 2019; Perez-Enciso et al., 2021). As considerações de premissas causais expressas em grafos indicam que efeitos de microbioma em características fenotípicas seriam espúrios na ausência de correção para efeitos genômicos. Se o microbioma media parte do efeito genético em determinada característica, o uso de pre/probióticos podem afetar a validade de avaliações genéticas. As premissas causais também indicam que a inclusão de efeitos de microbioma em modelos de avaliação genética resultaria em viés.

Após as conclusões de Valente et al., (2015), muitas perguntas ainda permanecem. Se teoria e simulações indicam que a habilidade de predição não reflete diretamente a capacidade do modelo em inferir efeitos genéticos, então qual deveria ser a maneira adequada de validar modelos? Se condicionamentos a características herdáveis frequentemente resultam em problemas, como isso afeta a avaliação genética de características que são intrinsecamente construídas por condicionamento de características herdáveis como consumo alimentar residual (*residual feed intake*)? De que modo a avaliação genética começou a ser considerada como uma tarefa de predição pela comunidade científica? Essa interpretação foi adotada como uma rejeição consciente de interpretações causais, ou foi algo acidental herdado do desenvolvimento das metodologias de avaliação genética?

Inferência x predição genômica

Uma dicotomia tem sido frequentemente utilizada para definir o que é a avaliação genética com base em informações genômicas (veja por exemplo Perez-Enciso, 2021; Gianola, 2021). Declara-se que essa atividade é (A) uma tarefa de predição de grande sucesso na área de melhoramento animal. Por ser uma tarefa de predição, modelos de tipo *black-box* podem ser explorados, já que não há exigência de interpretabilidade. Isso também permite explorar multidimensionalidade ao invés de interpretar coeficientes de marcadores individuais. Tais modelos são falseáveis por testes de predição. Em contrapartida, a avaliação genética não é (B) uma tarefa de inferência, relacionada com aprendizado de arquitetura genética. Inferências deste tipo poderiam ser baseadas em *single-marker-regression* ou modelos de regressão múltipla, mas efeitos de marcadores deveriam ser interpretados como causais. Abordagens deste tipo necessariamente assumem ou inferem informações detalhadas de sistemas biológicos.

Essa visão parece se basear em uma falsa dicotomia se considerarmos as informações da seção anterior, que indicam que a avaliação genética não parece se encaixar bem em (A) ou (B). O encaixe em (A) é problemático pois a informação supracitada mostra que a atividade não se trata de um puro exercício de predição. Como exemplo ilustrativo, considere um alelo de um SNP humano qualquer em alta frequência apenas no Brasil e em nenhum outro país. Isso já torna possível fazer predições genômicas de qualquer hábito tipicamente brasileiro (e.g. comer brigadeiro em festas de aniversário) com base nesse SNP. Mas a possibilidade de fazer esta predição não contém em si a expectativa de que a seleção para este alelo em uma população



qualquer do mundo levaria cada vez mais pessoas a comer brigadeiros em festas de aniversário (resposta análoga ao que se esperaria em um programa de seleção). Isso só pode ser esperado se aquele alelo não estivesse apenas associado ao hábito, mas se ele causasse o hábito.

Mas isso não significa que avaliação genética é (B). A exigência de interpretação causal do preditor genômico não implica na exigência de aprendizado de efeitos causais de marcadores individuais. Ao comparar o GEBV de dois reprodutores para seleção, a premissa é que estes GEBVs repondem a seguinte pergunta: qual o efeito causal em uma progênie futura se o reprodutor A for utilizado em relação a B? Essa é a interpretação quando se faz seleção com base em soluções de modelos do tipo *black-box*. A capacidade de inferir estes efeitos para os genomas de A e B não exigem a capacidade de inferir corretamente o efeito de cada marcador.

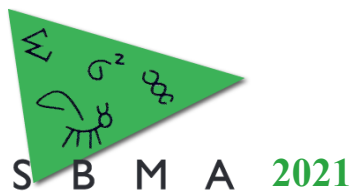
Se por um lado efeitos de marcador podem ser ignorados, por outro as premissas causais não podem ser ignoradas, já que são necessárias para qualquer tipo de aprendizado causal. Essas premissas causais são relacionadas à “arquitetura” de sistemas biológicos, mas não correpondem necessariamente à conhecimentos detalhados de sistemas complexos. Em geral, estas são premissas de relacionamentos causais entre variáveis que podem ser incluídas no modelo. Como no exemplo dado anteriormente, o conhecimento de “arquitetura” exigido poderia ser simplesmente saber que se uma variável é afetada por G , ela provavelmente não deveria ser incluída como covariável no modelo. Note, porém, que se GEBVs de um modelo qualquer são usados para decisões de seleção, premissas causais são feitas mesmo que implicitamente. Qualquer uso de GEBVs para seleção assume que o modelo de avaliação está identificando os efeitos causais genéticos aditivos individuais. Isto indica que o uso de “arquiteturas” não pode ser totalmente evitado, pois o uso de GEBVs de um modelo como critério de seleção assume (implicitamente ou não) uma “arquitetura” que permita que aquele modelo identifique $G \rightarrow y$.

Agradecimentos

Esse trabalho é dedicado ao amigo Fabyano Silva (*in memoriam*), que sugeriu o tema e acompanhou seu desenvolvimento inicial.

Referências

- Judea Pearl. 2009. Causality: Models, Reasoning and Inference (2nd. ed.). Cambridge University Press, USA.
- Daniel Gianola and Daniel Sorensen, Quantitative Genetic Models for Describing Simultaneous and Recursive Relationships Between Phenotypes, GENETICS July 1, 2004 vol. 167 no. 3 1407-1424;
- Gianola D (2021) Opinionated Views on Genome-Assisted Inference and Prediction During a Pandemic. Front. Plant Sci. 12:717284.
- Glymour C, Zhang K and Spirtes P, (2019) Review of Causal Discovery, Methods Based on Graphical Models. Front. Genet. 10:524
- Maltecca C, Bergamaschi M, Tiezzi F. The interaction between microbiome and pig efficiency: A review. J Anim Breed Genet. 2020 Jan;137(1):4-13.



Momen, M., Campbell, M.T., Walia, H. et al. Utilizing trait networks and structural equation models as tools to interpret multi-trait genome-wide association studies. *Plant Methods* 15, 107 (2019).

Peñagaricano F, Valente BD, Steibel JP, Bates RO, Ernst CW, Khatib H, Rosa GJ. Exploring causal networks underlying fat deposition and muscularity in pigs through the integration of phenotypic, genotypic and transcriptomic data. *BMC Syst Biol.* 2015 Sep 16;9:58.

Pérez-Enciso M, Zingaretti LM, Ramayo-Caldas Y, de Los Campos G. Opportunities and limits of combining microbiome and genome data for complex trait prediction. *Genet Sel Evol.* 2021;53(1):65.

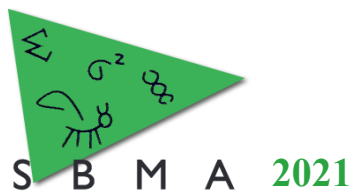
Pérez-Enciso, M. (2021), Breeding beyond genomics. *J Anim Breed Genet*, 138: 275-276.

Bruno D. Valente, Guilherme J. M. Rosa, Gustavo de los Campos, Daniel Gianola and Martinho A. Silva , Searching for Recursive Causal Structures in Multivariate Quantitative Genetics Mixed Models, *GENETICS* June 1, 2010 vol. 185 no. 2 633-644;

Bruno D. Valente, Guilherme J. M. Rosa, Daniel Gianola, Xiao-Lin Wu and Kent Weigel, Is Structural Equation Modeling Advantageous for the Genetic Improvement of Multiple Traits? *GENETICS* July 1, 2013 vol. 194 no. 3 561-572;

Valente BD, Morota G, Peñagaricano F, Gianola D, Weigel K, Rosa GJ. The Causal Meaning of Genomic Predictors and How It Affects Construction and Comparison of Genome-Enabled Selection Models. *Genetics.* 2015;200(2):483-494. doi:10.1534/genetics.114.169490

Wang Z, Chapman D, Morota G, Cheng H. A Multiple-Trait Bayesian Variable Selection Regression Method for Integrating Phenotypic Causal Networks in Genome-Wide Association Studies. *G3 (Bethesda).* 2020 Dec 3;10(12):4439-4448.



Novos fenótipos na avaliação genética de bovinos de leite e possíveis aplicações em países importadores de genética

João Walter Dürr

*Council on Dairy Cattle Breeding (CDCB), Bowie, Maryland, EUA.
joao.durr@uscdeb.com*

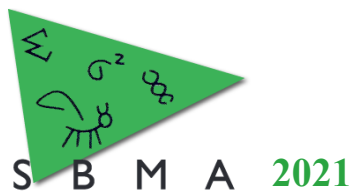
Resumo: A era genômica em gado leiteiro iniciou em janeiro de 2009 com a publicação pelo Serviço de Pesquisa em Agricultura (ARS) do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) das primeiras avaliações genômicas para animais da raça Holandesa. A predição acurada do mérito genético de animais jovens baseada no uso de marcadores de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) transformou rapidamente o mercado de sêmen e embriões bovinos, substituindo o modelo baseado em teste de progênie. O progresso genético foi acelerado para as características selecionadas principalmente devido à drástica redução no intervalo entre gerações. A grande oportunidade criada pelos métodos genômicos, contudo, foi viabilizar a seleção de características complementares com baixa herdabilidade ou limitada disponibilidade de dados fenotípicos. Consequentemente a geração de novos tipos de dados fenotípicos em rebanhos leiteiros passou a nortear investimentos dos setores envolvidos no melhoramento das raças de leite. Os índices de seleção adotados na maioria dos países exportadores de genética leiteira passaram a incluir um crescente número de novas características, visando a seleção de animais que além de produtivos sejam também eficientes, longevos, saudáveis e sustentáveis. Além disso, a diversificação do espectro de características avaliadas permite a definição de objetivos de seleção customizados para diferentes ambientes e contextos econômicos, o que pode beneficiar países importadores.

Palavras-chave: CDCB, genômica, novos fenótipos

New phenotypes in dairy cattle genetic evaluation of and possible applications in countries importing genetics

Abstract: The genomic era in dairy cattle began in January 2009 with the publication of the first Holstein genomic evaluations by the US Department of Agriculture's (USDA) Agricultural Research Service (ARS). Accurate prediction of the genetic merit of young animals based on the use of single nucleotide polymorphism markers (SNPs) rapidly transformed the bovine embryo and semen market, replacing the model based on progeny testing. Genetic progress was accelerated for selected traits mainly due to a drastic reduction in generation intervals. The great opportunity created by genomic methods, however, was to enable the selection of complementary traits with low heritability or limited availability of phenotypic data. Consequently, the development of new types of phenotypic data in dairy herds started to guide investments in the sectors involved in the improvement of dairy breeds. The selection indexes adopted in most countries that export dairy genetics started to include a growing number of new characteristics, aiming at the selection of animals that, in addition to being productive, are also efficient, long-lived, healthy, and sustainable. Furthermore, the diversification of the evaluated characteristics spectrum allows the definition selection objectives customized for different environments and economic contexts, which can clearly benefit importing countries.

Keywords: CDCB, genomics, new phenotypes.



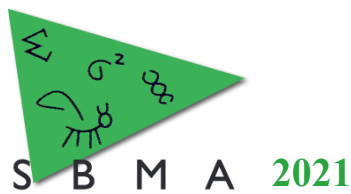
Introdução

A adoção de métodos de seleção genômica (VanRaden, 2008) em bovinos de leite tornou possível a incorporação nos objetivos de seleção de características de alto valor econômico e biológico que eram praticamente inacessíveis quando o estado da arte era teste de progênie. Tais características possuem baixa herdabilidade ou são difíceis de serem mensuradas em uma grande parte da população de interesse. Predições genômicas baseadas em informação fenotípica obtida em uma população de referência e aplicáveis a qualquer animal genotipado enriqueceram a combinação de características utilizadas nos índices de seleção das raças leiteiras e estreitaram o foco dos programas de seleção. Características adicionadas recentemente pelas populações com programas de seleção mais avançados incluem resistência a doenças (Parker Gaddis et al., 2020), eficiência alimentar (Li et al., 2020), resistência ao calor (Pryce; Hayle-Mariam, 2020) e uma variedade de componentes do leite determinados por espectroscopia no infravermelho médio (De Marchi et al., 2014). Uma vez que o uso painéis de marcadores de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) se tornou extremamente acessível aos rebanhos leiteiros, a geração de novos fenótipos passou a ser a principal meta da cadeia produtiva. O presente artigo discute os avanços recentes e as perspectivas futuras do uso de novos fenótipos na seleção de gado leiteiro.

Novos fenótipos em gado leiteiro

O melhoramento genético de gado leiteiro sempre dependeu da coleta regular de dados de genealogia, produção e manejo em vacas individuais. Conhecido no Brasil como controle leiteiro, essa prática tem por objetivo primário a o gerenciamento diário dos rebanhos e nos Estados Unidos tem sido facilitada pelas associações de melhoramento dos rebanhos leiteiros (DHIA) por mais de um século. Os dados de uma grande parte dos rebanhos são agregados em uma base de dados nacional mantida pelo Conselho de Melhoramento de Gado Leiteiro (CDCB) para a geração de benchmarks e para o cálculo das avaliações genéticas das raças leiteiras. Nos últimos anos, muitas novas tecnologias envolvendo as instalações e o manejo dos rebanhos vem sendo adotadas, gerando uma explosão de dados gerados por sensores e equipamentos automatizados praticamente em tempo real. Essa inserção da atividade leiteira na era da pecuária de precisão ainda não está completa, pois as diversas plataformas e interfaces ainda não estão integradas de forma harmônica para facilitar o uso dos dados pelo usuário final. Mesmo assim a perspectiva de que novos tipos de dados fenotípicos possam ser utilizados para desenvolver avaliações genômicas é bastante promissora. Possíveis características seriam as geradas por sensores de imagem para aproximar mobilidade, comportamento, peso e condição corporal, além de sensores aplicados ao próprio animal para medir atividade ruminal ou mobilidade. Dados gerados por sensores associados ao sistema de ordenha também tem um potencial enorme, especialmente nos sistemas robotizados.

A outra fonte essencial de fenótipos são as análises laboratoriais das amostras individuais de leite coletadas durante o controle leiteiro. Tradicionalmente as amostras de leite são analisadas para a determinação dos principais componentes (gordura e proteína total) que afetam diretamente o rendimento industrial e o preço pago ao produtor, bem como a contagem de células somáticas, que é o monitor universal da saúde da glândula mamária. A evolução da tecnologia de espectroscopia no vermelho médio (MIR), contudo, permite que calibrações variadas possam ser utilizadas na geração de uma gama muito maior de componentes do leite, como a proporção de



ácidos graxos, de componentes proteicos, da acidez e outras propriedades industriais do leite, bem como a detecção de corpos cetônicos e a aproximação do nível de reservas energéticas corporais. Há evidência de que calibrações no MIR podem até mesmo estimar com razoável acurácia o consumo de matéria seca e os níveis de emissão de metano (McParland et al., 2014).

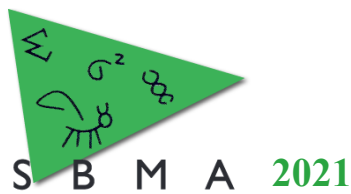
O uso de rebanhos teste para geração de fenótipos de difícil obtenção associados a características de alto valor econômico para a atividade leiteira também tem sido adotado recentemente. O maior exemplo são os estudos de eficiência alimentar, que requerem o monitoramento com alto grau de precisão de uma série de medidas em vacas lactantes: consumo de matéria seca, peso corporal, condição corporal, produção de leite e sua respectiva composição, e composição nutricional da dieta. Esse tipo de protocolo de coleta de dados requer não apenas altos investimentos em equipamentos (cocho medidor, balança), mas também mão de obra altamente especializada. Por isso dificilmente se adapta à realidade de rebanhos comerciais e fica restrito a rebanhos experimentais de universidades e centros de pesquisa. Mesmo com essa limitação no universo de animais monitorados, as metodologias de análise genômica permitem a extrapolação das previsões para a população como um todo.

Características adicionadas graças aos métodos genômicos

Enquanto a metodologia predominante utilizada para a estimativa do mérito genético dos animais leiteiros era o teste de progênie, as características passíveis de serem avaliadas eram aquelas cujos fenótipos podiam ser obtidos num grande número de filhas dos touros candidatos a se tornarem produtores de sêmen para a indústria de inseminação artificial. Especialmente características de baixa herdabilidade necessitavam extensas bases de dados para serem estimadas com confiabilidades aceitáveis pelo setor. A adoção das metodologias genômicas viabilizou a adição de importantes objetivos de seleção a muito perseguidos pela cadeia produtiva.

O primeiro grupo importante de características incluído foi resistência a doenças metabólicas de vacas em transição. A partir de abril de 2018, avaliações genômicas oficiais para 6 características diretas de saúde foram disponibilizadas para produtores dos EUA pelo CDCB. As características incluem resistência à febre do leite, deslocamento de abomaso, cetose, mastite clínica, metrite e placenta retida. Essas características de saúde foram incluídas nos índices de mérito líquido a partir de agosto de 2018, com um peso total de aproximadamente 2%. Anteriormente, a seleção para a resistência a doenças era realizada por meio de características indicadoras, como contagem de células somáticas ou vida produtiva. No entanto, a obtenção de fenótipos permanece essencial para o sucesso das avaliações genômicas e a ampliação das redes de coleta de dados segue sendo um componente crítico (Parker Gaddis et al., 2020).

Mais recentemente a cadeia produtiva do leite nos Estados Unidos logrou incluir aquela característica associada ao principal custo de produção do leite, a alimentação. A inclusão de medidas de eficiência alimentar em programas de melhoramento animal é uma meta comum a todas as espécies e categorias de animais comerciais, tendo, porém, uma complexidade mais acentuada no caso de bovinos leiteiros em função de que o desfrute deve ser medido diariamente por longos períodos, ao contrário das categorias animais em que as características de carcaça representam o desfrute por excelência, medido ao final da vida do animal. Um consórcio de



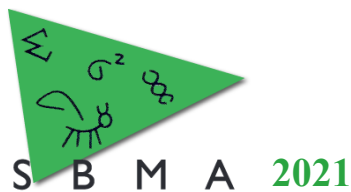
diversas universidades e centros de pesquisa e recursos federais associados a patrocínio privado permitiram a obtenção de dados de consumo alimentar residual (CAR) em mais de 7000 lactações, viabilizando a publicação de avaliações genômicas em dezembro de 2020. A característica é expressa como libras de Alimento Poupado por lactação para facilitar a interpretação por parte dos produtores e recebe cerca de 13,5% da ênfase total no índice de mérito líquido nacional. Tais características não teriam um papel relevante nos programas de seleção das raças leiteiras sem o desenvolvimento das metodologias genômicas.

Atualmente o CDCB está investindo no desenvolvimento de bases de dados e metodologias para a incorporação de outras características funcionais de alto valor econômico para os rebanhos leiteiros. Planeja-se em breve a implementação de provas genômicas para mobilidade (resistência à claudicação), resistência à paratuberculose e resistência ao calor.

Possíveis aplicações em países importadores de genética

A importância da interação entre genótipo e ambiente na produção leiteira está plenamente documentada na literatura. O grande desafio de se testar os recursos genéticos disponíveis em países importadores de genética como o Brasil é a ausência de bases de dados fenotípicos consistentes e representativas da população local. Ao passo que os países com tradição leiteira (América do Norte, Europa e Oceania) possuem uma cultura centenária de coleta regular de dados nos rebanhos que sustenta a tomada de decisões de manejo e viabiliza a manutenção de bases de dados fenotípicos nacionais, isso não ocorre em países onde a atividade leiteira se desenvolveu mais recentemente. Algumas tentativas de reproduzir o modelo do DHIA norte-americano no Brasil tiveram sucesso, sendo a da Associação Paranaense dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) a mais proeminente. A questão é se o modelo centralizado que funcionou tão bem em cadeias produtivas em ascensão em meados do século passado é a estratégia adequada para tempos de pecuária de precisão. Mesmo que a grande maioria dos rebanhos brasileiros ainda não tenha acesso a tecnologias de automação e sensores, os dados necessários para o desenvolvimento de predições genômicas serão gerados pelos rebanhos de elite, que adotam tecnologias compatíveis com os rebanhos dos países líderes. Em outras palavras, o Brasil tem a oportunidade de queimar etapas e buscar a criação de bases de dados capazes de manter programas de seleção genômica com o uso racional das tecnologias de precisão hoje disponíveis.

Enquanto a base fenotípica se desenvolve, a opção passa a ser o uso de avaliações genômicas com base em populações de referência que estejam geneticamente próximas dos animais a serem inseminados. No caso das raças Holandesa e Jersey, a maior influência na população brasileira é da genética do Estados Unidos. A confiabilidade de um teste genômico americano para uma vaca brasileira cujos principais ancestrais são provenientes do Estados Unidos é bastante alta. O uso das avaliações do CDCB em animais brasileiros oferece como valor imediato aos produtores brasileiros o mérito genético para mais de 50 características, confirmação de parentesco e testes para haplótipos de características recessivas. Além disso pode ser realizado de forma integrada com um inventário nacional de genótipos que poderá servir de base para eventuais provas genômicas nacionais. Caso haja clareza quanto aos objetivos de seleção mais adequados para a realidade brasileira, índices de seleção customizados podem ser desenvolvidos e recomendados aos produtores com base nos fatores econômicos nacionais ou regionais.



Conclusão

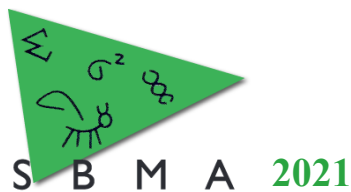
O desenvolvimento dos métodos de avaliação genômica foram viabilizados pelo acesso barato aos marcadores genéticos e ao mapeamento do genoma bovino. Porém o grande desafio da cadeia produtiva é a geração consistente de dados fenotípicos que sirvam de referência para a interpretação desses marcadores. Países de pecuária leiteira mais avançada estão investindo na coleta de dados de características antes inacessíveis aos programas de melhoramento, como resistência a doenças e eficiência alimentar. Países emergentes podem fazer uso da pecuária de precisão para desenvolver suas próprias bases de dados fenotípicos e viabilizar programas de melhoramento nacional.

Agradecimentos

O CDCB expressa seu reconhecimento aos produtores de leite americanos que permitem o acesso aos dados de seus rebanhos para pesquisa e avaliações genéticas e à contribuição fundamental dos colegas do Animal Genomics and Improvement Laboratory (USDA) nos métodos e modelos estatísticos utilizados.

Referências

- De Marchi, M., Toffanin, V., Cassandro, M. & Penasa, M. 2014. Invited review: Mid-infrared spectroscopy as phenotyping tool for milk traits, *Journal of Dairy Science*, 97, 1171-1186.
- Li, B., VanRaden, P.M., Guduk, E., O'Connell, J.R., Null, D.J., Connor, E.E., VandeHaar, M.J., Tempelman, R.J., Weigel, K.A. & Cole, J.B. 2020. Genomic prediction of residual feed intake in US Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 103, 2477–2486.
- McParland S., Lewis E., Kennedy E., Moore S.G., McCarthy B., O'Donovan M., Butler S.T., Pryce J.E. & Berry D.P. 2014. Mid-infrared spectrometry of milk as a predictor of energy intake and efficiency in lactating dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 97, 5863-5871.
- Parker Gaddis, K.L., VanRaden, P.M., Cole, J.B., Norman, H.D., Nicolazzi, E.L. & Dürr, J.W. 2020. Symposium review: Development, implementation, and perspectives of health evaluations in the United States. *Journal of Dairy Science*, 103, 5354-5365.
- Pryce, J.E.; Haile-Mariam, M. 2020. Symposium review: Genomic selection for reducing environmental impact and adapting to climate change. *Journal of Dairy Science*, 103, 5366-5375.
- VanRaden, P.M. 2008. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions, *Journal of Dairy Science*, 91, 4414-4423.



O papel e as ações do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento na área de melhoramento animal

Raquel Pereira Caputo

*Zootecnista - Auditora Fiscal Federal Agropecuária
Departamento de Saúde Animal - DSA
Secretaria de Defesa Agropecuária - SDA
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA
e-mail: raquel.caputo@agricultura.gov.br*

O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA tem a responsabilidade institucional pelo Serviço de Registro Genealógico - SRG dos animais domésticos no Brasil, a qual delega a execução do serviço às Associações de criadores. Conforme a Instrução Normativa nº 21, de 2 de julho de 2014, as espécies consideradas para fins de registro genealógico são: asininas, bovinas, bubalinas, caprinas, chinchilas, equinas, ovinas e suínas.

O registro genealógico de um animal é muito importante no processo de melhoramento genético dos animais, pois o mesmo permite verificar a origem dos indivíduos, bem como os dados de sua genealogia, favorecendo a definição de acasalamentos corretivos e a seleção dos indivíduos.

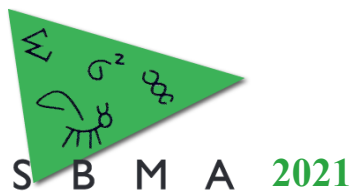
Assim, cabe ao MAPA as ações regulatórias, fiscalizatórias e de fomento da área. O Decreto nº 8.236, de 5 de maio de 2014, o qual regulamenta a Lei 4.716, de 29 de junho de 1965, disciplina sobre organização, funcionamento e execução do registro genealógico e das provas zootécnicas.

Dentro do escopo de ações do MAPA há o registro das entidades executoras do SRG e das entidades executoras das provas zootécnicas; a aprovação dos regulamentos de SRG e dos projetos de provas zootécnicas; o credenciamento dos superintendentes de registro genealógico e dos responsáveis técnicos das provas zootécnicas; o reconhecimento de raças; e as auditorias nas entidades citadas.

Atualmente, há no Brasil 41 associações registradas no MAPA para a execução do SRG, as quais executam o registro de 133 raças das diversas espécies.

Quanto às provas zootécnicas, ressalta-se que o inciso XIV do Art. 4º do Decreto 8.236/2014 define como prova zootécnica “*procedimento indispensável à eficiência do registro genealógico que visa à mensuração e à avaliação de desempenho produtivo ou funcional, fenotípico ou genotípico, para aprimorar a genética e o desempenho dos animais domésticos;*” e o Art. 21 do mesmo Decreto possibilita o reconhecimento oficial das provas desde que cumpridas as normativas vigentes e encaminhadas para análise e registro no MAPA.

Das provas zootécnicas regulamentadas e atualizadas para bovinos de corte temos os projetos técnicos de melhoramento genético visando a emissão de Certificado Especial de Identificação e Produção – CEIP, conforme Instrução Normativa nº 12, de 02 de fevereiro de 2018. Esta prova prevê a emissão do CEIP para animais com idade máxima de 30 meses, que obtenham classificação genética superior dentro do grupo de animais avaliados (20% a 40% superiores). É necessário ainda que o MAPA trabalhe na atualização das demais provas zootécnicas para animais com aptidão para corte.



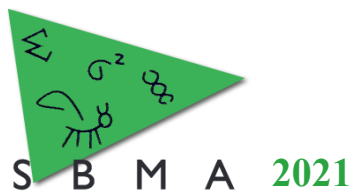
Hoje existem 13 entidades registradas para a execução da prova zootécnica de CEIP, sendo 10 projetos aprovados para nelore; 1 para Hereford e Braford; 1 para Angus e Brangus; e 1 para Montana Tropical.

Quanto às provas zootécnicas para animais com aptidão leiteira, elas foram regulamentadas pela Instrução Normativa nº 78, de 26 de novembro de 2018, que estabelece as regras para a execução do serviço de controle leiteiro e avaliação genética ou genética e genômica de animais; sendo que para as espécies bubalina, caprina e ovina, a supramencionada IN possibilita a emissão de Certificado Especial de Identificação e Produção – CEIP aos 30% animais comprovadamente superiores, do total de animais avaliados dos rebanhos inscritos no projeto.

No momento, há 4 entidades registradas no MAPA para a execução das provas zootécnicas leiteiras, sendo 3 programas de melhoramento genético de bovinos, e 1 programa com emissão de CEIP-Leite para bubalinos.

Ainda, para a promoção do melhoramento genético animal, o MAPA realiza a avaliação dos processos de importação de bovinos, bubalinos, ovinos e caprinos e seus materiais de multiplicação, com vistas a emissão de certificação zootécnica aos indivíduos mais adequados a promover ganhos genéticos às populações animais, conforme determina a Instrução Normativa nº 1, de 28 de novembro de 2014. E dentro do mesmo contexto, o MAPA realiza a avaliação zoogenética, que é um requisito necessário para a inscrição de reprodutores das espécies bovina, bubalina, ovina e caprina em centros de coleta e processamento de sêmen – CCPS, conforme previsto na Instrução Normativa nº 13, de 3 de março de 2020.

Portanto, considerando que o registro genealógico e as provas zootécnicas são o alicerce dos programas de melhoramento genético, tendo em vista serem capazes de organizar, controlar e garantir a fidelidade das genealogias e das informações fenotípicas; de promover a preservação das raças e dos padrões raciais, e de auxiliar no controle da endogamia e de doenças genéticas; o MAPA os considera estratégicos para preservar e melhorar o patrimônio genético da pecuária nacional.



Using genomic information for genetic improvement: experience, challenges, and future developments

Daniela Lourenco*, Shogo Tsuruta, and Ignacy Misztal

Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, Athens, GA 30602

**Corresponding author: danilino@uga.edu*

Abstract: Genomic selection (GS) has become the new standard in animal breeding and genetics over the past decade since its first implementation. Genomics has been shown to enhance the rate of genetic gains by increasing the accuracy of selection and decreasing the generation interval. However, different problems and challenges are always encountered during the implementation of GS in farm animal populations. In this conference paper, experiences with GS are reviewed, especially the challenges with large-scale evaluations and how they were solved. Additionally, perspectives on using sequence data for genomic predictions will be summarized, together with a direction for future developments.

Keywords: genomic selection, large-scale evaluations, multibreed evaluations, prediction accuracy, sequence data, single-step GBLUP.

Genômica no melhoramento animal: experiências, desafios e expectativas futuras

Resumo: Desde sua implementação na última década, a seleção genômica se tornou o novo padrão no melhoramento genético animal. Estudos mostraram que a inclusão da informação genômica nos programas de melhoramento aumenta as taxas de ganho genético, consequentemente aumentando a precisão da seleção e diminuindo o intervalo de geração. No entanto, especialmente em rebanhos comerciais, diferentes desafios podem ser encontrados. Neste trabalho, experiências com a seleção genômica serão abordadas, incluindo os desafios que foram enfrentados em avaliações genômicas de larga escala e como eles foram resolvidos. Além disso, mostraremos perspectivas do uso de dados de sequência para predições genômicas, além de seus possíveis desenvolvimentos futuros.

Palavras-chave: acurácia de predição, avaliações genômicas de larga escala, avaliações multirraciais, dados de sequência, seleção genômica, single-step GBLUP.

Introduction

Genomic selection (GS) was first implemented in 2009 for dairy cattle in the US after extensive testing. The tests showed that with genomics, the genetic merit of young animals could be computed with higher accuracy than that of parent average. Therefore, the main benefits of using genomic information in animal breeding and genetics are the increase in prediction accuracy and the reduction in generation interval, which results in the increment of genetic gain. In general, the increase in accuracy compared to BLUP evaluations varies from 20% to 60%, and genetic gains can be up to fourfold depending on the trait (Garcia-Ruiz et al., 2016) and population; thus, the reduction in generation interval plays a major role in the increase in genetic gain after genomics.

The GS became very attractive to all the livestock industries that started genotyping their animals soon after genomic predictions from US dairy emerged. After 12 years of its first official implementation, most of the breeding programs for all the farm animals apply GS. Currently, single-step genomic BLUP (ssGBLUP) has become the preferred method for genomic evaluations in many species, namely, beef cattle, dairy cattle, pigs, chickens, sheep and goats, and fish. As ssGBLUP automatically creates an index with all sources of information, it dramatically simplifies the use of genomic information in genetic evaluations. Although the idea and theory behind ssGBLUP are easily understandable, and the method seems to be simple because it just requires the change in the relationship matrix, its implementation for official genomic evaluations was quite challenging initially and demanded several improvements. The challenges were mainly related to the compatibility between genomic and pedigree relationship matrices, the convergence of large models, complex models (i.e., threshold), multibreed evaluations, approximation of theoretical accuracy, the use of sequence data, how to deal with large numbers of genotyped animals, and computing resources. Dealing with large, genotyped populations is by far the biggest issue. This conference paper aims to present the main challenges faced with the implementation of genomic selection for large populations and the developments to overcome them. Changes in breeding values and genetic parameters after the implementation of GS will be discussed, together with a glimpse of future developments.

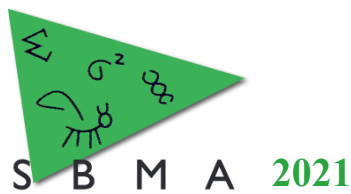
Genomic Selection Challenges and Developments

Genomic evaluations for many genotyped animals: The success of genomic selection is marked by the increasing number of genotyped animals, especially for dairy, beef, pigs, and chickens. As of September 2021, over 1 million genotypes are available for American Angus (A. Garcia, American Angus Association, Saint Joseph, MO, personal communication) and 4.7 million for US Holsteins ([http:// https://queries.uscdcb.com/Genotype/cur_freq.html](http://https://queries.uscdcb.com/Genotype/cur_freq.html)). Using many genotyped animals for genomic evaluations was one of the biggest challenges faced by ssGBLUP. This is because ssGBLUP requires the inverse of the genomic relationship matrix (\mathbf{G}), which has a cubic computing cost with the number of genotyped animals. In ssGBLUP, creating and inverting the genomic matrices (\mathbf{G} and the pedigree relationship matrix among genotyped animals, \mathbf{A}_{22}) with 150k genotyped animals would require close to 500 GB RAM. To keep \mathbf{G} for 4.7 million genotyped animals in memory would require around 160 TB RAM. To overcome the limitation set by the number of genotyped animals in ssGBLUP, Misztal et al. (2014) proposed the algorithm for proven and young (APY) to construct \mathbf{G}^{-1} without having to explicitly invert \mathbf{G} . The logic behind the construction of \mathbf{G}_{APY}^{-1} is that the genotyped animals are split into core (c) and noncore (n), and breeding values for noncore animals (\mathbf{u}_n) are functions of breeding values of core animals (\mathbf{u}_c):

$$\mathbf{u}_n = \mathbf{P}_{nc}\mathbf{u}_c + \mathbf{\Psi}_n$$

where \mathbf{P}_{nc} is a matrix that relates breeding values for noncore to core animals, and $\mathbf{\Psi}_n$ is a diagonal matrix with estimation errors. The \mathbf{G}_{APY}^{-1} can be constructed as:

$$\mathbf{G}_{APY}^{-1} = \begin{bmatrix} \mathbf{G}_{cc}^{-1} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} -\mathbf{G}_{cc}^{-1}\mathbf{G}_{cn} \\ \mathbf{I} \end{bmatrix} \mathbf{M}_{nn}^{-1} \begin{bmatrix} -\mathbf{G}_{nc} & \mathbf{G}_{cc}^{-1} \\ & \mathbf{I} \end{bmatrix}$$



with $m_{nn_{ii}} = g_{ii} - g_{ic} G_{cc}^{-1} g_{ci}$. The APY algorithm creates a generalized sparse inverse of \mathbf{G} at approximately a linear cost in computing and storage. However, if $\mathbf{G}_{\text{APY}}^{-1}$ is efficiently computed but \mathbf{A}_{22}^{-1} is not, ssGBLUP still cannot be used for over 150,000 genotyped animals. To avoid explicit inversion of \mathbf{A}_{22} , Masuda et al. (2017) proposed to compute an efficient inverse indirectly as a product of sparse matrices:

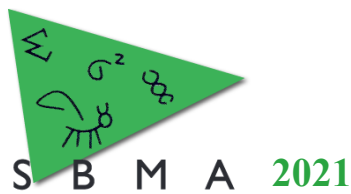
$$\mathbf{A}_{22}^{-1} = \mathbf{A}^{22} - \mathbf{A}^{21}(\mathbf{A}^{11})^{-1}\mathbf{A}^{12}$$

where \mathbf{A}^{11} , \mathbf{A}^{21} , and \mathbf{A}^{22} are portions of \mathbf{A}^{-1} for non-genotyped, between genotyped and non-genotyped, and for genotyped animals, respectively. Single-step GBLUP with APY was first implemented in beef cattle by Lourenco et al. (2015) and in dairy cattle studies by Fragomeni et al. (2015).

The number of core animals is a function of the effective population size (N_e) and can be calculated as the number of largest eigenvalues explaining from 98% to 99% of the variance of \mathbf{G} (Pocrnic et al., 2016). This number varies from 4k to 6k in chicken and pig populations and 10k to 20k in cattle. In APY, the computing complexity is cubic with the number of core and linear with noncore animals. An efficient implementation enables genomic evaluations for millions of genotyped animals. Several breeding companies and associations have implemented APY ssGBLUP in their routine genomic evaluations, even when the number of genotyped animals is smaller than 100k, but the time between the data collection and the genomic evaluation is limited. One question that arose before the implementation of APY ssGBLUP was how to choose the core animals. After several investigations, the best and most computationally efficient way is to randomly select core animals, which increases the likelihood of well representing all generations. Several questions followed the implementation, including the impact of changing the core set on genomic predictions and which frequency the group should change. Misztal et al. (2020) showed the average changes in genomic EBV (GEBV) when changing core animals in APY varies from 2% to 7% of one additive genetic standard deviation, which is small. Those changes are similar to those observed when adding two months' worth of data in the American Angus evaluation (Hidalgo et al., 2021).

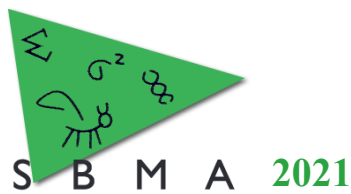
Large-scale genomic evaluations with complex models: multi-trait, large-scale genomic evaluations can be challenging, especially if genotyped animals have few or no records for some traits. The carcass model used in the American Angus evaluation contains nine traits, of which fat and ribeye are recorded in slaughtered animals that are not usually genotyped. Because of the missing records for genotyped animals in two out of nine traits, the time to convergence was about 39 hours for 4.4M animals in the pedigree and 475k genotyped. As the genomic evaluations in the US are mainly weekly, having a model that takes more than 24-36 hours to converge becomes not feasible. When removing fat and ribeye from the model, the computing time decreased to 23 hours, but the time to convergence for BLUP was 3.5 hours. The truth is that adding genomic information to the genetic evaluation greatly increases computing time, which requires special computing techniques and optimized algorithms to reduce the computing burden.

When the phenotypes are binary or categorical, using threshold models may be appropriate because it considers the distribution of the trait. The American Angus evaluation for CE uses BW as a correlated trait, considering BW as linear and CE as binary in a linear-threshold model. The



incidence of difficult calving in this population is around 6.3%. With 11M animals in the pedigree and almost 1M genotyped, it took 12 days to reach convergence of $1E^{-10}$, which is not an appropriate convergence criterium for routine evaluations. It should be at least $10e^{-12}$, but the ideal is $1E^{-14}$ for multi-trait and $10e^{-15}$ for single-trait models. We observed that one strategy that considerably reduces computing time for threshold-linear models is to use EBV from traditional evaluation as prior information for the ssGBLUP run (dual-run). This reduced the computing time to 78 hours to reach convergence of $10e^{-12}$. When the core definition was updated from high accuracy animals to random animals, the computations took 33 hours to achieve the same convergence criterium. If a linear-linear model had been applied for the BW-CE evaluation, the computing time would be 20 hours. Although the strategy of dual-run is in place for this evaluation, our group is investigating a way to replace threshold models with linear models in routine evaluations. One of the advantages of threshold models is that the GEBV in liability scale are easily transformed to the probability scale based on well-established theory. Breeders like to see GEBV in probability because the interpretation is straightforward. Our group is currently working on formulas to transform GEBV from linear models into probabilities so that threshold models can be replaced because of their poor convergence. Like in threshold models, the proposed transformation is based on the cumulative density function of the normal distribution but with different parameters. The average GEBV in probability based on linear or threshold models using the new transformation align well and have a correlation > 0.99 .

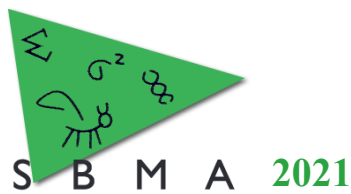
Multibreed large-scale genomic evaluations: combining genomic information for several breeds with different genetic backgrounds can decrease accuracy and increase dispersion bias, especially for breeds with fewer genotyped animals. This is because the most numerous breeds will dominate the statistics of \mathbf{G} . The current genomic evaluation for US dairy, done by the Council on Dairy Cattle Breeding (Bowie, MD), considers Holstein, Jersey, Ayrshire, Brown Swiss, and Guernsey. It uses multistep methods with a BayesA-type of genomic approach, so it does not rely on \mathbf{G} ; however, it requires several adjustments to avoid dispersion bias. Although this evaluation uses a multibreed BLUP, it computes single-breed SNP effects. To avoid the burden of multistep analyses, Cesarani et al. (2021) investigated the feasibility of ssGBLUP for this dairy population with data for milk, fat, and protein recorded up to June 2020. This included genotypes for 3.5M Holsteins (HO), 427k Jerseys (JE), 47k Brown Swiss (BS), 9.2k Ayrshires (AY), and 5k Guernseys (GU). Compared to single-breed evaluations, reliability (accuracy squared) for cows and bulls decreased when the five breeds were combined. When examining the composition of the 15k core animals randomly selected for this analysis, only 17, 32, and 182 were for GU, AY, and BS, respectively, whereas HO had 13k and JE 1.7k. Increasing the number of core animals to 5k for each GU, AY, and BS and 10k for each HO and JE (i.e., a total of 35k) equalized the reliabilities for multibreed single-breed models. This shows us that the core composition becomes important in multibreed evaluations; therefore, the core should have enough animals to represent the dimensionality of each breed (Cesarani et al., 2021). However, increasing the core size in APY comes with an increment in memory usage and computing time. Assuming the genomic matrices were already created and stored in disk, the computing time to reach convergence at $10e^{-15}$ was 50 hours for 35k core and 20 hours for 15k. It is worth noting that a breed effect was included in this multibreed ssGBLUP evaluation and all the fixed effects were breed-specific. The genetic differences were modeled by unknown parent groups (UPG) assigned based on breed, sex, and year of birth.



Theoretical accuracy in large-scale genomic evaluations: theoretical accuracies measure the precision or stability of GEBV. They are calculated based on prediction error variance (PEV), which is obtained from the inverse of the left-hand side (LHS) of the mixed model equations (MME). If the number of animals in the pedigree is large, the inverse is not computationally feasible, and an approximation must be used. Approximating the accuracy of GEBV requires calculating contributions due to phenotypes, pedigree, and genomic information. One of the most challenging tasks in ssGBLUP is to obtain the genomic contribution for large populations. Our group proposed several algorithms, and some correlate from 85% to 95% with the accuracy based on the inverse. Recently, an algorithm that uses the block sparse inversion of \mathbf{G}_{APY}^{-1} was proposed by Bermann et al. (2021). This algorithm was tested with up to 335k genotyped animals and was shown to be reliable and efficient. It took only 11 minutes to compute accuracies in a three-trait model with 10M animals in the pedigree and 8M animals with records. This algorithm will soon replace the current one used in the BLUPF90 software suite (Miszta et al., 2014).

Sequence data in genomic evaluations: As sequence data is becoming available for many livestock species, there is a question on whether this information can help boost the accuracy of genomic predictions beyond what has already been achieved with SNP chips. Our group conducted several studies using simulated and real dairy and beef cattle and pig populations that included from 1,000 to almost 30,000 animals with full or imputed sequence information. Overall, we observed no significant increase in accuracy in real datasets by using all sequence SNP, causative variants alone or combined with SNP currently used for genomic prediction. On the other hand, accuracy always increases with simulated datasets where the causative variants are known. The lack of improvement in accuracy may be related to the limited data used in genome-wide association (GWA). Jang et al. (2021) recently investigated the impact of the limited dimensionality of the genomic information on GWA and found that the suitable sample size depends on the effective population size and the number of causative variants. Therefore, smaller populations (i.e., $N_e \sim 20$) require more data to capture signals from causative variants. In large populations, using the number of genotyped animals as the number of eigenvalues explaining 98% to 99% of the variance of \mathbf{G} is enough to capture the most informative SNP. Additionally, more polygenic traits require more data to identify the causative variants.

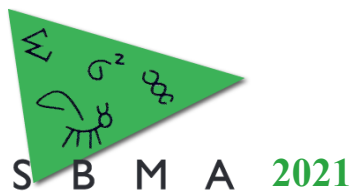
Changes in breeding values and genetic parameters after the implementation of GS: since genomic information started being used, EBV based on BLUP became biased because they do not account for one of the sources of information (i.e., genomics) upon what selection acts. Because of that, genetic trends based on BLUP and ssGBLUP diverge close to the point where genomic selection became effective. Additionally, the Mendelian sampling trends also diverge at the same point. Abdollahi-Arpanahi et al. (2021) investigated the divergence of trends for beef cattle, pigs, and chickens and observed the onset of GS and genotyping strategies based on the graphs agree with industry practices across the three species. This investigation helped confirm that GS has been effective across species. As GS speeds up the genetic changes in the population, genetic variation and correlations can move faster toward the undesirable direction. Hidalgo et al. (2020) examined changes in genetic parameters with and without genomic information in a pig population under GS. This was done for growth and fitness traits. Strong selection in pigs reduced heritabilities and emphasized the antagonistic genetic relationships between fitness and growth traits. Although no change in direction was observed once GS started being used, estimated with



and without genomic information were quite different. Heritabilities were lower and genetic correlation less negative with genomics. Under GS, genetic parameters estimated without genomics can be biased because the model does not consider genomic pre-selection. After the adoption of GS and the accumulation of genotypes, changes in GEBV in subsequent evaluations are frequently reported; this is true even for animals with no added phenotypes from one evaluation to the next. Based on traditional BLUP, EBV for animals with no new data were more stable. Misztal et al. (2021) showed the average changes between two subsequent evaluations were greater for GEBV than EBV, but EBV had more extreme absolute changes. Those more extreme changes reflect the lower accuracy of EBV. Additionally, more genotyped animals with no phenotypes in both evaluations had changed based on ssGBLUP than BLUP. Changes in GEBV for more animals when new data are added to the evaluation system are inherent in genomic evaluations because genomic information connects more animals through identity-by-state relationships.

Where are we heading: There is no doubt GS was a game-changer in Animal Breeding and Genetics, and there is always hope for the next one. Although the animal breeders' work is based on predictions, predicting future developments is quite hard. Past experiences with the US dairy cattle evaluations, which implemented the BLUP animal model in 1989 and genomic evaluations in 2009, may point to the fact impactful methods/tools are at least 5 to 10 years ahead of us. Meanwhile, the search for new phenotypes is becoming a topic of interest because genotypes have value if connected to phenotypes. Indicators of sustainability, which may include efficiency, health, fertility, and functional longevity, and welfare indicators, which include environmental adaptation and tolerance, emissions, and behavior, are holding more attention now. A balance between animal health, efficiency, and production is being envisioned. The concern about environmental adaptation may boost the significance of genotype-by-environment interaction studies in all species. Certainly, investigating the usefulness of new phenotypes triggers the development of new models that can be efficiently implemented for routine genetic evaluations. Still on phenotyping, the use of automated recording is gaining momentum in Animal Breeding and Genetics. This includes the use of cameras, sensors, and sound for several purposes, namely, animal identification, feed intake, grazing behavior, temperature, gas emission, fertility, and health, among others. As those devices are constantly collecting data, there is a need for developing models that will help to extract useful features or phenotypes with less noise to be used in genomic evaluations. That is when machine learning (ML) is useful; however, ML methods have a huge appetite for computing power. Training a ML model can take several days depending on the data structure. Although the availability of computing resources increases exponentially, there will be a great need for people with efficient programming skills. The usefulness of ML for genomic predictions is questionable though.

New sources of genomic information are also under the radar. Low-pass whole genome sequence (WGS) offers low-coverage, low-cost WGS as an alternative for SNP chips. It heavily relies on imputation techniques but makes millions of SNP available for the customer to choose from. In this way, the SNP sets become easily customizable. The interest in investigating the usefulness of structural variants in genomic evaluations is also increasing. Intermediate omics data as metabolomics and transcriptomics are also being explored. When combined with sequence data and phenotypes, intermediate omics may help to identify causative variants. Additionally,



phenotypes can be predicted based on intermediate omics. Christensen et al. (2021) recently developed a ssGBLUP-based method that considers intermediate omics data. Their method solves the first set of mixed model equations for the omics prediction of phenotypes and a second set for estimating breeding values given the omics predictions of phenotypes. Extension of methods already used for genomic evaluations has also been proposed to accommodate the microbiome information. The host-microbiome interaction is under study in several species. The most popular approach is to consider the microbiome effect as random in the model and add a microbiome similarity matrix as the covariance structure; however, the microbiome diversity index could be seen as a correlated trait in the model.

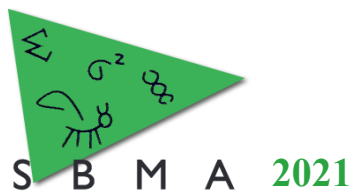
With all those new sources of information, the already large genomic evaluations will become highly dimensional. Therefore, methods and algorithms to accommodate such data will be of utmost importance in our field if those extra dimensions are useful to increase the accuracy of predicting breeding values.

Acknowledgments

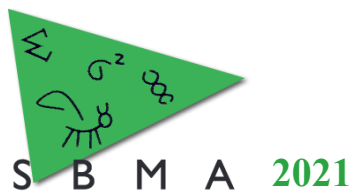
This conference paper is based on numerous studies done by several people from the animal breeding and genetics group at the University of Georgia, including current postdocs (Alberto Cesarani, Matias Bermann, Jorge Hidalgo, and Rostam Adbollahi-Arpanahi), current graduate students, former postdocs and graduate students, and the extended research group (Ignacio Aguilar, Andres Legarra, and Yutaka Masuda). We thank the continued support from American Angus Association, US Holstein Association, Zoetis, PIC, Smithfield Premium Genetics, Cobb-Vantress, and USDA.

References

- Abdollahi-Arpanahi, R., D. Lourenco, and I. Misztal. 2021. Detecting effective starting point of genomic selection by divergent trends from BLUP and ssGBLUP in pigs, beef cattle, and broilers. **J. Anim. Sci.**,99:skab243.
- Bermann. M., D. Lourenco, Y. Masuda and I. Misztal. 2021. A fast method for approximating reliabilities in genomic BLUP. Anais... In: 72nd EAAP – European Association for Animal Production, 2021, Davos, Switzerland.
- Cesarani, A., D. Lourenco, Y. Masuda, S. Tsuruta, A. Legarra, E. Nicolazzi, P. Vanraden and I. Misztal. 2021. Multi-breed genomic evaluation for dairy cattle in the US using single-step GBLUP. Anais... In: 72nd EAAP – European Association for Animal Production, 2021, Davos, Switzerland.
- Christensen, O.F., V. Borner, L. Varona, A. Legarra. 2021. Genetic evaluation including intermediate omics features. **Genetics**, iyab130.
- Garcia-Ruiz, A., J.B. Cole, P.M. VanRaden, G.R. Wiggans, F.J. Ruiz-Lopez, and C.P.V. Tassel. 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. **PNAS**, 113:E3995-E4004.



- Fragomeni, B.O., D. Lourenco, S. Tsuruta, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, T.J. Lawlor, and I. Misztal. 2015. Hot topic: Use of genomic recursions in single-step genomic best linear unbiased predictor (BLUP) with a large number of genotypes. **J. Dairy Sci.**, 98:4090-4094.
- Hidalgo J., S. Tsuruta, D. Lourenco, Y. Masuda, Y. Huang, K. A. Gray, and I. Misztal. 2020. Changes in genetic parameters for fitness and growth traits in pigs under genomic selection. **J. Anim. Sci.**, 98:skaa032.
- Hidalgo, J., D. Lourenco, S. Tsuruta, Y. Masuda, S. Miller, M. Bermann, and I. Misztal. 2021. Changes in genomic predictions when new information is added. **J. Anim. Sci.**, 99: skab04.
- Jang, S., S. Tsuruta, N. Leite, I. Misztal and D. Lourenco. 2021. Dimensionality of genomic information and its impact on GWA and variant selection. Anais... In: 72nd EAAP – European Association for Animal Production, 2021, Davos, Switzerland.
- Lourenco, D., S. Tsuruta, B. O. Fragomeni, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, J.K. Bertrand, T. Amen, L. Wang, D.W. Moser, and I. Misztal. 2015. Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. **J. Anim. Sci.**, 93:2653-2662.
- Masuda, Y., I. Misztal, A. Legarra, S. Tsuruta, D. Lourenco, B. O. Fragomeni, and I. Aguilar. 2017. Technical note: Avoiding the direct inversion of the numerator relationship matrix for genotyped animals in single-step genomic BLUP solved with preconditioned conjugate gradient. **J. Anim. Sci.**, 95:49-52.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, and Z. Vitezica. 2014. **Manual for blupf90 family of programs.** Available at http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf. Accessed in 23 September 2021.
- Misztal, I. 2016. Inexpensive computation of the inverse of the genomic relationship matrix in populations with small effective population size. **Genetics**, 202:401-409.
- Misztal, I., S. Tsuruta, I. Pocrnic, and D. Lourenco. 2020. Coredependent changes in genomic predictions using the algorithm for proven and young in single-step genomic best linear unbiased prediction. **J. Anim. Sci.**, 98:1–8.
- Misztal, I., I. Aguilar, D. Lourenco, L. Ma, J.P. Steibel, and M. Toro. 2021. Emerging issues in genomic selection. **J. Anim. Sci.**, 99:skab092.
- Pocrnic, I., D. Lourenco, Y. Masuda, A. Legarra, and I. Misztal. 2016. The dimensionality of genomic information and its effect on genomic prediction. **Genetics**, 203:573-581.



Ensino em melhoramento animal no Brasil¹

Fabio Luiz Buranelo Toral

*Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais
flbtoral@ufmg.br*

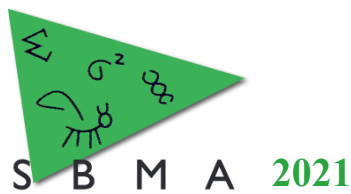
Resumo: O ensino formal em melhoramento animal remonta ao ensino superior agrícola no Brasil. As evoluções da pecuária, da biologia, da estatística, da computação, e da própria economia rural trouxeram elementos catalizadores para o desenvolvimento do melhoramento animal. Com isso, o ensino dessa área do conhecimento deixou de abordar apenas os elementos básicos da herança e da avaliação morfológica dos animais, e atualmente também contempla as aplicações de métodos estatísticos e computacionais avançados, as organizações e funcionalidades dos genomas animais, os benefícios econômicos do melhoramento animal, entre outros. Ao longo dessa trajetória de evolução, diversos fatos e personagens tiveram funções decisivas para o ensino em melhoramento animal, nos cursos de graduação e de pós-graduação. Nesta apresentação, nós discutiremos elementos fundamentais para a formação e qualificação de recursos humanos nessa área, bem como os requisitos e competências do profissional em melhoramento animal no Brasil.

Abstract: The teaching of animal breeding is as old as agricultural teaching in Brazil. Livestock science, biology, statistics, computing, and the agricultural economy are in constant evolution while pushing forward the development of animal breeding. Thus, animal breeding education is no longer simply about teaching heredity and body morphology. Teaching modern animal breeding also encompasses statistical computing, organization and functionality of genomes, and the economic benefits of breeding. Throughout the history of animal breeding, many facts and people contributed to its teaching in undergraduate and graduate courses. In this presentation, we are going to discuss some elements of human resource qualification in animal breeding, as well as some requirements and skills of an animal breeder in Brazil.

Introdução

O melhoramento animal é um processo de modificação da composição genética de uma população ao longo das gerações. Ele depende do conhecimento do ponto de partida, do ponto de chegada e dos recursos disponíveis para que a modificação ocorra da maneira mais eficiente. O ponto de partida é representado pelas propriedades do material genético disponível, e dos demais insumos a serviço da produção. O ponto de chegada pode ser representado por um status de perfeita harmonia entre a utilização dos recursos genéticos e não genéticos, no qual a sustentabilidade do sistema está garantida (entenda-se sustentabilidade de forma ampla, com atendimento de critérios econômicos, ambientais, sociais e de bem-estar animal). Os recursos disponíveis para o

¹ Este texto é dedicado ao professor e amigo Fabyano Fonseca e Silva (*in memoriam*), que nos deixou precocemente e que sempre será uma fonte de inspiração para aqueles que o conheceram; e ao pesquisador e amigo Luiz Otávio Campos da Silva (*in memoriam*), que foi um dos principais responsáveis pela disseminação do melhoramento genético na bovinocultura de corte e incentivador do autor no início de sua carreira.



melhoramento contemplam tanto as ferramentas de seleção e de acasalamentos (que permitem modificar a composição genética das populações), quanto outros insumos necessários para a produção animal (p.ex.: ambiente, sanidade, nutrição e manejo).

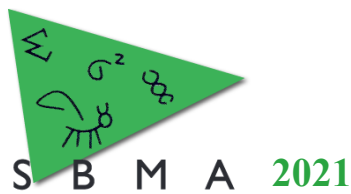
As principais cadeias de produção de produtos de origem animal fazem uso das ferramentas de melhoramento animal. Num mundo cada vez mais competitivo, é primordial produzir carne, leite, ovos e outros produtos de origem animal com material genético de boa qualidade e que esteja em sintonia com os demais insumos de produção, especialmente com o ambiente. Portanto, o ensino em melhoramento animal tem papel de destaque no desenvolvimento das cadeias produtivas por meio da formação e qualificação de profissionais habilitados para aplicar as ferramentas do melhoramento animal na prática.

O objetivo com este texto é apresentar um panorama do ensino em melhoramento animal a partir da análise da literatura disponível, registrar fatos importantes para esta área do conhecimento, discutir alguns requisitos e habilidades necessários para os profissionais modernos, e apresentar algumas perspectivas para o ensino em melhoramento animal no Brasil. Na ânsia de apresentar o conteúdo de forma clara e resumida, o autor pode ter omitido involuntariamente fatos ou referências importantes para o tema e, por isso, ele pede desculpas ao leitor.

Ensino do melhoramento animal e formação de recursos humanos no Brasil

O início do ensino superior agrícola no Brasil em 1877 (Capdeville, 1991) é, possivelmente, o ponto de partida para o ensino formal do melhoramento animal no País. Os primeiros profissionais que receberam treinamentos nesta área do conhecimento foram os agrônomos (a partir da criação do primeiro curso de agronomia da Imperial Escola Agrícola da Bahia, no município de São Francisco do Conde – BA, em 1877), os médicos veterinários (a partir da criação do primeiro curso de medicina veterinária na cidade do Rio de Janeiro – RJ, em 1913), e os zootecnistas (a partir da criação do primeiro curso de zootecnia em Uruguaiana – RS, em 1966). Mas o ensino desta área não se restringe a estes três profissionais.

As décadas de 1940 e 1950 foram particularmente relevantes para o ensino e pesquisa em melhoramento animal no Brasil porque foram marcadas pelos regressos dos professores Raul Briquet Júnior (1945), Roberto Meirelles de Miranda (1945), Geraldo Gonçalves Carneiro (1950) e José Rodolpho Torres (1953) ao Brasil. Ambos migraram para os Estados Unidos em busca de qualificação na área. Todos eles estudaram na *Iowa State University*, sob supervisão do professor Jay Laurence Lush, reconhecido com um dos pioneiros e mais influentes melhoristas do mundo. Estes quatro brasileiros tiveram contribuições essenciais na estruturação da rede de pesquisa e pós-graduação em melhoramento animal, e bem como na formação dos primeiros melhoristas em solo nacional. Eles também foram responsáveis por uma vasta produção bibliográfica, composta por livros-texto de autoria própria ou traduções (Lush, 1964; Briquet Júnior, 1967), artigos científicos e outros tipos de documentos.



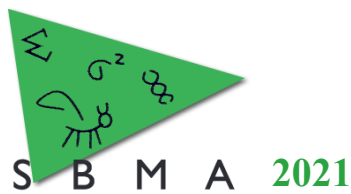
A pós-graduação e a pesquisa em melhoramento animal no Brasil começaram a ser estabelecidas no início da década de 1960. A partir daquele momento, populações experimentais de animais (especialmente de aves e suínos) também começaram a ser formadas com os objetivos de auxiliar no treinamento de estudantes e gerar pesquisas e informações para a sociedade. Essas espécies são de pequeno porte, podem ser criadas em áreas relativamente pequenas e com grande controle ambiental, possuem intervalos de gerações curtos e altas taxas reprodutivas. As populações experimentais de aves e suínos estabelecidas na Universidade Federal de Viçosa no final da década de 1960 e início da década de 1970, de bovinos de corte estabelecidas no Instituto de Zootecnia de Sertãozinho (SP) a partir do final da década de 1970, e de tilápias do Nilo estabelecidas na Universidade Federal de Minas Gerais a partir da década de 2010, bem como muitas outras populações estabelecidas em universidades e centros de pesquisa brasileiros, foram, e ainda são, importantes materiais para a formação de recursos humanos e geração de conhecimentos na área. Estas populações permitem realizar pesquisas e aulas práticas de melhoramento animal, demonstrar os efeitos da seleção e dos sistemas de acasalamentos e servem para colocar os estudantes em contato direto com todas as atividades de rotina de programas de melhoramento genético. Muitos profissionais da área de melhoramento genético passaram por essas experiências enquanto eram estudantes de graduação e de pós-graduação.

O desenvolvimento de pesquisas tem grande impacto sobre a qualidade do ensino. Os professores envolvidos com pesquisas adquirem conhecimentos e experiências que podem ser compartilhados em sala de aula. Este compartilhamento eleva o nível das aulas e estimula os estudantes a ficarem engajados nos projetos, interessarem-se mais pelo assunto, adquirirem conhecimentos teóricos e práticos e saírem da universidade mais preparados para o mercado de trabalho. Não há dúvidas de que o aumento do investimento em pesquisas implica em melhoria da qualidade do ensino.

Neste momento, além de sua deferência a todos os nomes já citados no texto, o autor registra seu reconhecimento, seus agradecimentos e as contribuições de outros dois nomes fundamentais para o melhoramento animal no Brasil.

O professor Martinho de Almeida e Silva (engenheiro agrônomo desde 1965, pela Universidade Federal de Viçosa), que exerceu a cátedra de melhoramento animal entre 1966 e 2012, na Universidade Federal de Viçosa, Universidade Estadual do Norte Fluminense, e Universidade Federal de Minas Gerais, lecionou para milhares de profissionais de ciências agrárias e formou centenas de melhoristas. Ele também produziu muito material bibliográfico para a área de melhoramento. O professor Martinho é um dos principais, se não o principal, formador de recursos humanos em nível de pós-graduação em melhoramento animal no Brasil.

O professor Jonas Carlos Campos Pereira (médico veterinário desde 1969, pela Universidade Federal de Minas Gerais), que exerceu sua carreira de catedrático em melhoramento animal exclusivamente na Universidade Federal de Minas Gerais, entre 1970 e 2012, escreveu em 1996 (Pereira, 1996), e manteve atualizado até 2012 (Pereira, 2012), um dos principais livros-texto da área de melhoramento genético aplicado à produção animal. Este livro foi responsável em levar conhecimentos de melhoramento genético animal para milhares de estudantes, técnicos e criadores no Brasil.



Os professores Martinho e Jonas, mesmo aposentados desde 2012, continuam inspirando novas gerações de profissionais no Brasil e no mundo.

O Brasil, felizmente, é um dos melhores países do mundo para a formação de recursos humanos e aplicação dos conhecimentos em melhoramento animal. Os corpos docentes e os pesquisadores das instituições nacionais, bem como os profissionais autônomos ou de empresas privadas, que atuam na área de melhoramento são altamente qualificados e habilitados para o desenvolvimento desta área. A pecuária nacional, apesar de muito heterogênea quanto ao nível tecnológico, também é ávida por tecnologias de vanguarda, o que permite grande interação entre o setor acadêmico e o setor produtivo.

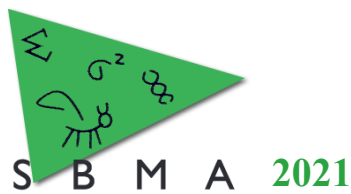
Atualmente, o ensino de graduação e pós-graduação em melhoramento animal acontece em todas as regiões do território nacional, e há grande variedade de materiais e objetos de estudo para educadores e estudantes desenvolverem novos conhecimentos e contribuições para a nação. A Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal (SBMA) pode desempenhar um papel de destaque no ensino. Congregar todas as pessoas e instituições interessadas em proporcionar maior progresso e difusão do melhoramento genético das espécies de animais domésticos e zelar pela melhoria constante da qualidade do ensino estão entre as finalidades da SBMA. Neste sentido, ela pode auxiliar todos os profissionais que ministram cursos de graduação e de pós-graduação (inclusive aqueles profissionais de áreas congêneres que, por diversas razões, encontram-se ministrando cursos em melhoramento animal) no estabelecimento de conhecimentos e critérios mínimos para as disciplinas de diferentes níveis.

O conteúdo programático e a construção do acervo internacional e nacional

Análises críticas das literaturas nacionais e internacionais, e dos conhecimentos gerados em pesquisas, servem de suporte para o entendimento dos principais tópicos de melhoramento animal lecionados ao longo do tempo. A literatura do final do século XIX e início do século XX se concentrava na descrição dos processos de domesticação, na caracterização de raças e de seus principais atributos, no dimorfismo sexual e nas relações dos animais com os ambientes de criação (Domingues, 1928).

A partir de meados da década de 1930, os livros-texto internacionais da área de melhoramento animal já apresentavam informações a respeito da herança de algumas características, da seleção e de seus efeitos sobre as constituições das populações, e dos sistemas de acasalamentos (Lush, 1937). Sir Ronald Aylmer Fisher e Sewall Wright desenvolveram e formalizaram conceitos fundamentais para o melhoramento animal. Suas contribuições nas áreas de estatística, genética e melhoramento animal são citadas em livros e artigos científicos de todas as épocas. A partir desta década, a literatura internacional foi sendo enriquecida pelas contribuições de várias outras personalidades importantes.

As contribuições do professor Charles Roy Henderson sobre métodos de avaliação genética animal estão distribuídas em dezenas de artigos publicados entre as décadas de 1950 e 1970, principalmente, e cujos conteúdos foram concentrados em um livro-texto bastante valioso (Henderson, 1984). Nesta mesma época, o professor Douglas Scott Falconer também dava grandes contribuições para o desenvolvimento da genética quantitativa por meio de dezenas de



artigos e de um dos livros-texto mais completos e compreensivos sobre este tema (*Introduction to quantitative genetics*), que foi publicado pela primeira vez em 1960 (Falconer, 1960), mas que também foi atualizado e editado em 1981 (2ª edição), 1989 (3ª edição) e 1996 (4ª edição, que contou com a colaboração da professora Trudy Frances Charlene Mackay) (Hill & Mackay, 2004).

Importante registrar que, paralelamente a construção desta literatura aplicada ao melhoramento animal, também havia a produção de literatura em áreas correlatas, como genética, biometria e estatística, que não serão descritas neste texto.

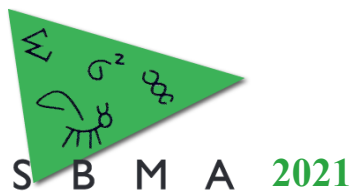
A literatura nacional especializada em melhoramento animal começou a ser construída ainda na década de 1950. Além de publicações em periódicos científicos, os autores brasileiros dedicaram-se à elaboração de documentos para técnicos e produtores (Domingues, 1957, Vianna et al., 1960), materiais didáticos específicos para cursos de melhoramento animal sob sua responsabilidade (Peixoto, 1961; Cunha Filho, 1976) e livros-texto (Torres, 1981; Silva, 1982; Giannoni & Giannoni, 1983; Pereira, 2012; Eler, 2017a, 2017b, 2017c). O número de publicações brasileiras, direcionadas a estudantes de graduação e de pós-graduação em melhoramento animal, é grande e não haveria espaço para citar todas elas.

Os professores brasileiros produziram, e ainda produzem, uma literatura muito rica e adequada para estudantes, técnicos e criadores. Alguns textos, sejam eles livros, apostilas, ou documentos técnicos, são verdadeiras preciosidades, e contêm detalhes e explicações que nem sempre podem ser encontrados nas literaturas internacionais mais reconhecidas.

Requisitos e competências do profissional da área de melhoramento animal

Infelizmente, o melhoramento genético de algumas espécies tem sido direcionado, apenas ou principalmente, pelos resultados de exposições agropecuárias. Animais premiados em algumas exposições têm sido aclamados como grandes reprodutores e deixam muitos descendentes. Os resultados de exposições agropecuárias nem sempre refletem os potenciais genéticos ou econômicos dos animais. Na prática, os julgamentos refletem um conjunto de efeitos genéticos e ambientais (e da interação deles), de ponderações atribuídas pelo juiz às diferentes características dos animais, e até mesmo da forma de apresentação dos animais perante os avaliadores. Portanto, os técnicos que atuam na área de melhoramento genético precisam reconhecer estes fatos e analisar tais resultados de forma criteriosa e crítica antes de qualquer decisão.

Alguns conhecimentos a respeito da utilização de recursos genéticos, como: 1) entender a importância do melhoramento genético em uma cadeia produtiva; 2) reconhecer os fatores determinantes da resposta à seleção; 3) identificar a melhor composição genética para uma população de acordo com o sistema de produção; 4) interpretar os resultados de avaliações genéticas; e 5) planejar e executar os acasalamentos, são essenciais para qualquer profissional da área de ciências agrárias. Adicionalmente, aqueles que optam por atuar como especialistas em melhoramento genético, seja na indústria ou na academia, precisam de conhecimentos mais aprofundados sobre o tema. Neste caso, também é necessário: 1) conhecer as metodologias e ferramentas para definir objetivos de seleção; 2) conhecer a estrutura, logística e funcionamento de um programa de melhoramento genético; 3) executar procedimentos de coleta e análise de



dados; 4) conhecer ferramentas de otimização dos ganhos genético e econômico em programas de melhoramento; e 5) saber analisar criticamente a evolução do programa e propor soluções para melhorar sua eficiência.

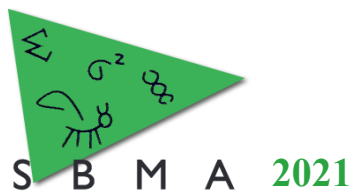
Os bancos de dados dos programas de melhoramento genético estão crescendo exponencialmente em função do grande volume de animais participantes, fenótipos e genótipos coletados e incorporados nas bases. E um especialista em melhoramento precisa saber trabalhar com esses grandes bancos de dados. Para isso, ele precisa saber utilizar ferramentas de gerenciamento, integração e análise de dados. Ainda, nem sempre as ferramentas necessárias encontram-se desenvolvidas e muitos profissionais precisam ter habilidades para desenvolver suas próprias soluções.

Antes dos próprios estudantes ou técnicos em qualificação, os educadores da área de melhoramento precisam conhecer o campo de atuação, as demandas de mercado, as responsabilidades e as habilidades requeridas dos futuros profissionais. Naturalmente, também precisam ser habilitados para qualificar os futuros melhoristas. O melhoramento genético relaciona-se com várias outras áreas do conhecimento e está em evolução constante, o que exige atualização e desenvolvimento de novas habilidades até mesmo daqueles profissionais altamente qualificados.

Perspectivas

O conteúdo programático do melhoramento animal, e de qualquer outra área de conhecimento, está sempre em desenvolvimento. Mas as cargas horárias dos cursos de graduação e de pós-graduação disponíveis não acompanham esse processo. Os perfis dos estudantes, seus interesses e habilidades, e as demandas do mercado também mudam. Com isso, os educadores precisam ajustar os conteúdos programáticos das disciplinas e as metodologias de ensino. Os conteúdos precisam ser atualizados e priorizados e as metodologias de ensino precisam evoluir. A pandemia da COVID-19, que assolou o mundo no início de 2020, causou uma revolução nas metodologias de ensino. O conteúdo de melhoramento animal, de alta e de baixa qualidade, disponível para a comunidade em geral também aumentou muito. Isso, somado à maior facilidade de acesso à informação dos estudantes modernos, revelou a necessidade de lhes ensinar como escolher o conteúdo adequado para o aprendizado.

No final das últimas duas décadas, o desenvolvimento e aplicação comercial da seleção genômica (Meuwissen et al., 2001), o desenvolvimento (Cong et al., 2013; Junek et al., 2012) e aplicação de procedimentos de edição gênica em populações de animais domésticos (Burkard et al., 2017), e o desenvolvimento e utilização de ferramentas “ômicas” (Karczewski & Snyder, 2018) ganharam destaque nos principais periódicos da área de genética e melhoramento animal. Estas ferramentas têm facilitado e expandido as colaborações dos melhoristas com profissionais de diferentes áreas, como biólogos, bioinformatas, cientistas da computação, estatísticos e até mesmo nutricionistas. Paulatinamente, estes tópicos estão sendo incorporados nos conteúdos programáticos de disciplinas de graduação e pós-graduação.



As mudanças das exigências dos consumidores também influenciam a formação de recursos humanos em melhoramento animal. Eles estão cada vez mais preocupados com a segurança alimentar, impacto ambiental e bem-estar animal. Os melhoristas precisam estar atentos a estas preocupações. O melhoramento genético pode contribuir com o aumento da quantidade de alimentos produzidos e com a produção de animais mais resistentes e tolerantes aos agentes causadores de doenças. A utilização de animais mais resistentes e tolerantes pode auxiliar na redução da utilização de medicamentos para controle de parasitos e doenças, o que reduziria a probabilidade de contaminação dos produtos de origem alimentar e do ambiente com substâncias químicas. A preocupação da população humana com questões éticas e de segurança alimentar de produtos oriundos de organismos geneticamente modificados também deve estar no radar daqueles que participam do desenvolvimento deste tópico. A melhoria da eficiência da transformação de alimentos vegetais em produtos animais também pode contribuir para redução do impacto ambiental causado pela produção de uma unidade de carne, leite ou ovos. Adicionalmente, a utilização de recursos genéticos mais adaptados às condições tropicais, predominantes na maior parte do Brasil, também contribuirá para o atendimento de requisitos relacionados ao bem-estar animal.

Considerações finais

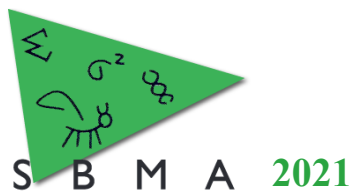
A genética é um insumo essencial para a produção animal. Os melhoristas precisam conhecer as cadeias produtivas e saber desenvolver os materiais genéticos mais adequados para cada situação. Além disso, eles precisam conhecer e mostrar o valor desta ferramenta para a sociedade.

A pesquisa em melhoramento genético pode se ocupar de diferentes materiais e objetos. Contudo, é essencial atender às demandas da sociedade e evitar a concentração de esforços em determinados tópicos em detrimento de outros, sendo ambos importantes.

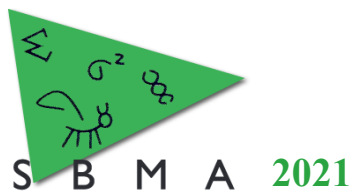
A visão de futuro do profissional é essencial para delinear um programa de melhoramento e garantir que todos os passos sejam dados na direção correta. Os educadores e pesquisadores desta área também precisam olhar para frente, antecipar as demandas da sociedade e direcionar o ensino e a pesquisa. Assim, os futuros melhoristas estarão aptos para atender às demandas da sociedade e as gerações mais avançadas de profissionais serão melhores que as gerações mais antigas.

Referências

- Briquet Júnior R. 1967. **Melhoramento Genético Animal**. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo.
- Burkard C., Lillico S.G., Reid, E., Jackson B., Mileham A.J., Ait-Ali T., Whitelaw B.A. & Archibald A.L. 2017. Precision engineering for PRRSV resistance in pigs: macrophages from genome edited pigs lacking CD163 SRCR5 domain are fully resistant to both PRRSV genotypes while maintaining biological function. **PLoS Pathogens**, 13, e1006206.
- Cong L., Ran F.A., Cox D., Lin S., Barretto R., Habib N., Hsu P.D., Wu X., Jiang W., Marraffini L.A. & Zhang F. 2013. Multiplex genome engineering using CRISPR/Cas systems. **Science**, 339, 819-823.



- Capdeville G. 1991. O ensino superior agrícola no Brasil. **Revista Brasileira de Estudos Pedagógicos**, 72, 229-261.
- Cunha Filho L.A. 1976. **Genética Quantitativa**. Rio de Janeiro: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.
- Domingues O. 1928. **Introdução ao Estudo do Melhoramento dos Animais Domésticos**. Piracicaba: TYP Perches.
- Domingues O. 1957. **Melhoramento dos Caprinos Leiteiros do Nordeste**. Fortaleza: Inspetoria Regional de Fomento Agrícola no Ceará.
- Eler J.P. 2017a. **Teorias e Métodos em Melhoramento Genético Animal: Bases do Melhoramento Genético**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo.
- Eler J.P. 2017b. **Teorias e Métodos em Melhoramento Genético Animal: Seleção**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo.
- Eler J.P. 2017c. **Teorias e Métodos em Melhoramento Genético Animal: Sistemas de Acasalamentos**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo.
- Falconer D.S. 1960. **Introduction to Quantitative Genetics** (1st edition). Edinburgh: Oliver & Boyd.
- Giannoni M.A. & Giannoni M.L. 1983. **Genética e Melhoramento de Rebanhos nos Trópicos**. São Paulo: Nobel.
- Henderson C.R. 1984. **Applications of Linear Models in Animal Breeding**. Guelph: University of Guelph.
- Hill W.G. & Mackay T.F.C. 2004. D. S. Falconer and Introduction to Quantitative Genetics. **Genetics**, 167, 1529-1536.
- Jinek M., Chylinski K., Fonfara I., Hauer M., Doudna J.A. & Charpentier E. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. **Science**, 337, 816-821.
- Karczewski K.J. & Snyder M.P. 2018. Integrative omics for health and disease. **Nature Reviews Genetics**, 19, 299-310.
- Lush J.L. 1937. **Animal Breeding Plans**. Ames: Collegiate Press, Inc.
- Lush J.L. 1964. **Melhoramento Genético dos Animais Domésticos**. Tradução: Geraldo Gonçalves Carneiro, José Maria Pompeu Memória & Gladstone de Almeida Drumond. Rio de Janeiro: Centro de Publicações Técnicas da Aliança.
- Meuwissen T.H., Hayes B.J. & Goddard M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense markers maps. **Genetics**, 157, 1819-1829.
- Peixoto A.M. 1961. **Curso de Melhoramento Genético do Gado**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz.
- Pereira J.C.C. 1996. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal** (1^a edição). Belo Horizonte: Imprensa Universitária.
- Pereira J.C.C. 2012. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal** (6^a edição). Belo Horizonte: FEPMVZ Editora.



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

Silva R.G. 1982. **Métodos de Genética Quantitativa Aplicados ao Melhoramento Animal**.
Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética.

Torres A.P. 1981. **Melhoramento dos Rebanhos** (4ª edição, 1ª reimpressão). São Paulo: Nobel.

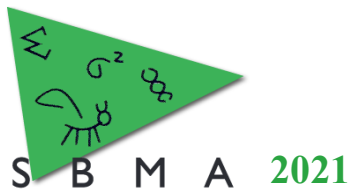
Vianna A.T., Santiago M. & Gomes F.P. 1960. **Formação do Gado de Canchim**. Rio de Janeiro:
Ministério da Agricultura. Serviço de Informação Agrícola.

RESUMIOS



Aves e Suínos





Abordagem do Pós-GWAS: uma análise funcional de genes candidatos para característica reprodutiva em suínos

Tânia Fernandes Martins^{1*}, Geovana Cristina Santos¹, Aline Gabrielly de Oliveira Freitas¹, Lucas Lima Verardo¹, Cristina Moreira Bonafé¹, Ana Fabrícia Braga Magalhães¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri UFVJM, Diamantina, MG, Brasil.

*Autor correspondente: taniafernandeszootecnia@gmail.com

Resumo: Características reprodutivas em suínos, tais como o número de tetos, têm sido amplamente incluídos nos índices de seleção suinícola, devido à sua importância na indústria. Essa característica é essencial para os programas de melhoramento animal, devido à relevância para a cadeia produtiva, pois influencia na habilidade materna das porcas, sendo um fator limitante para o aumento do número de leitões desmamados. Dessa forma, apesar de haver vários estudos de associação genômica ampla (GWAS) já realizados, ainda é necessário aprofundar os estudos genéticos para essa característica, identificando possíveis genes candidatos e suas respectivas funções biológicas. Neste contexto, as análises pós-GWAS, fornecem uma valiosa fonte de informações sobre genes identificados a partir de estudos de associação para características reprodutivas. Diante do exposto, objetivou-se realizar uma análise funcional e construir uma rede gene-processo biológico a partir de genes candidatos previamente identificados por Yang Li *et al.* (2021), destacando os genes mais candidatos relacionados ao número de tetos em suínos Duroc. Os genes candidatos foram submetidos a uma análise funcional para obtenção de uma rede gene-processo biológico. A rede destacou processos associados aos genes (ex: *NRPI*, *PROX2*, *DNALI*, *RIOX1*, *DLST*, *NUMB*), destacando-se o gene *PROX2*, que está associado ao desenvolvimento da glândula mamária.

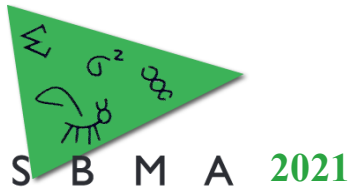
Palavras-chave: genoma, número de tetos, processos biológicos, reprodução, redes gênicas.

Abstract: Reproductive traits in pigs, such as the number of teats, have been widely included in pig selection indices due to their importance in the industry. This characteristic is essential for animal breeding programs, due to its relevance to the production chain, as it influences the maternal ability of sows, being a limiting factor for the increase in the number of weaned piglets. Thus, although there are several genome-wide association studies (GWAS) already carried out, it is still necessary to deepen the genetic studies for this characteristic, identifying possible candidate genes and their respective biological functions. In this context, post-GWAS analyzes provide a valuable source of information on genes identified from association studies for reproductive traits. Given the above, the objective was to perform a functional analysis and build a gene-biological process network from candidate genes previously identified by Yang Li *et al.* (2021), highlighting the most candidate genes related to the number of teats in Duroc pigs. Candidate genes were submitted to a functional analysis to obtain a gene-biological process network. The network highlighted processes associated with genes (ex: *NRPI*, *PROX2*, *DNALI*, *RIOX1*, *DLST*, *NUMB*), highlighting the *PROX2* gene, which is associated with the development of the mammary gland.

Keywords: genome, number of teats, biological processes, reproduction, gene network.

Introdução

Visando à lucratividade, o sistema de produção de suínos utiliza animais intensamente selecionados para características reprodutivas, com o intuito de obtenção de genótipos capazes de produzir maior número de leitões por fêmea por ano e obtendo animais mais eficientes e com melhores taxas de crescimento. As características reprodutivas são de suma importância, sendo o número de tetos da fêmea considerado essencial para a indústria, uma vez que influencia a habilidade materna e é um fator limitante para o aumento do número de desmamados. Assim, estudos de associação genômica ampla (GWAS), aliados a análises de Pós-GWAS no intuito de conhecer o processo biológico dos genes associados a esta característica, pode ser explorada como uma boa alternativa na busca da compreensão



Por último, o gene *PROX2* é responsável pelo desenvolvimento de vasos linfáticos. Segundo Lopes *et al.*, (2014), este gene também está associado com o número de vértebras, costelas e com o comprimento de carcaça, o que consequentemente está correlacionado com o número de tetos, uma vez que a estimativa da correlação fenotípica (0,24) é moderada e positiva entre número de tetos e número de vértebras torácicas. O *PROX2* foi proposto como o gene mais candidato para o número de vértebras em animais cruzados Duroc Branco x Erhualiano Chinês, que também carrega dois haplótipos diferentes para aumento do número de tetos (Ren *et al.* 2012). Biologicamente, o desenvolvimento embrionário da glândula mamária requer a coordenação de um grande número de vias de sinalização necessárias para uma adequada morfogênese das tetas, e o desenvolvimento de vasos linfáticos pode ter um papel importante. Esta análise destaca a importância de estudar os processos biológicos associados aos genes com possíveis ações sobre o desenvolvimento de glândulas mamárias, auxiliando em uma maior compreensão da arquitetura genética para o número de tetos.

Conclusão

A partir da construção da rede gene-processo biológico, foi possível realizar análises dos genes candidatos associados ao número de tetos em suínos. Com isso, podemos destacar uma possível ação do gene *PROX2* em processos biológicos relacionados desenvolvimento da glândula mamária destes animais.

Agradecimentos

Agradecimentos á Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e á FAPEMIG (N.: APQ-01834-18).

Literatura citada

BINDEA, G; MLECNIK, B; HACKL, H; CHAROENTONG, P; TOSOLINI, M; KIRILOVSKY, A; GALON, J. ClueGO: a Cytoscape plug-in to decipher functionally grouped gene ontology and pathway annotation networks. **Bioinformatics**, v. 25, n. 8, p. 1091-1093, 2009.

CHATTERJEE, S.J.; HALAOUI, R.; DEAGLE, R.C.; REJON, C.; MCCAFFREY, L. Numb regulates cell tension required for mammary duct elongation. **Biol. Open**, v. 8, bio042341, 2019.

KERROS, C. *et al.* Neuropilin-1 mediates neutrophil elastase uptake and cross-presentation in breast cancer cells. **J. Biol. Chem**, v. 292, p. 10295–10305, 2017.

LI, Y. *et al.* Revealing New Candidate Genes for Teat Number Relevant Traits in Duroc Pigs Using Genome-Wide Association Studies. **Animals**, v. 11, n. 3, p. 806, 2021.

LOPES, M.S; BASTIAANSEN, J.W; HARLIZIUS, B; KNOL, E.F; BOVENHUIS, H. A genome wide association study reveals dominance effects on number of teats in pigs. **PLoS One**. V. 9, n. 8, p. 105867, 2014.

REN, D.R. *et al.* Mapping and fine mapping of quantitative trait loci for the number of vertebrae in a White Duroc x Chinese Erhualian intercross resource population. **Anim Genet**, v. 43, p. 545-551, 2012.



Diversidade genômica de raças de suínos locais brasileiras

Anna Mikaela Batista^{1,2}, Suelen Fernandes Padilha^{2*}, Rosyara Pedrina Maria Montanha Juliatto³, Samuel Rezende Paiva⁴, Francisco Rosa⁵, Laila Talarico Dias⁶, Marson Bruck Warpechowski⁶,

¹ Parte do TCC do curso de graduação em Zootecnia - Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, Paraná, Brasil.

² Discente do Curso de Graduação em Zootecnia - Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, Paraná, Brasil.

³ Mestre em Zootecnia pelo PPGZ - Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, Paraná, Brasil.

⁴ Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

⁵ Professor do Depto. de Zootecnia – Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG), Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

⁶ Professor(a) do Depto de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – (UFPR), Curitiba, Paraná, Brazil.

*Autor correspondente: suelenfpadilha7@gmail.com

Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética inter e intra-racial de raças suínas brasileiras locais por meio do Polimorfismo de Nucleotídeo Único (SNP). Os animais foram genotipados com painéis de 60K ou 80K SNPs. Foram analisadas 182 amostras das 6 raças locais brasileiras e 6 grupos genéticos (animais cruzados que não podem ser considerados de uma raça específica). Os valores de heterozigose variaram entre os grupos genéticos analisados, sendo que, os indivíduos das raças Monteiro e Moura apresentaram valores mais baixos, indicando redução da diversidade genética. A Análise de Componentes Principais (PCA) mostrou a diferença genética existente entre as raças e evidenciou a separação das raças Monteiro, Moura e Piau. Por meio da AMOVA foi possível observar variabilidade genética significativa entre os indivíduos (~91%) e entre os grupos genéticos (8,2%). Na matriz Par-a-Par de F_{ST} , pode-se notar que os suínos da raça Monteiro diferenciaram-se de todas as demais raças estudadas. Para que não ocorra erosão genética futura sugere-se a realização de acasalamentos direcionados.

Palavras-chave: Caracterização genética, conservação genética, diversidade genética, recursos genéticos

Genomic diversity of Brazilian local pig breeds

Abstract: This work aimed to evaluate the inter e intra-racial genetic diversity of Brazilian pig breeds with the Single Nucleotide Polymorphism (SNP). The animals were genotyped with the 80K or 60K SNPs bead chip. After quality control, were used in the analysis 182 samples from 6 local Brazilian breeds and 6 genetic groups (crossbred animals which cannot be considered as a specific breed). The heterozygosity values ranged among the genetic groups analyzed. Nevertheless, the individuals of the Monteiro and Moura breeds presented the lowest heterozygosity values. So, it indicated the reduction of genetic diversity. The Principal Component Analysis (PCA) showed the genetic difference between the breeds. Consequently, the Monteiro, Moura and Piau breeds were separated groups. The AMOVA showed significant genetic variability among the animals (~91%) and genetic groups (8,2%). In F_{ST} Par-a-Par matrix, the Monteiro breed were different from other groups evaluated. The adoption of assortative mating strategies is suggested to prevent future genetic erosion.

Keywords: genetic characterization, genetic conservation, genetic diversity, genetic resources

Introdução

No Brasil há grande diversidade genética de suínos, sendo que, a maioria das raças domésticas foi introduzida no país pelos colonizadores portugueses e espanhóis. Na literatura, é possível comprovar a perda de genes de raças localmente adaptadas que tiveram grande importância na economia nacional, como por exemplo: Piau, Nilo, Pirapetinga, Tatu, Canastra, Canastrão, Caruncho, Moura, entre outras (Mariante; Albuquerque; Ramos, 2011). Por essa razão, instituições públicas e privadas, têm implementado programas de conservação a fim de preservar a variabilidade genética de raças locais que possam contribuir com a segurança alimentar do país, visto que atualmente a produção agropecuária depende de raças estrangeiras/exóticas (PAIVA et al., 2019). Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética intra-racial de raças de suínos brasileiras.

Material e Métodos

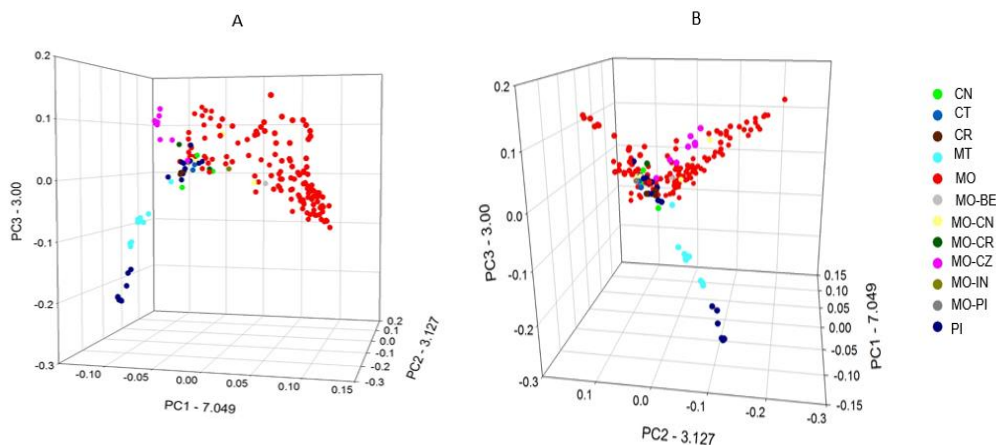
As amostras utilizadas foram concedidas pela Embrapa – Suínos e Aves (CNPASA), Embrapa - Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), Universidade Federal do Paraná (UFPR), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Universidade de Passo Fundo (UPF) e por um banco de dados público DRYAD disponibilizado por Burgos Paz *et al.* (2013). Foram utilizados 216 genótipos de suínos, de 6 raças locais brasileiras (4 Canastra, 2 Canastrão, 9 Caruncho, 10 Monteiro, 153 Moura e 20 Piau) e 6 grupos genéticos – animais cruzados que não podem ser considerados de uma raça específica (1 Moura-Berkshire, 4 Moura-Canastra, 2 Moura-Caruncho, 9 Moura-Cruzado, 1 Moura-Industrial e 1 Moura-Piau), usando painéis de 80K (Neogen Genomics® – Lincoln NE) ou 60K SNPs (Illumina®), dos três estados da região Sul do Brasil (Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná) e 1 estado da região Sudeste (São Paulo). O controle de qualidade foi baseado em *Call Rate* < 0,95, Frequência Alélica Mínima (MAF) < 0,05, Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EWH) $p < 0,0001$ e Desequilíbrio de Ligação (LD) $r^2 > 0,5$, restando 14.156 SNPs. Foram estimadas a variabilidade intra-raacial por meio da heterozigosidade média observada (H_O), heterozigosidade média esperada (H_E), além do coeficiente de endogamia (F_{IS}), por meio das análises de componentes principais (PCA), variância molecular (AMOVA) e também Matriz Par a Par de F_{ST} .

Resultados e Discussão

Os valores de heterozigose variaram em função da raça ou do grupo genético estudado, sendo que, os animais das raças Monteiro e os Moura, apresentaram menores estimativas provavelmente em função da menor diversidade genética. Em relação ao valor de F_{IS} , pode-se notar que, embora acasalamentos consanguíneos tenham ocorrido dentro das raças/grupos genéticos, apenas para a raça Monteiro o coeficiente de endogamia foi significativo.

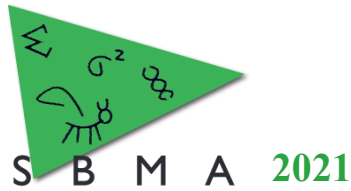
Na análise de componentes principais observou-se que os três primeiros componentes explicaram, aproximadamente, 13,2% da variação. Na Figura 1 está apresentada a distribuição dos indivíduos de acordo com a raça/grupo genético por meio da Análise de Componentes Principais (PCA).

Figura 1. Estrutura de populações das raças de suínos naturalizadas brasileiras e grupos genéticos. A e B são diferentes ângulos do gráfico 3D.



CN: Canastra; CT: Canastrão; CR: Caruncho; MT: Monteiro; MO: Moura; MO-BE: Moura-Berkshire; MO-CN: Moura-Canastra; MO-CR: Moura-Caruncho; MO-CZ: Moura-Cruzado; MO-IN: Moura-Industrial; MO-PI: Moura-Piau e PI: Piau.

O primeiro componente (que explicou 7,05% da variação total) mostrou a diferença genética existente entre as raças Monteiro, Moura e Piau, sendo Monteiro e Piau mais próximas. O segundo (3,13%) e terceiro (3,00%) componentes evidenciaram a grande variação genética que há dentro da raça Moura. As amostras dessa raça foram provenientes de quatro rebanhos institucionais (descendentes de animais obtidos entre 1985 e 2014 de diversos rebanhos *in situ* na Região Sul), além de vários rebanhos *in situ* remanescentes recentes em quatro diferentes regiões do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná. Sendo



assim, cada rebanho remanescente in situ pode apresentar características genéticas diferentes, seja em função do isolamento geográfico, que pode ter agido como uma barreira física, seja em função do fluxo gênico, que proporcionou maior adaptação dos indivíduos a um determinado ambiente, ou ainda, pela migração de novos genes (Manel & Holderegger, 2013).

Por meio da AMOVA foi possível observar variabilidade genética significativa entre os indivíduos (~91%) e entre as raças/grupos genéticos (8,2%), sendo essa diversidade é fundamental para adaptarem-se às condições a que foram expostos, como: mudanças de ambientes, mudanças climáticas, sistema de produção, critérios locais de seleção (padrão racial ou habilidade materna, por exemplo), entre outras. Provavelmente, a variabilidade ocorreu em função da diferença que há na composição genética (DNA) dos indivíduos de raças/grupos genéticos distintos resultando em características genéticas e fenotípicas únicas, específicas para cada raça (RIBEIRO *et al.*, 2016).

Na matriz Par-a-Par de F_{ST} , os animais da raça Monteiro apresentaram índices de fixação elevados, diferenciando-se de todas as outras raças estudadas. Segundo Burgos-Paz *et al.* (2013), essa diferenciação pode ter ocorrido devido a localização geográfica, pantanal mato-grossense, ocasionando menor fluxo gênico.

Conclusão

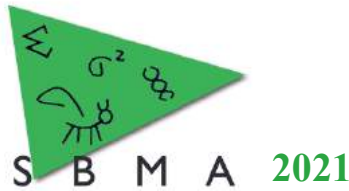
As raças de suínos locais brasileiras apresentaram diversidade genética, provavelmente em função da estrutura genética existente nos rebanhos estudados. Sugere-se a adoção de estratégias de acasalamento direcionado para que não ocorra erosão genética no futuro.

Agradecimentos

Às demais instituições envolvidas neste projeto: Dra. Denise Leite - IAPAR-IDR, Dra. Mônica Corrêa Ledur - EMBRAPA aves e suínos, UDESC, Profa. Maria Marta Loddi – UEPG, Ricardo Zanella - Universidade de Passo Fundo (UPF), José Braccini Neto – UFRGS e UNESP Câmpus de Ilha Solteira. À CAPES e ao CNPq pelo financiamento parcial e bolsas. E aos criadores de porcos da raça Moura.

Literatura citada

- Burgos-Paz, W. et al. 2013. Porcine colonization of the Americas: a 60k SNP story. **Heredity**, v. 110, n. 4, p. 321–330.
- Manel, S.; Holderegger, R. 2013. Ten years of landscape genetics. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 28, n. 10, p. 614–621.
- Mariante, A. S.; Albuquerque, M. S. M. & Ramos, A. F. 2018. Criopreservação de recursos genéticos animais brasileiros. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 35, p. 64–68.
- PAIVA, S. R. et al. **Coleção 500 Perguntas 500 Respostas: Recursos Genéticos**. 1. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2019.
- Ribeiro, M. N. et al. 2016. Recursos genéticos de caprinos de raças locais do Brasil. **Biodiversidad caprina iberoamericana**, p. 189–206.



Avaliação de índice de seleção em linhagens de codornas de postura

Tádia Emanuele Stivanin¹*, Ana Carolina de Jesus Oliveira¹, Ana Carolina Almeida Rollo de Paz¹,
Sandra Maria Simonelli², Elias Nunes Martins³, Danísio Prado Munari¹

¹Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal – FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Universidade Estadual de Londrina, PR, Brasil

³Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brasil.

*Autor correspondente: tadiaemanuele@gmail.com

Resumo: A produção e o peso dos ovos são características consideradas no processo de seleção em programas de melhoramento genético de codornas de postura. Neste estudo, o objetivo foi estimar parâmetros genéticos e avaliar um índice de seleção para as características produção total de ovos e peso médio dos ovos em duas linhagens de codornas de postura. Os dados foram colhidos em 60 dias de postura e avaliados pelo procedimento Bayesiano usando a amostragem de Gibbs. As estimativas de herdabilidade para produção total de ovos e peso médio dos ovos foram 0,08 e 0,31 para L1; 0,14 e 0,41 para L2. As correlações genéticas entre produção total de ovos e peso médio dos ovos foram, 0,45 e 0,24 para L1 e L2, respectivamente. As estimativas de ganho genético obtidas com a utilização do índice de seleção na produção total de ovos e peso médio dos ovos foram 0,19 ovos e 0,68 gramas para L1; 1,07 ovos e 0,46 gramas para L2. Diferentes ponderações nas características que compõe os índices de seleção devem ser consideradas para cada linhagem de codornas de postura.

Palavras-chave: parâmetros genéticos, produção de ovos, peso médio dos ovos.

Evaluation of selection index in laying quail

Abstract: Egg production and egg weight are traits considered in the selection process in quail breeding programs. In this study, the aim was to estimate genetic parameters and evaluate a selection index for the traits of total egg production and average egg weight in two lineages of laying quail. Data was collected at 60 days of laying and evaluated by the Bayesian procedure using Gibbs sampling. Heritability estimates for total egg production and average egg weight were 0.08 and 0.31 for L1; 0.14 and 0.41 for L2. The genetics correlations between total egg production and average egg weight were 0.45 and 0.24 for L1 and L2, respectively. Estimates of genetic gain obtained using the selection index on total egg production and average egg weight were 0.19 eggs and 0.68 grams for L1; 1.07 eggs and 0.46 grams for L2. Different weightings must be considered in the traits that make up the selection indexes for each lineage of laying quail.

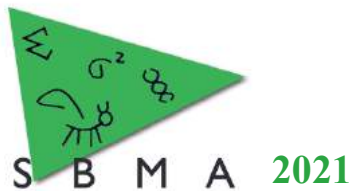
Keywords: genetic parameters, egg production, average egg weight.

Introdução

A produção e o peso dos ovos de aves poedeiras são características economicamente importantes e consideradas nos processos de seleção conduzidos pelas empresas avícolas fornecedoras de material genético. O número de ovos produzidos e o peso dos ovos determinam a capacidade de fornecimento de pintainhos de um dia ou de aves recriadas para comercialização. Para que as linhagens possam atender a demanda do mercado de ovos, o desempenho produtivo e reprodutivo é monitorado constantemente, visto que se busca obter populações superiores para uma combinação de características de interesse econômico. A utilização de um índice de seleção é uma das alternativas para a combinação de diferentes critérios de seleção, o que pode resultar em material genético com maior capacidade de produção (Vayego et al., 2014). Neste trabalho, o objetivo foi estimar parâmetros genéticos e avaliar um índice de seleção para produção total de ovos e peso médio dos ovos em duas linhagens de codornas de postura.

Material e Métodos

O banco de dados utilizado neste trabalho foi cedido pelo programa de melhoramento genético da empresa Vicami Codornas, localizada em Assis, São Paulo. O núcleo de seleção foi constituído de duas linhagens de codornas de postura, denominadas L1 e L2. Os acasalamentos foram controlados, com proporção de um macho para duas fêmeas (1:2). Para a formação das gerações deste estudo, os ovos com



identificação da mãe foram colhidos em dois períodos de dez dias e incubados em dois períodos de 17 dias, que resultaram em dois nascimentos. Após a eclosão, os pintainhos foram identificados com anilhas numeradas e coloridas de acordo com a linhagem e informação de genealogia.

As aves foram monitoradas quanto a produção total de ovos (PT) e peso médio dos ovos (PO), no período de 60 dias a partir da postura do primeiro ovo, em 2019. Os parâmetros genéticos foram estimados por meio do procedimento Bayesiano utilizando o método de amostragem de Gibbs que procede o modelo animal. A convergência das análises foi verificada por meio do teste de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis). Com as estimativas de covariâncias e variâncias de ambas as características medidas por linhagem foi construído um índice de seleção por ganho genético desejado (Pesek & Baker *apud* Silva & Torres 2009, p.103), em que b é o fator de ponderação; G^{-1} é a matriz inversa de variâncias e covariâncias genéticas e ΔG é o ganho genético desejado. A característica peso médio do ovo foi usada como fator de ponderação, com o objetivo de aumentar o peso médios ovos. Após duas gerações de seleção, foi feita uma comparação entre seleção direta na produção de ovos por meio do valor genético direto nesta característica e com base nas predições de valor genético desejado para o índice de seleção nas características.

Resultados e Discussão

As estimativas de parâmetros genéticos para as características estudadas foram semelhantes entre ambas as linhagens, com sobreposição de valores nos intervalos de credibilidade (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (abaixo da diagonal) e respectivos intervalos de credibilidade ao nível de 90% (entre parênteses) para produção total de ovos (PT) e peso médio do ovo (PO) por linhagem (L1 e L2)

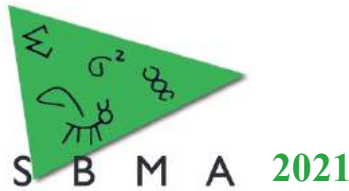
Linhagem	Característica	PT	PO
L1	PT	0,08 (0,03 - 0,14)	-
	PO	0,45 (0,11 - 0,76)	0,31 (0,21 - 0,43)
L2	PT	0,14 (0,08 - 0,22)	-
	PO	0,24 (0,05 - 0,50)	0,41 (0,30 - 0,54)

As estimativas de herdabilidade para produção total de ovos em 60 dias de postura foram baixas em ambas as linhagens e estão de acordo com a estimativa de herdabilidade obtida por Kaye et al., (2016), que encontraram herdabilidade de 0,05 para produção de ovos em codornas de postura. A produção de ovos é uma característica reprodutiva e as baixas estimativas de herdabilidade indicaram que variação ambiental e os efeitos não aditivos dos genes influenciaram a variação fenotípica existente para esta característica nas linhagens estudadas.

Diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos entre linhagens indicam variabilidade genética (Tabela 1). A L2 apresentou estimativas de herdabilidade para as características estudadas superiores em relação àquelas estimadas para L1. A magnitude das estimativas de herdabilidade indicou que a seleção das aves para essas características pode resultar em ganho genético. Na literatura, El-Attrouny & Iraqui (2021) estimaram herdabilidade de 0,35 para peso dos ovos em codornas japonesas.

As estimativas de correlação genética entre produção total de ovos e peso médio dos ovos foram 0,45 para L1 e 0,24 para L2 e indicaram que a seleção para aumentar o peso médio dos ovos aumentaria a produção de ovos. Stivanin et al (2019), estudaram gerações anteriores das mesmas linhagens de codornas de postura e estimaram correlação genética entre produção total de ovos e peso médio dos ovos de 0,45 (0,41 a 0,49) e 0,49 (0,40 a 0,48) para L1 e L2 respectivamente.

Em escala comercial é desejável aumentar a produção e o peso dos ovos das linhagens para atender a demanda dos produtores e da indústria de processamento, que prezam pelo número de ovos produzidos e ovos com peso uniforme, o que justifica o estudo sobre índice de seleção para ambas as características. As estimativas de ganho genético obtidas com a utilização do índice de seleção envolvendo as duas características foi de 0,19 ovos para produção total de ovos e 0,68 gramas para peso médio dos ovos para



L1. O ganho genético obtido com a seleção direta na produção total de ovos foi 0,52 ovos e 0,32 gramas para peso médio dos ovos. Para esta linhagem a seleção direta apresentou maior ganho na produção de ovos em comparação ao índice de seleção, com ganho genético no peso médio do ovo. Para L2, as estimativas de ganho genético para produção total de ovos foi 1,07 ovos e 0,46 gramas para peso médio dos ovos, utilizando índice de seleção. O ganho com a seleção direta na produção de ovos foi 0,70 ovos e 0,57 gramas para o peso dos ovos. Nesta linhagem o índice de seleção apresentou maior ganho genético na produção total de ovos com ganho no peso médio dos ovos.

As linhagens apresentaram ganho genético na produção total de ovos e no peso médio dos ovos, para as duas alternativas de seleção. Com base nas estimativas dos parâmetros genéticos, o aumento da produção total de ovos pode ser favorecido tanto pela seleção direta quanto pela seleção indireta aplicada para aumentar o peso médio dos ovos.

A seleção envolvendo as duas características e com maior ponderação para peso médio dos ovos, resultou em aumento no peso dos ovos. Entretanto, após o uso do índice de seleção para escolha dos reprodutores em duas gerações, foi observado um aumento no índice de prolapso nas aves, principalmente no período inicial de postura, elevando o índice de mortalidade nas linhagens. Para contornar este problema, a ênfase de seleção deve ser menor para característica peso médio dos ovos ao utilizar índice de seleção.

As estimativas de ganho genético foram diferentes para L1 e L2 ao utilizar índice de seleção. Estes resultados indicaram que as diferenças genéticas entre as linhagens podem influenciar as estimativas de ganho genético para as características avaliadas neste estudo. Desta forma, diferentes ponderações nas características que compõem os índices de seleção devem ser consideradas para cada linhagem de codornas de postura para obter ganho genético nas características de interesse.

Conclusão

As linhagens apresentaram resposta a seleção tanto para a seleção direta quanto para o índice de seleção. Ao selecionar as aves por meio do índice de seleção menor ênfase deve ser aplicada ao peso médio dos ovos, para evitar problemas fisiológicos nas aves. Índices de seleção diferentes podem ser utilizados para cada linhagem de codornas de postura, a fim de obter melhores resultados nas características de interesse.

Agradecimentos

Ao programa de melhoramento genético da empresa Vicami Codornas por fornecer os dados para realização desta pesquisa. A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos para a primeira, segunda e terceira autora.

Literatura citada

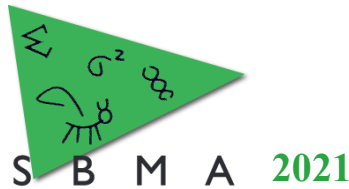
El-Attrouny M.M., Iraqui M.M. 2021. Influence of selection for egg production on egg quality traits in Japanese quail. **South African Journal of Animal Science**, 51.

Kaye J., Akbap G.N., Alphonsusc C., Kabird M., Zahraddeene D., Shehuf D.M. 2016. Responed to Genetic improvement and heritability of egg production and egg quality traits in japanese quail (*Coturnix japonica*). **American Scientific Research Journal for Engineering, Technology and Sciences**, 16, 277-292.

Stivanin T.E., Costa Maia F.M.C., Migliorini E., Kluska S., Amorim S.T., Lovatto F.S., Martins E.N. 2019. Evaluation of selection criteria in laying quail (*Coturnix japonica*). **Livestock Research for Rural Development** 31.

Silva M.A., Torres R.A. 2009. **Índices de seleção**. Belo Horizonte: Fepmvz.

Vayego S.A., Dionello N.J.L., Figueiredo E.A.P. 2014. Seleção direta e indireta e de índices de seleção em linhagens de frango de corte. **Semina Ciências Agrárias**, 35, 2107-2116.



Herdabilidade para características produtivas, reprodutivas e de qualidade do ovo em três linhagens poedeiras¹

Letícia Weber Barbeiro^{2*}, Vanessa Tomazetti Michelotti², Thaís Ferreira Machado², Thaise Pinto de Melo², Pamela Itajara Otto², Elsie Antonio Pereira de Figueiredo³, Fernanda Cristina Breda Mello², Paulo Roberto Nogara Rorato²

¹Parte da dissertação do segundo autor.

²Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Rurais, UFSM, Santa Maria, RS, Brasil.

³Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

*Autor correspondente: leticiawbarbeiro@gmail.com

Resumo: Objetivou-se estimar herdabilidade para 21 características relacionadas a produção e qualidade de ovos de linhagens poedeiras das raças Rhode Island Red (GG – linha fêmea e MM – linha macho) e Plymouth Rock White (SS – portadora do gene silver para sexagem pela pena). Para tal, foram realizadas análises genéticas unicaracterísticas, utilizando o modelo animal. As estimativas de herdabilidades para densidade do ovo variaram de 0,27 (SS) a 0,42 (MM) e para a idade a maturidade sexual foram iguais a 0,52; 0,58 e 0,37, respectivamente, na GG, MM e SS. Para peso corporal, as maiores estimativas de herdabilidade foram observadas na 16^a e 60^a semanas de idade (0,82 e 0,75), na linhagem MM. Para peso do ovo variaram de 0,40 (SS) a 0,57 (MM) e para a taxa de produção total de ovos foram iguais a 0,10; 0,14 e 0,21, respectivamente, para GG, MM e SS. Com relação às produções parciais de ovos, em todas as linhagens, os maiores valores de herdabilidades foram observados da 19^a à 22^a semana (ao redor de 0,46), sendo menores as estimadas nos demais períodos. A maioria das características avaliadas possuem herdabilidade de moderada a alta. Ganhos genéticos menores são esperados para as características taxa de produção de ovos total e parciais.

Palavras-chave: análises genéticas, Plymouth Rock White, Rhode Island Red, unicaracterística.

Heritability for productive, reproductive and egg quality traits in three laying hens strains

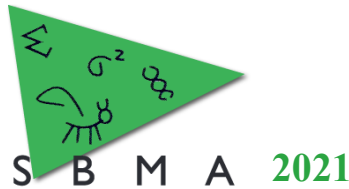
Abstract: The aim was to estimate heritability for 21 traits related to production and egg quality in the laying strains Rhode Island Red (GG - female line and MM - male line) and Plymouth Rock White (SS – presents silver gene for sex determination). Single-trait analyses were performed under animal model. Heritability estimates of egg density ranged from 0.27 (SS) to 0.42 (MM) and for sexual maturity was 0.52; 0.58 and 0.37 for GG, MM and SS, respectively. For body weight, the highest heritability estimates were observed at 16th and 60th weeks of age (0.82 and 0.75), in the MM lineage. For egg weight varied between 0.40 (SS) and 0.57 (MM) and for total egg production rate were equal to 0.10; 0.14 and 0.21 for GG, MM and SS, respectively. Regarding partial production rate, for all strains, the highest heritabilities were observed from 19th to 22nd week (about 0.46), decreasing in the other periods. Most of the evaluated traits showed moderate to high heritabilities. The lowest genetic gains are expected for total and partial egg production rates.

Keywords: genetic analysis, Plymouth Rock White, Rhode Island Red, univariate.

Introdução

O aumento na produção de ovos foi possível devido a um conjunto de fatores, tais como: melhorias no manejo, nutrição, ambiente, instalações, sanidade e genética. Entre as raças puras mais utilizadas para a formação de linhagens destinadas a cruzamentos para obtenção de híbridos comerciais, estão as raças Rhode Island Red, New Hampshire, Plymouth Rock White e Plymouth Rock Barrada (Figueiredo et al., 2003).

A produção de ovos é uma característica quantitativa influenciada por vários pares de genes e pelo ambiente, e está relacionada com características como a maturidade sexual, ausência de choco e



persistência/intensidade de postura. As mensurações da produção de ovos são obtidas por meio da contagem do número de ovos e pelas taxas de postura que podem ser mensais, quinzenais ou semanais.

Segundo Ribeiro et al. (2012), a seleção baseada no número de ovos produzidos no período total aumenta o intervalo de geração, logo, a determinação da produção de ovos em períodos parciais permite reduzir o intervalo de geração e possibilita a seleção de animais superiores mais cedo. Desse modo, é possível aumentar a intensidade de seleção e reduzir os custos de produção, conforme verificado por Venturini et al. (2012) em aves White Leghorn.

Além da produção de ovos, características referentes ao peso e reprodução das aves e da qualidade do ovo têm sido bastante estudadas, uma vez que a idade a maturidade sexual, o peso corporal, assim como o peso dos ovos e a taxa de postura são características utilizadas na avaliação do desempenho de linhagens de poedeiras, devido a importância em se obter aves mais pesadas, consequentemente mais precoces e mais produtivas. Dessa forma, objetivou-se estimar a herdabilidade para 21 características relacionadas a produção e qualidade de ovos para diferentes linhagens de aves poedeiras.

Material e Métodos

O banco de dados utilizado continha registros de produção de ovos de linhagens poedeiras das raças Rhode Island Red (GG – linha fêmea e MM – linha macho) e da raça Plymouth Rock White (SS – portadora do gene silver para sexagem pela pena) obtidos entre os anos de 1998 e 2013. Os arquivos foram fornecidos pelo Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA – EMBRAPA).

As características produtivas analisadas foram: taxa de produção total de ovos da 19ª a 70ª semana de idade das aves (TPT); taxa de produção acumulada da 19ª a 30ª semana (TA30), da 19ª a 40ª semana (TA40), da 19ª a 50ª semana (TA50) e da 19ª a 60ª semana (TA60); taxa de produção parcial da 19ª a 22ª semana (TP19a22), da 23ª a 40ª semana (TP23a40), da 41ª a 55ª semana (TP41a55) e da 56ª a 70ª semana (TP56a70). Ressalta-se que a coleta de ovos foi realizada durante cinco dias da semana.

As características de peso e reprodução das aves e de qualidade dos ovos analisadas foram: densidade do ovo medida nas semanas 32, 36 e 40 (D32, D36 e D40), idade a maturidade sexual (IMS), peso corporal das aves medido na 16ª e 60ª semana de idade (PC16 e PC60), peso do ovo medido nas semanas 32, 36 e 40 (PO32, PO36 e PO40) e relação comprimento x largura do ovo medida nas semanas 32, 36 e 40 (R32, R36 e R40).

Após a edição, o banco de dados constituiu-se apenas de animais que continham todas as informações, totalizando 8.117, 5.427 e 5.850 registros de postura de aves, filhas de 422, 336 e 345 machos e 2.304, 1.534 e 1.596 fêmeas das linhagens GG, MM e SS, respectivamente, com matrizes de parentesco formadas por 16.148, 9.560 e 10.600 animais.

Foram realizadas 21 análises univariadas para cada linhagem, utilizando-se o modelo animal, o qual considerou a geração como efeito fixo, como segue: $y = X\beta + Za + e$, em que: y é o vetor de observações; β é o vetor de soluções para os efeitos fixos; a é o vetor de valores genéticos aditivos; e é o vetor do efeito aleatório residual. X e Z são as matrizes de incidência relacionando β e a com y .

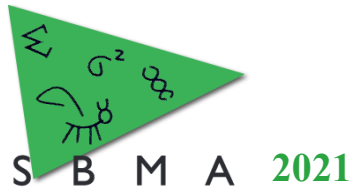
As estimativas de herdabilidades para cada característica dentro das linhagens foram obtidos utilizando o programa Wombat (Meyer, 2007).

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidades para densidade do ovo foram moderadas, variando de 0,27 (D36 para SS) a 0,42 (D32 para MM). Teixeira et al. (2013) relataram que esta característica se relaciona com o peso dos ovos e que, à medida que o peso dos ovos se torna mais homogêneo, a variabilidade da densidade diminui. Para a IMS as estimativas de herdabilidades foram iguais a 0,52; 0,58 e 0,37 para as linhagens GG, MM e SS, respectivamente.

Na linhagem MM foram encontradas as maiores estimativas de herdabilidade para PC16 (0,82) e PC60 (0,75), indicando alta correlação entre o fenótipo e o mérito genético aditivo das aves, o que facilita a seleção para esta característica. Para as linhagens GG e SS, as herdabilidades para PC16 e PC60 foram próximas e moderadas, variando de 0,48 (PC16 para SS) a 0,57 (PC16 para GG).

As estimativas de herdabilidade para peso do ovo variaram de 0,40 (PO32 para SS) a 0,57 (PO40 para MM). A menor herdabilidade para a relação comprimento x largura do ovo foi observada no



primeiro período (R32), de 0,06 e 0,08, para as linhagens SS e GG, respectivamente. Para R36 e R40, de modo geral, os valores de herdabilidade foram moderados para as três linhagens.

Para a TPT, as herdabilidades foram iguais a 0,10; 0,14 e 0,21 para as linhagens GG, MM e SS, respectivamente. À medida que os períodos acumulados de produção aumentaram, as estimativas de herdabilidade diminuíram para todas as linhagens. Os maiores valores de herdabilidade para os períodos parciais foram encontradas na TP19a22, o que, segundo Cruz et al. (2016), é vantajoso, pois as decisões de seleção precoces levam a maiores ganhos genéticos por unidade de tempo. Porém, é importante salientar que embora essa seleção precoce seja vantajosa, pode ser precipitada, uma vez que alguns animais iniciam a postura entre a 21ª e a 22ª semana de idade.

Conclusão

A maioria das características avaliadas possuem herdabilidade de moderada a alta e devem ser consideradas em programas de melhoramento, por serem economicamente importantes e promoverem ganho genético no curto prazo. Ganhos genéticos mais lentos são esperados para as características taxa de produção de ovos total e parciais.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) e ao Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA – EMBRAPA).

Literatura citada

Cruz V.A.R., Pires A.V., Gonçalves F.M., Torres Filho R.A., Pereira I.G. & Araújo C.V. 2016. Seleção para a produção de ovos em períodos parciais e acumulados em linhagem de frango de corte comercial. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 68, 489-496.

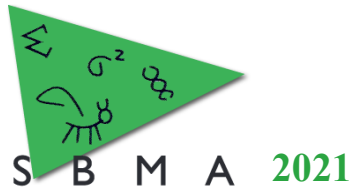
De Figueiredo E.A.P., Schmidt G.S., Ledur M.C. & de Avila V.S. 2003. Raças e Linhagens de Galinhas para Criações Comerciais e Alternativas no Brasil. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Concórdia SC, **Comunicado técnico**. ISSN 0100-8862.

Meyer K. 2007. WOMBAT: A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University SCIENCE B**, 8, 815-821.

Ribeiro J.C., Da Silva L.P., Sousa M.F., Leite C.D.S., Bonafé C.M., Caetano G. da C., Crispim A.C. & Torres R. de A. 2012. Genetic evaluation for egg mass in partial periods and complete period in meat quails. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 41, 1158-1162.

Teixeira B.B., Euclides R.F., Teixeira R.B., Da Silva L.P., Torres R. de A., Da Silva F.G., Lehner H.G. & Caetano G. da C. 2013. Herdabilidade de características de produção e postura em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural**, 43, 361-365.

Venturini G.C., Grossi D.A., Ramos S.B., Cruz V.A.R., Souza C.G., Ledur M.C., El Faro L., Schmidt G.S. & Munari D.P. 2012. Estimation of genetic parameters for partial egg production periods by means of random regression models. **Genetics and Molecular Research**, 11, 819-1829.



Expressão diferencial de genes relacionados ao metabolismo de cálcio e fósforo em poedeiras com diferentes níveis de desempenho

Letícia Alves Salmória^{1*}, Adriana Mércia Guaratini Ibelli^{1,2}; Fernando de Castro Tavernari^{2,3}; Jane de Oliveira Peixoto^{1,2}; Débora Ester Petry Marcelino⁴, Mariane Spudeit Dal Pizzol³, Maurício Egídio Cantão², Mônica Corrêa Ledur^{2,3}.

¹ Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual do Centro Oeste do Paraná, Guarapuava, PR, Brasil.

² Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

³ Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UDESC-Oeste, Chapecó, SC, Brasil.

⁴ Faculdade de Concórdia FACC, Concórdia, SC, Brasil.

*Autor correspondente: letiasalmoria3@gmail.com

Resumo: Cálcio (Ca) e Fósforo (P) são minerais essenciais na nutrição de poedeiras, participam em muitas funções metabólicas e na formação da casca do ovo. Níveis inadequados desses elementos podem resultar em perdas significativas na qualidade dos ovos, vida produtiva e bem estar de poedeiras. Portanto, utilizando a técnica de RNA-Seq, objetivou-se analisar o perfil de expressão gênica relacionada a mecanismos homeostáticos de Ca e P fornecidos na dieta de poedeiras. Para isso, foram utilizadas 27 amostras do duodeno, de três grupos de poedeiras que receberam diferentes níveis na dieta de Ca:P e apresentaram diferentes desempenhos produtivos: alto (4.71% Ca e 0.21% P), baixo (3.29% Ca e 0.49% P) e grupo controle (Ca 4% e 0,35% P). Considerando todas as comparações entre os grupos, um total 107 genes foram diferencialmente expressos (DE, FDR < 0.05) no duodeno. Destes, pode-se destacar *FGF7*, *MYLK*, *CAB39L*, *ILIRLI*, *PKIA*, *CAVI*, *COL3A1* e *TNIP3*. Nenhum desses havia sido previamente associado com a regulação de Ca:P na dieta de poedeiras. A identificação desses genes é importante para a melhor compreensão de mecanismos envolvidos na modulação e no uso eficiente desses minerais na dieta das galinhas.

Palavras-chave: galinha, RNA-Seq, transcriptômica.

Differential expression of genes related to calcium and phosphorus metabolism in laying hens with different performance levels

Abstract: Calcium (Ca) and phosphorus (P) are essential minerals in laying hens nutrition, participating in many metabolic functions, including eggshell formation. Inadequate levels of these elements can result in significant losses in egg quality, productive life and welfare of the laying hens. Therefore, using the RNA-Seq analysis, the gene expression profile related to Ca and P homeostatic mechanisms in the diet of laying hens was evaluated. To this, 27 duodenum samples from three groups of laying hens that received different levels of Ca:P in the diet and had different productive performances: high (4.71% Ca and 0.21% P), low (3.29% Ca and 0.49% P) and control group (Ca 4% and 0.35% P) were used. Considering all comparisons among groups, 107 genes were differentially expressed (DE, FDR < 0.05) in the duodenum. Of these, the *FGF7*, *MYLK*, *CAB39L*, *ILIRLI*, *PKIA*, *CAVI*, *COL3A1* and *TNIP3* can be highlighted. None of them had been previously associated with Ca:P regulation. The identification of these candidate genes is important to improve the understanding of the mechanisms involved with the modulation and the efficient use of these minerals in the chicken diet.

Keywords: chicken, RNA-Seq, transcriptomics.

Introdução

O cálcio (Ca) e o fósforo (P) são os principais minerais na nutrição de poedeiras, participando de muitos processos fisiológicos vitais, como na estruturação óssea e na formação da casca do ovo. No



entanto, suas funções são dependentes da quantidade disponível na dieta e as concentrações plasmáticas são controladas por mecanismos de reação do hormônio da paratireoide (PTH), vitamina D na sua forma ativa, e por seus respectivos receptores localizados no intestino delgado, ossos e rins. O antagonismo existente entre os minerais interfere na absorção, resultando em perdas na qualidade da casca do ovo, no desempenho produtivo e no bem-estar animal (Adedokun; Adeola, 2012). Através da nutrigenômica é possível analisar a influência da dieta na expressão gênica, compreendendo que não somente alguns nutrientes são essenciais, mas que as quantidades fornecidas na dieta também são importantes (Mutch et al., 2005). Diante disso, o objetivo do estudo foi analisar o perfil de expressão gênica no duodeno, que é um importante sítio de absorção desses minerais, em poedeiras que receberam diferentes níveis de Ca e P na dieta por um período de 50 semanas, por meio da análise de RNA-Seq.

Material e Métodos

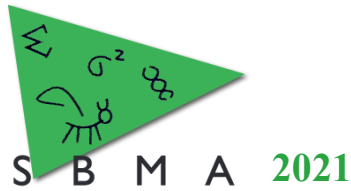
Foram utilizadas 27 poedeiras da linhagem Bovans White com 70 semanas de idade, que receberam diferentes níveis de Ca e P na dieta desde as 20 semanas de idade. Dos nove grupos submetidos às diferentes dietas, três foram escolhidos para a análise de RNA-Seq de acordo com o desempenho produtivo e características qualitativas dos ovos. Assim, foram utilizadas 9 amostras do duodeno do grupo que apresentou melhor desempenho produtivo (4.71% Ca e 0.21% P), 9 com pior (3.29% Ca e 0.49% P) e 9 amostras de um grupo controle, com níveis próximos do indicado usualmente: Ca 4% e 0,35% P. As amostras coletadas tiveram o RNA-total extraído utilizando o reagente Trizol (Invitrogen), seguida de *clean-up* com kit Qiagen RNeasy. Em seguida, o RNA foi quantificado com o equipamento Biodrop e a sua integridade foi avaliada em Bioanalyzer (Agilent 2012), considerando apenas valores de RIN > 8 para análises posteriores. O preparo das bibliotecas de RNA-Seq foi realizado com o kit Illumina Stranded (Illumina) e enviadas para sequenciamento em equipamento Illumina HiSeq 2500, seguindo o protocolo *paired-end* (2 x 100 pb). As sequências geradas foram submetidas ao controle de qualidade usando o software Trimmomatic e mapeadas contra o genoma referência da galinha (GRCg6a) com o software STAR. Para a análise estatística foi utilizado o método *voom* do pacote limma no programa R e os genes DE foram selecionados com base no nível de False Discovery Rate (FDR) < 0,05. A anotação funcional foi realizada no PANTHER (<http://www.pantherdb.org/>).

Resultados e Discussão

Foram identificados 107 genes diferencialmente expressos (DE, FDR < 0.05) no duodeno, em resposta aos três diferentes níveis de Ca:P fornecidos na dieta. Entre o grupo de melhor e pior desempenho, 105 genes foram DE, sendo que 16 apresentaram funções em processos metabólicos de fósforo e regulação no transporte de íons de cálcio, destacando-se os genes *FGF7*, *MYLK*, *CAB39L*, *ILIRLI*, *PKIA*, *COL3A1* e *CAVI* que foram menos expressos no grupo de melhor desempenho. Dois genes foram DE entre o grupo melhor e o controle, sendo *TNIP3* superexpresso e o *ENSGALG00000051077* menos expresso no grupo de melhor desempenho. Nenhum gene foi DE entre os grupos pior e controle.

Genes como *MYLK*, *CAB39L*, *ILIRLI* e *TNIP3* já foram relatados com funções anti-inflamatórias intestinais e sob condições de estresse em diferentes espécies animais (Abrams et al., 2016, Savenije., et al 2014). O gene *COL3A1* é considerado um dos principais colágenos constituintes na integridade do intestino, atuando junto com outros colágenos na cicatrização tecidual (Miller et al., 1971). Desse modo, a maior expressão destes genes no grupo de pior desempenho em relação ao melhor pode estar associada a respostas imunes desencadeadas para possível tentativa de manutenção da mucosa intestinal, podendo ter contribuído para que este grupo apresentasse menor desempenho produtivo.

O gene *PKIA*, relacionado à inibição da proteína cinase dependente de cAMP (PKA), estimula a conversão da vitamina D ativa (1,25-(OH)₂D₃) que realiza a absorção intestinal de Ca. Esse estímulo é dependente das concentrações plasmáticas de Ca, que quando em baixa concentração, sua forma ativa é



sintetizada para maior absorção de cálcio no duodeno. A ativação dessa via da proteína kinase pelo PTH também leva a um aumento na reabsorção de Ca nos túbulos renais (Proszkowiec-Weglarz et al., 2013). Dessa forma, o grupo que obteve o melhor desempenho, apresentou menor expressão de *PKIA*, podendo estar associado com a maior disponibilidade de cálcio na dieta, não dependendo de mecanismos compensatórios na regulação de cálcio.

O *VDR* é considerado o principal receptor da vitamina D, que possibilita rápida absorção de Ca no intestino delgado. Trabalhos já mostraram que a estreita associação do receptor *VDR* com membranas enriquecidas com caveolina, codificada pelo gene *CAVI*, ligadas por meio da vitamina D, apresentaram maior afinidade na mucosa intestinal, resultando em maiores respostas de transporte de cálcio em frangos (Proszkowiec-Weglarz., et al, 2013). O gene *FGF7*, também já foi relacionado a funções de regulação de Ca por meio da vitamina D, além de participar em funções conhecidas no metabolismo de P (Oliveira., et al 2010). Portanto, a superexpressão dos genes *CAVI* e *FGF7* no grupo de menor desempenho pode estar relacionada a maiores respostas no transporte ativo de íons de Ca, pela baixa concentração plasmática, resultando em maior necessidade de captação de cálcio pelo duodeno.

Conclusão

Foram identificados novos genes candidatos relacionados a regulação da absorção de cálcio e fósforo em poedeiras submetidas a diferentes dietas. A variação na expressão desses genes envolvidos na homeostasia Ca:P em decorrência das dietas com diferentes níveis de Ca e P pode ter influenciado o desempenho das poedeiras.

Agradecimentos

Este estudo foi apoiado pelo projeto EMBRAPA 13.16.04.005.00.00. Os autores LAS e DEPM agradecem a CAPES e CNPq/ PIBIC na Embrapa Suínos e Aves, respectivamente, pela concessão de bolsa. Os autores FCT e MCL agradecem ao CNPq pela bolsa de produtividade em pesquisa.

Literatura citada

Abrams, J., Einhorn, Z., Seiler, C., Zong, A. B., Sweeney, H. L., & Pack, M. (2016). Graded effects of unregulated smooth muscle myosin on intestinal architecture, intestinal motility and vascular function in zebrafish. *Disease models & mechanisms*, 9(5), 529-540.

Adedokun, S. A., Adeola. 2012. O. Calcium and phosphorus digestibility: Metabolic limits. **Poultry Science Association**, 600 – 608.

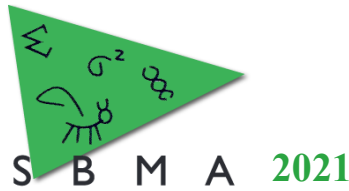
Kuivaniemi, H., & Tromp, G. (2019). Type III collagen (COL3A1): gene and protein structure, tissue distribution, and associated diseases. *Gene*, 707, 151-171.

Miller, E. J., Epstein Jr, E. H., & Piez, K. A. (1971). Identification of three genetically distinct collagens by cyanogen bromide cleavage of insoluble human skin and cartilage collagen. *Biochemical and biophysical research communications*, 42(6), 1024-1029.

Oliveira, Rodrigo B., MOYSÉS, R. M. A. 2010. FGF-23: estado da arte. **Brazilian Journal of Nephrology**, 32, 323-331.

Proszkowiec-Weglarz, M., & Angel, R. (2013). Calcium and phosphorus metabolism in broilers: effect of homeostatic mechanism on calcium and phosphorus digestibility. *Journal of Applied Poultry Research*, 22(3), 609-627.

Savenije, O. E., John, J. M. M., Granell, R., Kerkhof, M., Dijk, F. N., de Jongste, J. C., Koppelman, G. H. (2014). Association of IL33–IL-1 receptor–like 1 (IL1RL1) pathway polymorphisms with wheezing phenotypes and asthma in childhood. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 134(1), 170-177.



Perfil de metilação diferencial em suínos normais e afetados com osteocondrose *latens*

Mariane S. Dal Pizzol¹, Adriana M. G. Ibelli^{2,3}, Leticia Alves Salmória³, Marcos Antônio Zanella Morés², Jane de Oliveira Peixoto^{2,3}, Igor Ricardo Savoldi¹, Fábio Pertille⁴, Pilar Drummond Sampaio Corrêa Mariani⁴, Luiz Lehman Coutinho⁴, Mônica Corrêa Ledur^{1,2}.

¹Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UDESC/Oeste, Chapecó, SC, Brasil.

²Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

³Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Unicentro, Guarapuava, PR, Brasil.

⁴Universidade de São Paulo, ESALQ, Piracicaba, SP, Brasil

*Autor correspondente: mari_spudeit@hotmail.com

Resumo: A osteocondrose (OC) acomete a cartilagem de animais ocasionando claudicação, sendo comum em animais de produção, causando prejuízos econômicos e ao bem-estar animal. Mecanismos epigenéticos foram relacionados com doenças locomotoras, mas ainda não se sabe se estão associados à OC. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar o perfil de metilação entre animais normais e afetados com OC em seu estágio inicial. Para isso, foram utilizadas amostras de cartilagem de porcas normais e afetadas com OC *latens*, que foram submetidas ao preparo de bibliotecas de DNA metilado utilizando a técnica de MEDIP e em seguida sequenciadas (2x100bp). As sequências passaram por controle de qualidade, foram mapeadas no genoma suíno e a metilação diferencial e a anotação funcional foram realizadas. Foram identificados 71 genes em regiões diferencialmente metiladas entre os grupos, com funções ligadas a diversos processos biológicos, inclusive já foram relacionados com outras desordens ósseas, mas nunca foram associados com o desenvolvimento de OC. Entre os genes, destacam-se *SMOC2*, *ROR2* e *ABLIM1*, que já foram associados com a formação óssea, ossificação endocondral e anormalidades na formação esquelética e regulação da osteoclastogênese, respectivamente. Portanto, foram evidenciados genes candidatos com diferentes padrões de metilação entre animais normais e afetados com osteocondrose *latens* no genoma de suínos, que podem estar envolvidos no desencadeamento dessa condição em suínos.

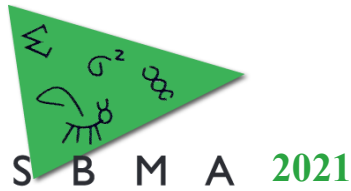
Palavras-chave: cartilagem, epigenética, problemas locomotores, sequenciamento de nova geração.

Abstract: Osteochondrosis (OC) affects the cartilage of animals, causing lameness, being very prevalent in farm animals, which causes economic and animal welfare losses. Epigenetic mechanisms have been linked to locomotor diseases, but are not yet known to be associated with OC. Thus, the aim of this work was to evaluate the methylation profile between normal and affected animals with OC in its initial stage. For this, cartilage samples from normal and OC *latens*-affected sows were used, which were subjected to DNA extraction and preparation of methylated DNA libraries using a MEDIP technique and then sequenced (2x100bp). The sequences underwent quality control, were mapped into the pig genome and differential methylation and functional annotation were performed. 71 genes were identified in the differentially methylated regions between the 2 studied groups. These genes were linked to several biological processes, and they have previously been related to other bone disorders, but they have never been associated with the development of OC. Among the genes identified, *SMOC2*, *ROR2* and *ABLIM1* can be highlighted, which have already been associated with bone formation, endochondral ossification and abnormalities in skeletal formation and regulation of osteoclastogenesis, respectively. Therefore, candidate genes with different methylation patterns were found in the swine genome between normal and osteochondrosis *latens*-affected sows, which may be involved in triggering this condition in swine.

Keywords: cartilage, epigenetics, locomotor problems, next generation sequencing.

Introdução

A osteocondrose é uma desordem não inflamatória que ocorre na cartilagem epifisária de animais em fase de crescimento, causa uma alteração na diferenciação das células cartilaginosas, comprometendo a ossificação endocondral. Essa condição acomete diversas espécies, provoca claudicação e fraqueza nas



pernas desses animais (EKMAN;CARLSON, 1998). Na produção de suínos essa desordem prejudica o consumo de alimento e água, debilitando a saúde dos animais, causando perdas econômicas, assim como comprometendo o bem-estar animal. As lesões causadas pela osteocondrose podem ser classificadas em três estágios: 1) *latens*, de forma subclínica, estágio inicial, só é visível microscopicamente; 2) *manifesta*, quando existem falhas focais na cartilagem de ossificação endocondral, as quais são visíveis macroscopicamente e por exames radiográficos e 3) *dissecans*, quando ocorre fissura na cartilagem necrótica e possível fragmentação da cartilagem, causando inflamação, aumento do líquido sinovial e osteoartrose (ZIMMERMAN et al, 2012). A etiologia desse distúrbio não está totalmente esclarecida, mas existem estudos que apontam a genética como sendo um fator para a sua manifestação. Além disso, mecanismos epigenéticos podem estar envolvidos no desencadeamento desta condição. O objetivo deste trabalho foi identificar regiões diferencialmente metiladas (DMRs) no genoma de suínos entre animais saudáveis e afetados com estágios iniciais de OC.

Material e Métodos

Foram utilizadas amostras de cartilagem articular distal do fêmur de animais da linhagem MS115, desenvolvida pela Embrapa Suínos e Aves, com composição genética Landrace, Large White e Pietran, das quais foram selecionadas 3 porcas normais e 3 afetadas com OC *latens*. Os animais tinham aproximadamente 150 dias de idade e foram originários da granja da Embrapa Suínos e Aves (Concórdia/SC, BR). Foi realizada a extração do DNA e, em seguida, as bibliotecas para sequenciamento do DNA metilado foram preparadas por meio da técnica de imunoprecipitação de DNA metilado (MEDIP) e sequenciadas em equipamento Illumina HiSeq 2500 (2x100pb) no Centro de Genômica Funcional da ESALQ. As sequências foram submetidas à análise de controle de qualidade no programa Trimmomatic 0.38 (<http://www.usadellab.org/cms/index.php?page=trimmomatic>) e mapeadas no genoma suíno (susScr11) disponível no UCSC Genome Browser utilizando o software BWA-MEM. A metilação diferencial foi obtida utilizando-se o pacote MedipsR no software R e as regiões diferencialmente metiladas (DMRs) foram consideradas significativas quando $FDR < 0,05$. A anotação funcional foi realizada nas ferramentas DAVID 6.8 (<https://david.ncifcrf.gov/>) e Biomart do Ensembl versão 104.

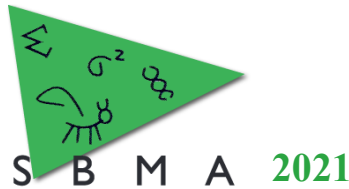
Resultados e Discussão

Nesse trabalho foram encontradas 232 regiões diferencialmente metiladas (DMRs) entre suínos do grupo controle e o grupo afetado com OC *latens*. Nestas regiões, foram verificados 71 genes, dos quais 46 são conhecidos, enquanto os outros ainda não foram anotados no genoma dos suínos. De acordo com a anotação funcional dos genes relacionados com as DMRs identificadas, estes estão ligados a diversos processos biológicos, entre eles a regulação da matriz extracelular, ossificação e mecanismos ligados ao processo de ossificação endocondral. Dentre os genes em DMRs, pode-se destacar o *SPARC Related Modular Calcium Binding 2 (SMOC2)*, *Receptor Tyrosine Kinase Like Orphan Receptor 2 (ROR2)* e *Actin Binding LIM Protein 1 (ABLIM1)*.

Muitos dos genes identificados ainda não foram relacionados diretamente com a OC, contudo alguns foram associados a outros distúrbios ósseos e malformações. O gene *SMOC2*, encontrado no cromossomo 1 dos suínos, está relacionado com a regulação da formação óssea, sendo que experimentalmente o *knockdown* desse gene inibiu a osteoblastogênese e prejudicou a formação endocondral dos ossos em ratos, sugerindo que o gene tem um papel importante na diferenciação e maturação dos osteoblastos (TAKAHATA et al., 2021). Este gene estava hipermetilado no grupo afetado indicando que este perfil pode estar associado a incorreta ossificação endocondral nas amostras afetadas.

Outro gene hipermetilado no grupo afetado neste trabalho, o *ROR2*, está ligado a angiogênese. Este gene está localizado no cromossomo 14 de suínos, é expresso na cartilagem em desenvolvimento, codificando a enzima tirosina quinase, que é essencial para o correto funcionamento dos condrocitos. O *ROR2* apresenta papel crítico na formação da cartilagem e quando silenciado em camundongos foi observado o desencadeamento de sérias anormalidades na formação esquelética, principalmente nos ossos de origem endocondral (DECHIARA et al, 2000).

O gene *ABLIM1*, hipometilado no grupo afetado, e também localizado no cromossomo 14, regula a osteoclastogênese através da modulação da expressão de outros genes que atuam na diferenciação dos



osteoclastos. A regulação negativa de *ABLIM1* também suprimiu a reabsorção óssea, indicando ser um dos responsáveis por regular diretamente a osteoclastogênese (JIN et al, 2018).

Desta forma, neste trabalho, foram encontradas regiões DMRs em genes relacionados a ossificação e angiogênese entre os grupos estudados, indicando que mecanismos epigenéticos podem estar envolvidos na manifestação da osteocondrose em suínos. Estes resultados também contribuem para um melhor entendimento de problemas locomotores em outras espécies animais.

Conclusão

Foram evidenciados genes candidatos com diferentes padrões de metilação entre animais normais e afetados com osteocondrose *latens* no genoma de suínos, que podem estar envolvidos na manifestação dessa condição nesta e em outras espécies.

Tabela 1- Genes em regiões diferencialmente metiladas entre animais normais e afetados com OC

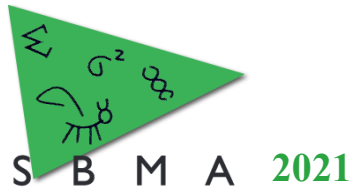
Cromossomo	Genes em Regiões Diferencialmente Metiladas (DMRs)
1	<i>SMOC2</i>
11	<i>SPATA13, FAM155A</i>
12	<i>NOS2</i>
13	<i>SLC4A7</i>
14	<i>ROR2, ABLIM1</i>
15	<i>GPM6A, RAMP1, MYO1B</i>
16	<i>SEMA5A, ADCY2</i>
18	<i>CTTNBP2, HIBADH, OSBPL3</i>
2	<i>FSTL4, PCDHGA4</i>
3	<i>SPTBN1, RADIL, ASB3, NCK2, SNX29, TVP23A, CYS1</i>
5	<i>PLXNC1</i>
6	<i>CLPTM1, LDLRAD4, ZFH3, NOLA, MANIC1, DNAJC6, FGGY, MAST2</i>
7	<i>HIVEP1, NRXN3, SLA-DRB1, GCLC</i>
8	<i>RASGEF1B, CCDC149, EVC2, STK32B, CLNK, LAP3, MED28, FAM184B</i>
9	<i>NTM</i>

Agradecimentos

Esse estudo foi financiado pelo projeto nº 480575-2013-4 do CNPq. Os autores MSDP e LAS agradecem a FAPESC e a CAPES, respectivamente, pela concessão de bolsa de estudos. MCL e LLC são bolsistas de produtividade do CNPq.

Literatura citada

- Baek, S. H., Kim, K., Yoon, K., Kim, T., Kim, S. 2017. Genome-wide association scans for idiopathic osteonecrosis of the femoral head in a Korean population. **Molecular Medicine Reports**, 15: 750-758.
- DeChiara, T. M., Kimble, R. B., Poueymirou, W. T., Rojas, J., Masiakowski, P., Valenzuela, D. M., & Yancopoulos, G. D. 2000. Ror2, encoding a receptor-like tyrosine kinase, is required for cartilage and growth plate development. **Nature genetics**, 24(3), 271-274.
- Ekman, S., & Carlson, C. S. 1998. The pathophysiology of osteochondrosis. **Veterinary Clinics of North America: small animal practice**, 28(1), 17-32.
- Jin, S. H., Kim, H., Gu, D. R., Park, K. H., Lee, Y. R., Choi, Y., & Lee, S. H. 2018. Actin-binding LIM protein 1 regulates receptor activator of NF-κB ligand-mediated osteoclast differentiation and motility. **BMB reports**, 51(7), 356.
- Takahata, Y., Hagino, H., Kimura, A., Urushizaki, M., Kobayashi, S., Wakamori, K & Nishimura, R. 2021. Smoc1 and Smoc2 regulate bone formation as novel downstream molecules of Runx2. **Research Square**.
- Zimmerman, J., Karriker, L., Ramirez, A., Schwartz, K., Stevenson, G. 2012. Disease of Swine. **WileyBlackwell**, 1008.



Identificação e caracterização de variantes funcionais no transcriptoma de duodeno em poedeiras

Adriana Mércia Guaratini Ibelli^{1,2*}; Letícia Alves Salmória²; Fernando de Castro Tavernari^{2,3}; Jane de Oliveira Peixoto^{1,2}; Débora Ester Petry Marcelino⁴; Mariane Spudeit Dal Pizzol³; Maurício Egídio Cantão²; Mônica Corrêa Ledur^{2,3}.

¹ Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

² Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual do Centro Oeste do Paraná, Guarapuava, PR, Brasil.

³ Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UDESC-Oeste, Chapecó, SC, Brasil.

⁴ Faculdade de Concórdia FACC, Concórdia, SC, Brasil.

*Autor correspondente: adriana.ibelli@embrapa.br

Resumo: O aumento no número de trabalhos de sequenciamento de RNA (RNA-Seq) tem permitido que estes dados sejam utilizados em abordagens além da análise de expressão gênica diferencial. Entre elas, pode-se citar a identificação de variantes funcionais baseadas em dados de RNA-Seq que tem se tornado uma alternativa para prospectar polimorfismos em diversas espécies. Sabendo que esta estratégia é pouco utilizada nos estudos com galinhas, o objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar variantes funcionais no transcriptoma de duodeno de galinhas poedeiras. Para isso, dados de transcriptoma de duodeno de galinhas foram utilizados para a detecção de variantes utilizando o software GATK. Em seguida, as variantes identificadas foram anotadas com a ferramenta *Variant Effect Predictor* (VEP) do Ensembl. Foram identificadas 119.046 variantes nos transcriptomas avaliados, sendo que 106.644 já haviam sido descritas (89,6%) e 12.402 (10,4%) foram descritas neste trabalho. Entre as novas variantes encontradas, podem-se citar mutações *missense* com efeitos deletérios nos genes *TNFRSF10B*, *DHX8*, *NRDC* e *SSPN* que estão em regiões de QTL para diversas características de interesse para a avicultura. Estes dados constituem uma fonte de conhecimento da variabilidade genética desta espécie, contribuindo para um melhor entendimento da genômica funcional de aves.

Palavras-chave: polimorfismos, galinhas, SNPs, InDels

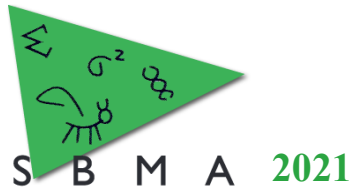
Identification and characterization of functional variants in laying hens' duodenum transcriptome

Abstract: The increase in the RNA sequencing (RNA-Seq) studies has allowed the use of these datasets in new approaches other than differentially expression analysis. One of them is the functional variants identification that has become an alternative way to prospect polymorphisms in several species. Since there are few studies using RNA-seq to find variants in chickens, this study aimed to identify and to characterize the presence of functional variants in the laying hens' duodenum transcriptome. To this, chicken duodenal transcriptome data were used for variant detection using GATK software. The identified variants were annotated using Ensembl's Variant Effect Predictor (VEP) tool. A total of 119,046 variants were found in the evaluated transcriptomes, where 106,644 were existing (89.6%) and 12,402 (10.4%) were novel variants. Among them, it is possible to highlight some missense mutations with deleterious effects predicted in the *TNFRSF10B*, *DHX8*, *NRDC* and *SSPN* genes that are in QTL regions for several traits of interest to poultry industry. Our data constitute a source of knowledge in the chicken genetic variability, contributing to a better understanding on its functional genomics.

Keywords: polymorphisms, chickens, SNPs, InDels

Introdução

O aumento no número de trabalhos de sequenciamento de RNA (RNA-Seq) tem permitido que estes dados sejam utilizados em abordagens além da análise de expressão gênica diferencial. Entre elas, pode-se citar a identificação de variantes funcionais baseadas em dados de RNA-Seq que tem se tornado uma alternativa em diversas espécies, como humanos, animais modelo (Piskol et al., 2013) e também em animais de produção (Bakhtiarzadeh et al., 2020). É importante ressaltar que os dados de RNA-Seq podem apresentar maior variabilidade devido a natureza do RNA, de modo que há a necessidade de aplicar filtros mais conservadores nas análises destes dados para evitar a identificação de variantes falso-positivas (Jehl et al., 2021). No entanto, tem se observado uma concordância de acima de 91% na detecção de polimorfismos quando se compara sequenciamento de RNA e DNA (Piskol et al., 2013; Jehl



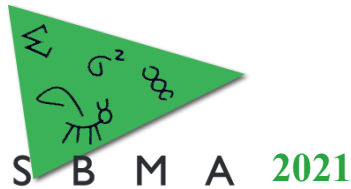
et al., 2021). Em aves, há poucos estudos utilizando este tipo de abordagem, que pode ser útil tanto para a detecção de variantes funcionais e causais associadas a fenótipos de interesse, como na identificação de novos polimorfismos, o que permite um avanço no conhecimento do genoma da galinha. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar a presença de variantes funcionais no transcriptoma de duodeno de galinhas poedeiras.

Material e Métodos

Para este trabalho foram utilizadas 27 amostras de duodeno de galinhas poedeiras comerciais com aproximadamente 70 semanas de idade alojadas na Embrapa Suínos e Aves. As amostras de duodeno foram coletadas, submetidas a extração de RNA total utilizando o reagente Trizol (Invitrogen) e por purificação com coluna de sílica seguindo o protocolo do kit Qiagen RNeasy (Qiagen). O RNA total foi quantificado em equipamento Biodrop e a integridade foi avaliada em Bioanalyzer (Agilent 2012), sendo consideradas para as análises posteriores aquelas com RIN ≥ 8 . As bibliotecas de RNA-Seq foram preparadas com o kit Illumina Stranded (Illumina) e enviadas para sequenciamento em equipamento HiSeq 2500 (Illumina), seguindo o protocolo paired-end (2x100 pb). Após o recebimento das sequências, estas foram submetidas ao controle de qualidade usando o Trimmomatic e mapeadas contra o genoma referência da galinha (GRCg6a) com o software STAR no protocolo *two-pass mode*. A identificação dos SNPs foi realizada no programa GATK v. 3.8 e os filtros SNPcluster considerando 3 variantes em uma janela de 35bp, FS > 30.0, QD < 5.0, MQ < 50.0, MQRankSum < -12.5, ReadPosRankSum < -8.0, GQ < 5.0, QUAL ≥ 30.0 e DP ≥ 100.0 foram utilizados para minimizar a identificação de variantes falso-positivas. Estes dados foram submetidos a ferramenta *Variant Effect Predictor* (VEP) do Ensembl na versão 104 para caracterização das variantes. A anotação funcional das variantes foi realizada na base de dados do Panther (<http://www.pantherdb.org/>) e no MSigDB (Subramanian et al., 2005). A ferramenta Revigo (Supek et al., 2005) foi utilizada para reduzir as ontologias gênicas.

Resultados e Discussão

A identificação de polimorfismos a partir de RNA-seq tornou-se uma alternativa para a descoberta de variantes associadas a fenótipos de interesse (Piskol et al., 2013). Foram identificadas 119.046 variantes nos transcriptomas avaliados, sendo que 106.644 já haviam sido descritas (89,6%) e 12.402 (10,4%) foram identificadas neste trabalho. Considerando o efeito de todas as variantes, 43% localizaram-se em éxons, 21% em região 3'UTR, 17% em regiões intergênicas, 15% em introns, 2% em regiões 5'UTR e 2% em transcritos não codificantes. daquelas encontradas em regiões codificantes, 79% foram sinônimas, 20% *missense* e 1% foram deleção, inserção, *frameshift* entre outras. De acordo com o VEP, 9750 variantes foram caracterizadas como de alto e moderado impacto, ou seja, que podem alterar a produção de proteínas, estando presentes em 3626 genes, envolvidos em 135 processos biológicos como adesão celular, regulação celular ao estresse, de atividade enzimática entre outros. No MSigDB, que utiliza informações de humanos, foi possível observar que, em sua maioria, estes genes encontram-se em famílias gênicas de fatores de transcrição, de marcação de diferenciação celular, oncogenes, citocinas e fatores de transcrição. Dentre as novas variantes encontradas, podem-se citar algumas classificadas como *missense*: 1) 1 SNP deletério (SIFT = 0) no gene *TNFRSF10B*, envolvido com resposta imune e que está localizado em uma região de QTL para resistência a vírus em galinhas; 2) 1 SNP deletério (SIFT = 0,04) no gene *DHX8*, que regula a liberação de mRNAs no spliceossomo, localizado em uma região de QTL para conteúdo mineral, peso e tamanho do fêmur, complemento do intestino, gordura abdominal, entre outros; 3) 1 SNP tolerante (SIFT = 1) no gene *NRDC* localizado em uma região de QTLs para peso de ovário e comprimento do duodeno; 4) 1 SNP deletério no gene *SSPN* (SIFT = 0.03), que faz a ligação entre citoesqueleto e matriz extracelular de células de matriz celular e também está em uma região de QTLs para gordura intramuscular, peso corporal, peso do ovo e ovário entre outros. Desta forma, neste trabalho, foi possível identificar novos polimorfismos em regiões de QTL e que poderão ser validados como marcadores genéticos associados a características de interesse. Estes dados constituem uma fonte de conhecimento da variabilidade genética desta espécie, contribuindo para um melhor entendimento da genômica funcional de aves.



Conclusão

Foram identificadas variantes funcionais no transcriptoma no duodeno de galinhas poedeiras, sendo aproximadamente 10% delas descritas pela primeira vez neste trabalho. Entre elas, destacam-se mutações *missense* com efeitos deletérios nos genes *TNFRSF10B*, *DHX8*, *NRDC* e *SSPN* que estão em regiões de QTL para diversas características de interesse para a avicultura.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pelo projeto n° 13.16.04.005.00.00 da EMBRAPA. Os autores LAS e DEPM agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e CNPq/PIBIC na Embrapa Suínos e Aves, respectivamente, pela concessão de bolsa de estudos. MCL e FCT são bolsistas de produtividade de pesquisa do CNPq. O presente trabalho foi realizado com apoio da CAPES, Código de Financiamento 001.

Literatura citada

- Piskol R, Ramaswami G, Li JB. 2013. Reliable identification of genomic variants from RNA-seq data. **Am J Hum Genet.**,93, 641-51.
- Subramanian A., Tamayo P., Mootha V.K., Mukherjee S., Ebert B.L., Gillette M.A., Paulovich A., Pomeroy S.L., Golub T.R., Lander E.S., Mesirov J.P. 2005. Gene set enrichment analysis: a knowledge-based approach for interpreting genome-wide expression profiles. **Proc Natl Acad Sci USA.** 102, 15545-50.
- Supek F, Bošnjak M, Škunca N, Šmuc T. 2011. REVIGO summarizes and visualizes long lists of gene ontology terms. **PLoS One.**;6:e21800.
- Bakhtiarzadeh MR, Alamouti AA. 2020. RNA-Seq based genetic variant discovery provides new insights into controlling fat deposition in the tail of sheep. **Sci Rep.**10:13525.
- Jehl F, Degalez F, Bernard M, Lecerf F, Lagoutte L, Désert C, Coulée M, Bouchez O, Leroux S, Abasht B, Tixier-Boichard M, Bed'hom B, Burlot T, Gourichon D, Bardou P, Acloque H, Foissac S, Djebali S, Giuffra E, Zerjal T, Pitel F, Klopp C, Lagarrigue S. 2021. RNA-Seq Data for Reliable SNP Detection and Genotype Calling: Interest for Coding Variant Characterization and Cis-Regulation Analysis by Allele-Specific Expression in Livestock Species. **Front Genet.** 12:655707.



Genes de referência para estudos de expressão gênica no rim e no duodeno de galinhas poedeiras submetidas a diferentes níveis de cálcio e fósforo na dieta

Karine Daenquele Silva Pinto¹, Letícia Alves Salmória², Fernando de Castro Tavernari^{3,4}, Jane de Oliveira Peixoto^{2,3}, Adriana M. Guaratini Ibelli^{2,3}, Débora Ester Petry Marcelino⁵, Mariane Spudeit dal Pizzol⁴, Leila de Genova Gaya¹, Mônica Corrêa Ledur^{3,4}

¹Universidade Federal de São João del Rei, São João del Rei - MG, Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual do Centro Oeste do Paraná, Guarapuava, PR

³Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

⁴Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UDESC-Oeste, Chapecó, SC.

⁵Faculdade de Concórdia FACC, Concórdia, SC.

*Autor correspondente: karine.daequuele@yahoo.com

Resumo: O processo de normalização com genes de referência adequados é fundamental para obter níveis precisos de expressão gênica. Portanto, objetivou-se avaliar 10 genes candidatos de referência para determinar sua estabilidade nos tecidos do rim e duodeno de galinhas poedeiras submetidas a dietas com diferentes níveis de cálcio:fósforo. Os tecidos do rim e duodeno de 18 animais com 70 semanas de idade foram coletados, congelados e submetidos à extração de RNA e análise quantitativa de PCR (qPCR). Os genes de referência avaliados foram *GAPDH*, *HMBS*, *HPRT1*, *MRPS27*, *MRPS30*, *RPL30*, *RPL4*, *RPL5*, *RPLP1* e *TOP2B*. Para a avaliação da estabilidade dos genes, o *pipeline* automatizado endoGenes foi utilizado, incluindo a análise com três algoritmos: GeNorm, BestKeeper e NormFinder, e um ranking final foi gerado. Neste estudo, os genes de referência mais adequados para a investigação do perfil de expressão gênica relacionado ao metabolismo de cálcio e fósforo em galinhas poedeiras foram o *RPL5* e *RPL30* para o rim e o *RPLP1* e *HPRT1*, para o duodeno.

Palavras-chave: estabilidade, normalizadores, qPCR.

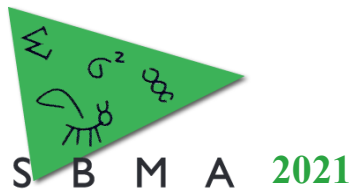
Abstract: The use of reference genes is essential to obtain accurate measurements of gene expression. Therefore, the aim of this study was to evaluate 10 candidate reference genes to determine their stability in kidney and duodenum tissues of laying hens fed with different levels of calcium and phosphorus in the diet. A total of 18 kidney and duodenal samples from 70-week-old laying hens were collected, submitted to RNA extraction and quantitative PCR (qPCR) analysis. The reference genes evaluated were *GAPDH*, *HMBS*, *HPRT1*, *MRPS27*, *MRPS30*, *RPL30*, *RPL4*, *RPL5*, *RPLP1* and *TOP2B*. For the evaluation of gene stability, the automated pipeline endoGenes was used, which included the analysis with three algorithms: GeNorm, BestKeeper and NormFinder. Furthermore, a final ranking with the most stable genes was generated. In this study, the most suitable reference genes for investigating the gene expression profile in kidney and duodenum of laying hens submitted to diets with different levels of calcium and phosphorus were *RPL5* and *RPL30*, and *RPLP1* and *HPRT1*, respectively.

Keywords: stability, normalizers, qPCR.

Introdução

A análise de expressão gênica tem como objetivo elucidar os processos biológicos de organismos vivos em diferentes condições e a PCR quantitativa em tempo real (qPCR) é utilizada para validar os resultados de RNA-seq, sendo considerada uma ferramenta eficiente devido a sua especificidade, reprodutibilidade e sensibilidade. Essa técnica é usada para amplificar e quantificar de maneira simultânea uma região específica da molécula de DNA e também para estudos de expressão gênica através de amostras de cDNA a partir de RNA (Rebouças et al., 2013).

Para a análise de qPCR é necessário padronizar as metodologias utilizadas, com a correta escolha e utilização de genes de referência, conhecidos como genes endógenos. O uso desses genes garante que as variações nos níveis de entradas de RNA entre as amostras sejam normalizadas, evitando erros na quantificação. Para que tais genes sejam utilizados como normalizadores, estes devem apresentar padrões de expressão estáveis entre diferentes condições experimentais, estados fisiológicos, tecidos ou organismos. Assim, é necessário testar a estabilidade dos genes antes de utilizá-los como referência em estudos de expressão gênica (Lorenzetti et al, 2018). Portanto, para obter genes estáveis para serem



utilizados como referência em estudos de expressão gênica relacionados ao metabolismo de cálcio e fósforo em galinhas poedeiras, objetivou-se com este trabalho avaliar dez genes candidatos endógenos nos tecidos do rim e duodeno de galinhas com 70 semanas de idade submetidas a dietas com diferentes relações de cálcio e fósforo.

Material e Métodos

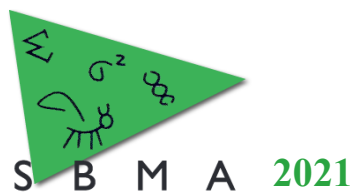
Foram utilizadas poedeiras da linhagem Bovans White submetidas a dietas com diferentes relações de cálcio:fósforo (Ca:P) a partir de 20 semanas de idade. Estas foram avaliadas até as 70 semanas de idade quanto a sua produtividade e qualidade da casca dos ovos e separadas em três grupos para a realização deste estudo: um grupo controle que recebeu a relação Ca:P normalmente utilizada (Ca 4% e 0,35% P), um grupo de alto desempenho (4.71% Ca e 0.21% P) e um de baixo desempenho produtivo (3.29% Ca e 0.49% P). Nas 70 semanas de idade foi realizado o abate e a coleta de amostras do rim e duodeno de 18 galinhas, seis de cada grupo e armazenadas em freezer (-70°C). A extração de RNA dos tecidos foi realizada de acordo com o protocolo Trizol (Invitrogen, CA, EUA), seguido pela purificação em coluna de sílica com kit Qiagen RNEasy (Qiagen, Hilden, NRW, Alemanha). O RNA foi quantificado em espectrofotômetro Biodrop (Biodrop, Cambridge, UK) e amostras com relação 260/280nm acima de 1,8 foram consideradas puras. O cDNA foi sintetizado a partir de 3 µg de RNA total utilizando-se o kit GoScript Reverse Transcriptase (Promega, WI, EUA). A quantificação relativa de cada gene de referência foi realizada por qPCR. O padrão de expressão dos seguintes genes foi avaliado: *GAPDH*, *HMBS*, *HPRT1*, *MRPS27*, *MRPS30*, *RPL30*, *RPL4*, *RPL5*, *RPLP1* e *TOP2B*. As reações de qPCR foram realizadas em duplicata em 15 µL de volume final contendo 0,13 µM de cada primer e ~ 20 ng de cDNA, além da utilização de controles negativos para detectar possível contaminação. As reações foram realizadas em equipamento Quantstudio 6 (Thermo Fisher Scientific, EUA) utilizando SYBR Green como corante fluorescente com a seguinte condição de ciclagem: 95 °C por 10 min, 40 ciclos de 15 segundos a 95 °C e 30 segundos 60 °C. A curva *de melting* foi incluída para todos os genes estudados para verificar a especificidade dos primers. A diferença máxima permitida nos valores de Ct entre as réplicas técnicas foi de 0,4 Ct. Para avaliação de estabilidade dos genes de referência foi utilizado o *pipeline* automatizado endoGenes, disponível em <https://github.com/hanielcedraz/endoGenes>, que incluiu a análise com três algoritmos: GeNorm (Vandesompele et al., 2002), NormFinder (Andersen et al., 2004) e BestKeeper (Pfaffl et al., 2004), gerando um ranking final com os genes mais estáveis usando o RankAgreeg.

Resultados e Discussão

A concentração média de RNA total foi 1398,81 ng/µl para o rim e 1848,04 ng/µl para o duodeno. Em relação à qualidade do RNA, a relação A260/280 média foi de 1,86 ± 0,34 para as amostras de rim e 2,01 ± 0,06 para as amostras de duodeno, demonstrando uma boa qualidade das amostras de RNA a serem utilizadas em análises posteriores. Os valores médios de Ct dos genes candidatos de referência variaram de 16,62 a 22,27 nas amostras de rim e 16,43 a 23,67 nas amostras de duodeno, sendo semelhantes entre os grupos estudados e indicando que todos os genes avaliados se apresentaram expressos no rim e no duodeno.

Foram avaliados genes já recomendados como normalizadores de acordo com a literatura (Kozera & Rapacz, 2013). Em relação à estabilidade dos genes, aqueles mais bem classificados no ranking final também tiveram uma boa estabilidade em cada algoritmo separadamente (Tabela 1). Para o rim, os genes *RPL5* e *RPL30* foram os mais estáveis para o algoritmo GeNorm. Para o NormFinder, os mais estáveis foram *RPL4* e *RPL5* e para o algoritmo Bestkeeper foram o *RPL5* e *MRPS27*. Já os genes menos estáveis foram *MRPS30* e *GAPDH* para todos os algoritmos, exceto para Bestkeeper que foram *GAPDH* e *RPLP1*. Para o duodeno, os genes *RPLP1* e *TOP2B* foram os mais estáveis no algoritmo GeNorm e para o Bestkeeper foram os genes *RPLP1* e *HPRT1*. Os genes *TOP2B* e *GAPDH* foram considerados mais estáveis para o NormFinder. Já os genes menos estáveis para o duodeno foram o *RPL30* e *RPL5* em todos os algoritmos. Por meio de uma classificação geral, *RPL5* e *RPL30* foram os genes mais estáveis encontrados para os tecidos do rim e *RPLP1* e *HRPT1* para os tecidos do duodeno.

Tabela 1. Valores de estabilidade e classificação dos genes (entre parênteses) para cada tecido segundo os três algoritmos utilizados e o ranking final gerado pelo RankAgreeg.



GENE	RIM				DUODENO			
	Bestkeeper	NormFinder	geNorm	Final Ranking	Bestkeeper	NormFinder	geNorm	Final Ranking
<i>HBMS</i>	0,39 (3)	0,15 (4)	0,40 (3)	4	0,39 (3)	0,48 (8)	0,67 (7)	8
<i>RPL5</i>	0,30 (1)	0,13 (2)	0,22 (1)	1	0,98 (10)	0,67 (10)	0,91 (9)	10
<i>RPL4</i>	0,42 (5)	0,11 (1)	0,51 (5)	5	0,45 (7)	0,44 (7)	0,62 (6)	7
<i>MRPS30</i>	0,51 (8)	0,32 (9)	0,73 (9)	9	0,41 (4)	0,25 (5)	0,41 (3)	4
<i>MRPS27</i>	0,36 (2)	0,25 (7)	0,66 (7)	7	0,47 (8)	0,34 (6)	0,56 (5)	6
<i>HPRT1</i>	0,44 (7)	0,14 (3)	0,34 (2)	3	0,37 (2)	0,23 (3)	0,34 (1)	2
<i>RPLP1</i>	0,53 (9)	0,27 (8)	0,59 (6)	8	0,32 (1)	0,23 (4)	0,36 (2)	1
<i>TOP2B</i>	0,41 (4)	0,17 (6)	0,45 (4)	6	0,42 (5)	0,19 (1)	0,34 (1)	3
<i>GAPDH</i>	0,76 (10)	0,46 (10)	0,85 (10)	10	0,45 (6)	0,21 (2)	0,50 (4)	5
<i>RPL30</i>	0,42 (6)	0,16 (5)	0,22 (1)	2	0,82 (9)	0,60 (9)	0,79 (8)	9

Em galinhas, não existem estudos sobre a estabilidade de genes endógenos no rim e duodeno. Portanto, este estudo é importante para caracterizar esses tipos de amostras, principalmente porque esses tecidos estão envolvidos no metabolismo dos principais nutrientes presente nas dietas. Assim, os genes mais estáveis para cada tecido poderão ser utilizados como normalizadores para estudos de expressão gênica relacionados ao metabolismo de cálcio e fósforo em poedeiras.

Conclusão

Os genes de referência mais adequados, identificados no presente estudo, para a investigação do perfil de expressão gênica relacionado ao metabolismo de cálcio e fósforo em galinhas poedeiras foram o *RPL5* e *RPL30* para o rim e o *RPLP1* e *HPRT1* para o duodeno.

Agradecimentos

Este estudo foi apoiado pelo projeto EMBRAPA 13.16.04.005.00.00. Os autores LAS e DEPM agradecem a CAPES e CNPq/PIBIC na Embrapa Suínos e Aves, respectivamente, pela concessão de bolsa. Os autores FCT e MCL agradecem ao CNPq pela bolsa de produtividade em pesquisa.

Literatura citada

- Andersen C. L. et al. 2004. Normalization of real-time quantitative reverse transcription-PCR data: a model-based variance estimation approach to identify genes suited for normalization, applied to bladder and colon cancer data sets. **Cancer Research**, 64, 5245-5250.
- Kozera, B. & Rapacz, M. 2013. Reference genes in real-time PCR. **Journal of Applied Genetics**, 54, 391-406.
- Lorenzetti, W. R., Ibelli, A. M. G., Peixoto, J. D. O., Mores, M. A. Z., Savoldi, I. R., Carmo, K. B. D., Oliveira, H. C., Ledur, M. C. 2018. Identification of endogenous normalizing genes for expression studies in inguinal ring tissue for scrotal hernias in pigs. **PLoS ONE** 13 (9): e0204348.
- Pfaffl, M. W. et al. 2004. Determination of stable housekeeping genes, differentially regulated target genes and sample integrity: BestKeeper–Excel-based tool using pair-wise correlations. **Biotechnology letters**, 26, 509-515.
- Rebouças, E. L., Costa, J. J. D. N., Passos, M. J., Passos, J. R. D. S., Hurk, R. V. D., & Silva, J. R. V. 2013. Real time PCR and importance of housekeeping genes for normalization and quantification of mRNA expression in different tissues. **Brazilian Archives of Biology and Technology**. 56, 143-154.
- Vandesompele, J. 2002. Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. **Genome Biology**, 3 (7), 1-12.



Expressão de genes candidatos no rim de poedeiras submetidas a dietas com diferentes níveis de cálcio e fósforo

Letícia Alves Salmória^{1*}, Adriana Mércia Guaratini Ibelli^{1,2}; Fernando de Castro Tavernari^{2,3}; Jane de Oliveira Peixoto^{1,2}; Débora Ester Petry Marcelino⁴, Mariane Spudeit Dal Pizzol³, Karine Daenquele Silva Pinto⁵, Mônica Corrêa Ledur^{2,3}.

¹ Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual do Centro Oeste do Paraná, Guarapuava, PR, Brasil.

² Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

³ Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UDESC-Oeste, Chapecó, SC, Brasil.

⁴ Faculdade de Concórdia FACC, Concórdia, SC, Brasil.

⁵ Universidade Federal de São João del Rei, São João del Rei - MG, Brasil.

*Autor correspondente: letiasalmoria3@gmail.com

Resumo: Os mecanismos de regulação de cálcio (Ca) e fósforo (P) ocorrem pela interação de hormônios, absorção intestinal, reabsorção óssea e excreção renal, e seu entendimento é essencial para que dietas mais adequadas sejam fornecidas a poedeiras. Sabendo que o rim é um órgão importante na regulação plasmática de Ca e P, o perfil de expressão de genes candidatos no rim de poedeiras com 70 semanas de idade submetidas a dietas com diferentes níveis de Ca e P foi avaliado utilizando a técnica de qPCR. Para isso, 30 amostras de rim foram submetidas a análise de expressão relativa para cinco genes candidatos (*CALM2*, *CALB1*, *PTH*, *TRPV6* e *CYP24A1*). O gene *PTH* foi super expresso no grupo G1 (4.71% Ca e 0.21% P) em relação ao G2 (3.29% Ca e 0.49% P) e o gene *CYP24A1* foi menos expresso no G2 em relação ao grupo controle ($p \leq 0,05$). Os genes *CYP24A1* e *PTH* foram diferencialmente expressos no rim de poedeiras com 70 semanas de idade submetidas a diferentes níveis de Ca e P nas dietas, sugerindo que há um mecanismo adaptativo e compensatório que pode auxiliar a manutenção de taxas de postura e qualidade da casca do ovo em idades mais tardias.

Palavras-chave: qPCR, galinha, metabolismo, minerais

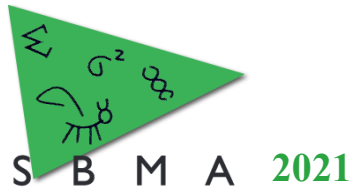
Candidate gene expression in kidney of laying hens submitted to different levels of calcium and phosphorus in the diet

Abstract: Calcium (Ca) and phosphorus (P) regulation occur through hormones, intestinal absorption, bone resorption and renal excretion interactions, and their understanding is essential to formulate adequate diets for laying hens. Knowing that the kidney is one of main organs in the Ca and P homeostasis, candidate gene expression in the kidney of 70-week-old laying hens fed different Ca and P levels in the diet was evaluated through qPCR analysis. To this, 30 kidney samples were submitted to relative expression analysis for five candidate genes (*CALM2*, *CALB1*, *PTH*, *TRPV6* e *CYP24A1*). The *PTH* gene was upregulated in the G1 (4.71% Ca e 0.21% P) compared to G2 (3.29% Ca e 0.49% P), and the *CYP24A1* gene was downregulated in the G2 compared to the control group ($p \leq 0,05$). The *CYP24A1* e *PTH* were differentially expressed in the kidney of 70-week-old laying hens submitted to different Ca and P levels in the diets, suggesting that there is a compensatory and adaptive which could help maintain egg production rate and eggshell quality at later ages.

Keywords: qPCR, chickens, metabolism, minerals

Introdução

Os minerais são essenciais para a vida produtiva de poedeiras, sendo que os principais são o cálcio e fósforo, que realizam funções importantes na formação óssea e da casca do ovo. Após o pico de postura, a produção de ovos tende a diminuir, bem como a absorção dos minerais pelas aves. Além disso, relações inadequadas de Ca e P contribuem de forma significativa na diminuição da produção e perdas na qualidade da casca (Adedokun; Adeola, 2012). Um dos principais desafios está baseado no balanço adequado de Ca e P, devido à correlação dependente entre eles. Diante disso, o fornecimento adequado destes minerais tornou-se um desafio para a otimização da dieta de poedeiras. Além disso, os mecanismos de regulação destes minerais ocorrem pela interação de hormônios, absorção intestinal,



reabsorção óssea e excreção renal, sendo que o rim pode ser considerado um órgão fundamental base na regulação plasmática de Ca e P (Brown et al., 2005).

A influência dos níveis dietéticos na produção animal pode alterar o perfil de expressão de genes com funções relacionadas a vias metabólicas, de modo que é possível analisar e quantificar a variação da expressão de genes candidatos entre diferentes grupos avaliados (Arya et al., 2005) visando melhorar o entendimento da fisiologia destes animais. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a expressão de genes candidatos responsáveis por atuar no metabolismo de Ca e P no rim de poedeiras com 70 semanas de idade submetidas a dietas com diferentes níveis de Ca e P utilizando a técnica de PCR quantitativa (qPCR).

Material e Métodos

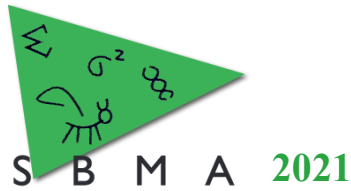
Foram utilizadas 30 amostras do rim de poedeiras da linhagem Bovans White, com 70 semanas de idade, que receberam diferentes níveis de Ca e P na dieta por um período de 50 semanas, sendo eles: 1) 4.71% Ca e 0.21% P (G1), 2) 3.29% Ca e 0.49% P (G2) e 3) um grupo controle (C), com níveis próximos ao utilizado usualmente nas dietas (Ca 4% e 0,35% P). As amostras de rim foram coletadas, submetidas a extração de RNA total utilizando o protocolo de Trizol (Invitrogen), seguido pela purificação em coluna de sílica com kit Qiagen RNEasy (Qiagen). O cDNA foi sintetizado com o kit Go Script Reverse Transcriptase (Promega), a partir de 3µg de RNA total, seguindo as recomendações do fabricante. Primers para os genes alvos: *Calmodulin 2 (CALM2)*, *Calbindin 1 (CALB1)*, *Parathyroid hormone (PTH)*, *Transient receptor potential cation channel subfamily V member 6 (TRPV6)* e *Cytochrome P450 family 24 subfamily A member 1 (CYP24A1)* foram desenhados em junções de éxons no programa Primer-Blast (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/index.cgi>). As reações de qPCR foram realizadas em duplicatas, na condição de ciclagem: 95° por 2 min, 40 ciclos de 15s a 95° C e 30s a 60° C em equipamento Quantstudio 6 (Thermo Fischer Scientific). A média do *cycle threshold (Ct)* foi obtida e a análise estatística realizada no programa REST para comparação entre os grupos estudados. Os genes *RPL5* e *RPL30* foram usados como referência. Genes foram considerados diferencialmente expressos (DE) quando $p \leq 0,05$.

Resultados e Discussão

Neste trabalho, 5 genes descritos na literatura como envolvidos na regulação dos mecanismos de cálcio e fósforo foram analisados. Na comparação entre os grupos tratados com diferentes níveis de Ca e P fornecidos na dieta, o gene *CYP24A1* foi aproximadamente 5 vezes menos expresso no grupo G2 em relação ao grupo controle ($p \leq 0,05$) (Tabela 1) e o gene *PTH* foi 2 vezes mais expressos no G1 (relação Ca:P de 22%) em relação ao G2 (relação Ca:P de 6,7%).

O mecanismo de absorção de cálcio e fósforo ocorre principalmente com a ativação da vitamina D no fígado, rins e intestino. Em concentrações plasmáticas baixas de Ca e P, a vitamina D (25(OH)D) é hidroxilada tornando-se ativa (1,25-(OH)2D3), sendo absorvida de forma mais rápida no intestino, devido ao sinergismo com a regulação do paratormônio (PTH) (Jones et al., 2012). O gene *CYP24A1* atua no processo de inativação da vitamina D, estando presente nos rins e intestino. Este processo de inativação é essencial para a regulação dos níveis de vitamina D e homeostase da regulação do cálcio (Jones et al., 2012). Os níveis reduzidos de *CYP24A1* no G2 podem estar associados a um mecanismo de compensação de absorção mineral utilizando vitamina D. Desta forma, a menor expressão do *CYP24A1* no G2 pode indicar a necessidade de aumentar a absorção de cálcio mediada por vitamina D, dado que este grupo tinha menor nível de cálcio na dieta. Diferenças na expressão do *CYP24A1* já foram observadas em poedeiras em diferentes períodos de produção. No entanto, não há informação do perfil de expressão dos genes avaliados neste trabalho em estágios mais tardios de postura.

Já o *PTH* (hormônio da paratireoide), que foi super expresso no G1 em comparação ao G2, atua na absorção de Ca e P por meio da atividade óssea. Na ausência de PTH há perda de Ca via urina e mau funcionamento dos rins, podendo levar a má formação da casca do ovo (Ahmand & Balander, 2003). Em poedeiras, os níveis de PTH no sangue se mantêm elevados principalmente durante a fase de calcificação do ovo. Desta forma, a secreção hormonal para a regulação da absorção de Ca e P ocorre constantemente no organismo, em atividades compensatórias, quando os níveis na dieta não são adequados, gerando



hipofosfatemia e hipocalcemia, e principalmente mobilizando os minerais para a calcificação da casca do ovo (Ahmand & Balander, 2003).

Os genes *TRPV6* e *CALB1* atuam na codificação de proteínas que funcionam como canais de cálcio e transporte de íons, em associação com a calmodulina. *CALM2* pertence a família membro das calmodulinas que desempenha papel importante nas vias de sinalização de cálcio (Berridge et al., 2003). Entretanto, apesar da participação dos genes *TRPV6*, *CALB1* e *CALM2* no metabolismo de Ca e P, estes não foram diferencialmente expressos no rim de poedeiras com 70 semanas de idade, diante os diferentes níveis de cálcio e fósforo fornecidos na dieta.

Conclusão

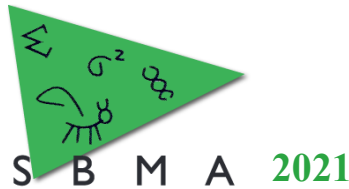
Os genes *CYP24A1* e *PTH* foram diferencialmente expressos no rim de poedeiras com 70 semanas de idade submetidas a diferentes níveis de Ca e P na dieta. Estes resultados sugerem que há um mecanismo adaptativo e compensatório que pode auxiliar a manutenção de taxas de postura e qualidade da casca do ovo em idades mais tardias.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pela EMBRAPA (13.16.04.005.00.00). LAS e DEPM agradecem a CAPES e ao CNPq/PIBIC, respectivamente, pela concessão de bolsa. FCT e MCL são bolsistas PQ/CNPq. O presente trabalho foi realizado com apoio da CAPES (Financiamento 001).

Literatura citada

- Adedokun, S. A., Adeola. 2012. O. Calcium and phosphorus digestibility: Metabolic limits. **Poultry Science Association**, 600 – 608.
- Ahmad, H. A., & Balander, R. J. (2003). Alternative feeding regimen of calcium source and phosphorus level for better eggshell quality in commercial layers. **Journal of applied poultry research**, 12, 509-514.
- Arya, M., Shergill, I. S., Williamson, M., Gommersall, L., Arya, N., & Patel, H. R. (2005). Basic principles of real-time quantitative PCR. **Expert review of molecular diagnostics**, 5(2), 209-219.
- Berridge, M. J., Bootman, M. D., & Roderick, H. L. (2003). Calcium signaling: dynamics, homeostasis and remodelling. **Nature reviews Molecular cell biology**, 4(7), 517-529.
- Brown, A. J., Krits, I., & Armbrecht, H. J. (2005). Effect of age, vitamin D, and calcium on the regulation of rat intestinal epithelial calcium channels. **Archives of biochemistry and biophysics**, 437(1), 51-58.
- Jones, G., Prosser, D. E., & Kaufmann, M. (2012). 25-Hydroxyvitamin D-24-hydroxylase (CYP24A1): its important role in the degradation of vitamin D. **Archives of biochemistry and biophysics**, 523, 9-18.



Análises de componentes principais e correlação de Spearman para a determinação de características a serem utilizadas em programas de melhoramento de poedeiras¹

Thaís Ferreira Machado^{2*}, Vanessa Tomazetti Michelotti², Letícia Weber Barbeiro², Thaise Pinto de Melo², Pamela Itajara Otto², Elsie Antonio Pereira de Figueiredo³, Fernanda Cristina Breda Mello², Paulo Roberto Nogara Rorato²

¹Parte da dissertação do segundo autor.

²Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Rurais, UFSM, Santa Maria, RS, Brasil.

³Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

*Autor correspondente: thais.machado@acad.ufsm.br

Resumo: Objetivou-se identificar por meio de análises de componentes principais as características que explicam a maior parte da variação genética total das populações de linhagens poedeiras das raças Rhode Island Red (GG: linha fêmea e MM: linha macho) e Plymouth Rock White (SS: portadora do gene silver para sexagem pela pena). A correlação de Spearman foi utilizada para avaliar a correlação entre a taxa de produção parcial ou acumulada e a taxa de produção total de ovos. Para cada linhagem foram avaliadas 21 características de produção e reprodução através de análises genéticas univariadas sob um modelo animal. Após, procedeu-se a análise de componentes principais considerando os valores genéticos preditos das variáveis. Nas três linhagens, correlações superiores a 0,6 com os dois primeiros componentes principais foram observadas para pesos, relação comprimento \times largura e densidade do ovo em diferentes idades, com valores superiores na 36ª semana de idade. Foram observadas maiores correlações de Spearman com a taxa de produção total de ovos para as seguintes variáveis: taxa de produção de ovos acumulada nas semanas 50 (0,85 a 0,94) e 60 (0,97 a 0,99); e taxa de produção parcial da 23ª a 40ª semana (0,57 a 0,90). As características densidade, peso, relação comprimento \times largura do ovo medidas na 36ª semana; a taxa de produção de ovos acumulada até a semana 50 e a taxa parcial da 23ª a 40ª semana devem ser consideradas em programas de melhoramento genético de aves de postura.

Palavras-chave: avaliação genética, modelo animal, Plymouth Rock White, Rhode Island Red

Principal components and Spearman correlation Analyses to determine traits to be used in laying hens breeding programs¹

Abstract: The aim was to identify by principal component analysis the traits that explain most of the total genetic variation in population of Rhode Island Red (GG: female line and MM: male line) and Plymouth Rock White (SS: presents silver gene for sex determination) breed. Spearman correlation was used to evaluate the correlation between partial or accumulated production rates and total egg production rate. For each strain, 21 production and reproduction traits were evaluated by univariate genetic analyses under an animal model. Subsequently, principal component analyses were performed, considering the predicted breeding values for variables. In the three strains, correlations greater than 0.6 with the first two principal components were observed for weights, height-width ratio, and egg density at different ages, with the highest values at 36th week of age. The highest Spearman correlations with total egg production rate were observed for following variables: accumulated egg production rate up to weeks 50 (0.85 to 0.94) and 60 (0.97 to 0.99); and partial production rate from 23rd to the 40th week (0.57 to 0.90). Density, weight and height-width of the egg at 36th week; accumulated egg production rate up to week 50 and partial production rate from 23rd to 40th week should be considered in breeding programs of laying hens.

Keywords: genetic evaluation, animal model, Plymouth Rock White, Rhode Island Red

Introdução

A característica considerada de maior importância para a seleção e melhoramento de aves de postura é a produção de ovos. Todavia, características referentes ao peso e reprodução das aves e



relacionadas a qualidade do ovo têm sido utilizadas na avaliação do desempenho de linhagens poedeiras, pois são importantes na obtenção de aves mais precoces e que produzam ovos em quantidade e com qualidade.

Quando um fenômeno depende de muitas variáveis a análise univariada geralmente não é a mais adequada, pois utiliza informações isoladas, sendo necessário conhecer a totalidade dessas, fornecidas pelo conjunto das variáveis e suas relações. Nesse caso, é indicado o uso de análise multivariada, que utiliza simultaneamente todas as variáveis na interpretação teórica do conjunto de dados (Neto, 2004). Dentre as várias técnicas multivariadas, as análises de componentes principais têm sido realizadas para características de produção e qualidade do ovo por Venturini et al. (2013) e Ukwu et al. (2017).

Assim, objetivou-se utilizar a análise de componentes principais para identificar as características de peso e reprodução das aves e de qualidade dos ovos que explicam a maior parte da variação genética total dos dados; e por meio da correlação de Spearman determinar quais produções parciais e acumuladas são mais correlacionadas com a taxa de produção total de ovos.

Material e Métodos

O banco de dados utilizado continha registros de produção de ovos de linhagens poedeiras das raças Rhode Island Red (GG – linha fêmea e MM – linha macho) e Plymouth Rock White (SS – portadora do gene silver para sexagem pela pena) obtidos entre os anos de 1998 e 2013. Os arquivos foram fornecidos pelo Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA – EMBRAPA).

As características produtivas analisadas foram: taxa de produção total de ovos da 19ª a 70ª semana de idade (TPT); taxa de produção acumulada da 19ª a 30ª semana (TA30), da 19ª a 40ª semana (TA40), da 19ª a 50ª semana (TA50) e da 19ª a 60ª semana (TA60); taxa de produção parcial da 19ª a 22ª semana (TP19a22), da 23ª a 40ª semana (TP23a40), da 41ª a 55ª semana (TP41a55) e da 56ª a 70ª semana (TP56a70). Ressalta-se que a coleta de ovos foi realizada durante cinco dias da semana.

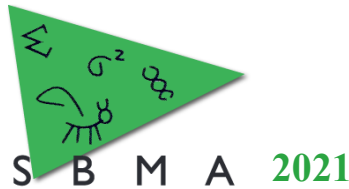
As características de peso e reprodução das aves e de qualidade dos ovos analisadas foram: densidade do ovo medida nas semanas 32, 36 e 40 (D32, D36 e D40), idade a maturidade sexual (IMS), peso corporal das aves medido na 16ª e 60ª semana de idade (PC16 e PC60), peso do ovo medido nas semanas 32, 36 e 40 (PO32, PO36 e PO40) e relação comprimento x largura do ovo medida nas semanas 32, 36 e 40 (R32, R36 e R40).

Após a edição, o banco de dados constituiu-se apenas de animais que continham todas as informações, totalizando 8.117, 5.427 e 5.850 registros de postura de aves, filhas de 422, 336 e 345 machos e 2.304, 1.534 e 1.596 fêmeas das linhagens GG, MM e SS, respectivamente, com matrizes de parentesco formadas por 16.148, 9.560 e 10.600 animais.

Foram realizadas 21 análises genéticas univariadas para cada linhagem, utilizando-se o modelo animal, o qual considerou a geração como efeito fixo, como segue: $y = X\beta + Za + e$, em que: y é o vetor de observações; β é o vetor de soluções para os efeitos fixos; a é o vetor de valores genéticos aditivos; e é o vetor do efeito aleatório residual; X e Z são as matrizes de incidência relacionando β e a com y . Os valores genéticos para cada característica dentro das linhagens foram obtidos utilizando o programa Wombat (Meyer, 2007).

Obtidos os valores genéticos, estes foram utilizados na análise multivariada para verificar se os vetores de médias divergiram estatisticamente, para tal utilizou-se o teste de Hotelling-Lawley. Na sequência procedeu-se a análise de componentes principais (CP) com os valores genéticos preditos das variáveis relacionadas ao peso e reprodução das aves e qualidade dos ovos. O critério utilizado para descarte de variáveis foram correlações menores que 0,6 entre a variável e o componente principal 1 (CP1) e componente principal 2 (CP2). Quando a análise de CP indicou mais de uma mesma característica medida em diferentes semanas de idade, ex. D32, D36 e D40, um estudo das correlações entre as variáveis foi realizado, selecionando a característica com maior correlação com as demais, ou seja, a que melhor representasse todas.

Para as variáveis produtivas obtiveram-se as correlações de Spearman entre as taxas de produções parciais e acumuladas e a TPT, para definir qual(is) a(s) característica(s) produtiva(s) é(são) mais correlacionada(s) com a TPT.



Resultados e Discussão

A análise multivariada (MANOVA) foi significativa a 1% de probabilidade pelo teste de Hotelling-Lawley. Assim, procedeu-se a análise de componentes principais, em que o primeiro e o segundo componentes principais explicaram juntos 55%, 55% e 51% da variação genética total para as linhagens GG, MM e SS, respectivamente.

Nas três linhagens, as variáveis que resultaram em correlação superior a 0,6 com o CP1 foram os pesos e as relações comprimento x largura dos ovos; e com o CP2 as densidades. Através do estudo das correlações entre as variáveis, observou-se que as características D36 e PO36 apresentaram maiores correlações com as densidades e pesos dos ovos medidas nas semanas 32 e 40. As variáveis R36 e R40 apresentaram correlações moderadas entre si, sendo mantida a R36 devido à medida ser tomada mais precocemente. Adicionalmente, a D36, R36 e PO36, de modo geral, foram as que resultaram em maior correlação com o CP1 e CP2.

Para definir quais variáveis produtivas melhor representam a taxa de produção total de ovos, foi realizada Correlação de Posição de Spearman, em que se observaram estimativas de correlação variando de moderada a alta das taxas acumuladas com a TPT, no entanto, apenas a TA50 (0,85 a 0,94) e a TA60 (0,97 a 0,99) resultaram em correlações maiores que 0,70 para os dois sexos nas três linhagens. As altas correlações entre os períodos TA50 e TA60 com a TPT indicam que a medição da taxa de produção total de ovos pode ser substituída por qualquer um desses períodos.

Ao analisar os períodos parciais, o TP19a22 foi o que resultou em menores estimativas de correlação (0,01 a 0,56), provavelmente devido a este período compreender a fase inicial de postura, em que muitas aves ainda não atingiram a maturidade sexual. Na TP23a40 foram encontradas as maiores correlações com a TPT (0,57 a 0,90), indicando que dentre os períodos parciais analisados, esse foi o que melhor representou a TPT, sendo este o período que compreende o pico de postura que é alcançado, em média, na 26ª semana de idade até o início do declínio da produção.

Conclusão

As análises de Componentes Principais e Correlação de Posição de Spearman indicaram, com base nos valores genéticos dos animais, que as variáveis densidade, peso e relação comprimento x largura do ovo medidas na 36ª semana e as taxas de produções de ovos acumuladas nas semanas 50 e 60 e parcial da 23ª a 40ª semana devem ser consideradas na seleção de aves de postura em programas de melhoramento genético.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) e ao Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA – EMBRAPA).

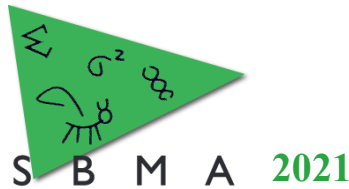
Literatura citada

MEYER, K. WOMBAT A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University SCIENCE B**, v. 8, n. 11, p. 815 – 821, 2007.

NETO, J. M. M. Estatística multivariada – Uma visão didática-metodológica. **Revista de Filosofia e Ensino**, v. 1, n. 1, p. 1-13, 2004.

UKWU, H.O.; ABARI, P.O.; KUUSU, D.J. Principal component analysis of egg quality characteristics of Isa Brown layer chickens in Nigeria. **World Scientific News**, v. 70 n. 2, p. 304-311, 2017.

VENTURINI, G.C.; SAVEGNAGO, R.P.; NUNES, B.N.; LEDUR, M.C.; SCHMIDT, G.S.; EL FARO, L.; MUNARI, D.P. Genetic parameters and principal component analysis for egg production from White Leghorn hens. **Poultry Science**, v. 92, p. 2283-2289, 2013.



Perfil da expressão dos genes *PERP2*, *LEPR* e *ANGPLT5* em frangos de corte de 21 dias normais e afetados com necrose da cabeça do fêmur

Mariane Spudeit Dal Pizzol¹, Débora Ester Petry Marcelino², Adriana Mércia Guaratini Ibelli^{3,4}, Fernanda Tonello Neis⁵, Letícia Alves Salmória⁴, Jane de Oliveira Peixoto^{3,4}, Mônica Corrêa Ledur^{1,3}.

¹Programa de Pós-graduação em Zootecnia UDESC/Oeste, Chapecó, SC, Brasil.

²Graduação em Ciências Agrônomicas, Faculdade Concórdia, Concórdia, SC, Brasil.

³Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil.

⁴Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Unicentro, Guarapuava, PR, Brasil.

⁵Graduação em Ciências Veterinárias, Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia, SC, Brasil.

*Autor correspondente: mari_spudeit@hotmail.com

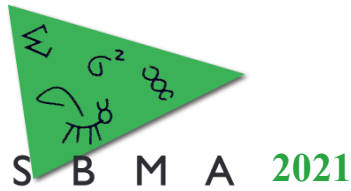
Resumo: Frangos de corte de crescimento rápido são susceptíveis a doenças locomotoras que causam prejuízos econômicos e restringem o bem-estar animal, sendo que a necrose na cabeça do fêmur (NCF) é o problema locomotor mais recorrente na avicultura mundialmente. Visando melhor compreender o controle genético dessa desordem óssea, o perfil de expressão de genes candidatos previamente relacionados a NCF foi investigado em frangos de corte na idade precoce de 21 dias. Foram utilizadas amostras de 8 aves, 4 normais e 4 afetadas com NCF. O RNA da placa de crescimento femoral foi extraído e purificado. Posteriormente, o cDNA foi sintetizado e as amostras foram submetidas à PCR quantitativa para os genes alvo *PERP*, *LEPR* e *ANGPTL5*, que foram diferencialmente expressos entre os dois grupos ($p < 0,05$). Na anotação funcional dos genes expressos na placa de crescimento femoral desses animais, os 3 genes se destacaram por já terem sido associados com processos celulares importantes para regulação da matriz óssea e cartilaginosa, como apoptose e osteoblastogênese, caracterizando-os como possíveis candidatos envolvidos com a manifestação da necrose na cabeça do fêmur em aves. Essas informações contribuem para um melhor entendimento sobre a influência da genética no desenvolvimento da necrose na cabeça do fêmur em frangos de corte.

Palavras-chave: integridade óssea, avicultura, genética, problemas locomotores, ossificação.

Expression profile of the *PERP2*, *LEPR* and *ANGPTL5* genes in normal and femoral head necrosis-affected broilers at 21 days of age

Abstract: Fast-growing broiler chickens are susceptible to locomotor diseases that cause economic losses and restrict animal welfare. Femur head necrosis (NCF) is the most recurrent locomotor problem in poultry worldwide. To better understand the genetic control of this bone disorder, the expression profile of candidate genes previously related to NCF was investigated in broilers at an early age of 21 days. Samples from 8 broilers, 4 normal and 4 affected with NCF, were used. RNA from the femoral growth plate was extracted and purified. Subsequently, cDNA was synthesized and the samples were submitted to quantitative PCR for the target genes *PERP*, *LEPR* and *ANGPTL5*, which were differentially expressed between the two groups ($p < 0.05$). In the functional annotation of the genes expressed in the femoral growth plate of these animals, the 3 genes can be highlighted for having already been associated with important cellular processes for the regulation of bone and cartilage matrix, such as apoptosis and osteoblastogenesis, characterizing them as possible candidates involved with the manifestation of femoral head necrosis in chickens. This information contributes to a better understanding of the influence of genetics on the development of femur head necrosis in broiler chickens.

Keywords: bone integrity, poultry, genetics, locomotor problems, ossification.



Introdução

Os animais de produção intensiva são melhorados e selecionados geneticamente para maior produção de carne. No entanto, em alguns casos, o desenvolvimento da estrutura óssea desses animais acaba sendo prejudicado por não acompanharem o desenvolvimento da musculatura (OLKOWSKI et al., 2011). As doenças locomotoras na produção intensiva ocorrem também devido à estrutura óssea e articular não estarem preparadas para sustentar o peso que esses animais atingem em poucos dias. Como consequência, observa-se a ocorrência de lesões de degeneração femoral, podendo ou não estar associadas à infecção (OLKOWSKI et al., 2011). A necrose na cabeça do fêmur (NCF) prejudica a locomoção das aves e suas lesões podem levar a condenação de carcaças, sendo também um dos problemas locomotores que mais afeta a avicultura mundial, causando prejuízos econômicos e ao bem-estar animal. Os estudos de genética molecular podem auxiliar no entendimento do perfil de expressão gênica entre animais saudáveis e afetados com NCF e, dessa maneira, ajudar os programas de melhoramento genético a desenvolver planos de ação eficientes para reduzir a incidência de problemas locomotores na produção de frangos de corte. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a expressão dos genes candidatos *TP53 apoptosis effector (PERP2)*, *Leptin receptor (LEPR)* e *Angiopoietin like 5 (ANGPTL5)* na placa de crescimento do fêmur de frangos normais e afetados com NCF aos 21 dias de idade.

Material e Métodos

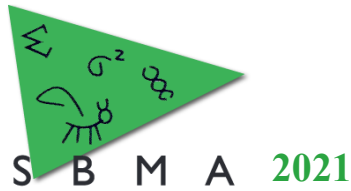
Neste estudo foram utilizadas amostras de placas de crescimento do fêmur de 8 frangos de corte de uma linhagem comercial com 21 dias de idade, sendo 4 normais e 4 afetados com necrose de cabeça do fêmur. Após a coleta das amostras, foi realizada a extração de RNA total, utilizando o reagente Trizol (Invitrogen) seguida por purificação através da coluna de sílica (Qiagen), conforme recomendação do fabricante. A concentração do RNA foi verificada com o espectrofotômetro (BioDrop) e para avaliar a integridade foi utilizado gel de Agarose à 1%. A síntese de cDNA foi feita utilizando-se o kit SuperScript III First-Strand Synthesis SuperMix (Invitrogen). Primers para os genes *PERP2*, *LEPR* e *ANGPTL5* foram desenhados em junção de éxons no programa Primer-blast do NCBI. Em seguida, as reações de PCR quantitativo (qPCR) foram realizadas no equipamento QuantStudio 6 Flex (Applied Biosystems), contendo: Master Mix na concentração 1X (GoTaq qPCR Master Mix 2x, Promega), 0,16 μ M de cada primer F e R, 2 μ L de cDNA na diluição 1:10 e água ultrapura para completar 15 μ L de reação total. As reações de qPCR foram feitas em duplicatas e os valores de Ct (*cycle threshold*) foram obtidos e submetidos a análise da expressão diferencial no programa REST, que utiliza um teste de aleatorização não paramétrico para comparação entre os grupos estudados. As diferenças foram consideradas significativas quando $p < 0,05$.

Resultados e Discussão

A genética é um fator determinante para o desenvolvimento ósseo, sendo que variações alélicas e na expressão podem afetar diretamente a fisiologia e, em alguns casos, determinar a manifestação de distúrbios severos. Por isso, a análise de expressão gênica é uma ferramenta importante na investigação de desordens metabólicas, sendo possível muitas vezes detectar a origem da desordem.

Neste estudo, os genes *PERP2*, *LEPR* e *ANGPTL5* foram respectivamente menos expressos ($p < 0,05$) aproximadamente 14, 8 e 66 vezes nos animais afetados com NCF em relação aos normais. O gene *PERP2* codifica uma proteína da família de mielinas periféricas; em sua atividade celular ele interage com a proteína p53 (supressora tumoral), regulando etapas do ciclo celular e de apoptose. Este gene também foi menos expresso em frangos de corte afetados com NCF aos 35 dias de idade (PEIXOTO et al., 2019), indicando que este pode ser um gene candidato ao desenvolvimento desta condição.

Outro gene diferencialmente expresso na placa de crescimento do fêmur foi o *LEPR* que é um receptor da leptina e atua diretamente na regulação do peso corporal. Em camundongos com deficiência de leptina houve anormalidades nos ossos responsáveis pela sustentação corpórea (ossos longos), sugerindo que *LEPR* está intimamente ligado à resistência óssea. O receptor da leptina também está sendo apontado como modulador negativo da mecanossensibilidade óssea, e possíveis variações genéticas neste gene podem estar atreladas à resposta osteogênica diferencial à estimulação mecânica. Já foram identificados SNPs importantes na região codificadora de *LEPR* que podem resultar em uma proteína não funcional alterando sua expressão nos osteoblastos (KAPUR et al., 2010).



O gene *ANGPTL5* foi menos expresso em aves afetadas com NCF. Segundo ZHENG (2008), este gene tem ação inibidora da expressão de alguns fatores de transcrição importantes para a diferenciação das linhagens mieloide, eritroide e linfoide, possuindo um papel importante no reparo da epiderme e na angiogênese, na formação de novos vasos sanguíneos e nas atividades hematopoiéticas. Além disso, o *ANGPTL5* ativa vias de sinalização, como a MAPK (Mitogen Activated Protein Kinases - Proteína-quinases ativadas por mitógenos), que atua em uma variedade de processos celulares, como mitose, diferenciação, apoptose e respostas ao estresse (CARGNELLO; ROUX, 2011).

Existem poucos estudos avaliando a associação entre a função desses genes com problemas locomotores. Desta forma, sua baixa expressão no grupo de animais afetados com NCF, reforça o envolvimento de vias metabólicas como a de controle de apoptose, osteoblastogênese e regulação das sinalizações de proteína-quinases na manifestação da NCF em aves.

Conclusão

Foi evidenciada uma menor expressão dos genes *PERP2*, *LEPR* e *ANGPTL5* em frangos com 21 dias de idade afetados com NCF, sugerindo que uma possível desregulação desses genes possa estar relacionada com a manifestação desta condição em aves. Esses resultados contribuem para melhorar a compreensão dos mecanismos moleculares que podem desencadear a NCF, bem como para o avanço do conhecimento do genoma funcional da galinha.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pelo projeto nº 01.11.07.002.03 da EMBRAPA. As autoras M.S.D.P, DEPM e LAS agradecem a FAPESC, ao CNPq/PIBIC e a CAPES, respectivamente, pela concessão da bolsa de estudos. MCL é bolsista de produtividade do CNPq.

Literatura citada

Cargnello, M., & Roux, P. P. 2011. Activation and function of the MAPKs and their substrates, the MAPK-activated protein kinases. **Microbiology and molecular biology reviews**, 75(1), 50-83.

Kapur, S., Amoui, M., Kesavan, C., Wang, X., Mohan, S., Baylink, D. J., & Lau, K. H. W. 2010. Leptin receptor (Lepr) is a negative modulator of bone mechanosensitivity and genetic variations in Lepr may contribute to the differential osteogenic response to mechanical stimulation in the C57BL/6J and C3H/HeJ pair of mouse strains. **Journal of Biological Chemistry**, 285(48), 37607-37618.

Nowak, M., Köster, C., & Hammerschmidt, M. 2005. Perp is required for tissue-specific cell survival during zebrafish development. **Cell Death & Differentiation**, 12(1), 52-64.

Olkowski, A. A., Laarveld, B., Wojnarowicz, C., Chirino-Trejo, M., Chapman, D., Wysokinski, T. W., & Quaroni, L. 2011. Biochemical and physiological weaknesses associated with the pathogenesis of femoral bone degeneration in broiler chickens. **Avian Pathology**, 40(6), 639-650.

Peixoto, J. O., Savoldi, I. R., Ibelli, A. M. G., Cantao, M. E., Jaenisch, F. R. F., Giachetto, P.F., Settles, M., Zanella, R., Marchesi, J. A. P., Pandolfi, J. R. C., Coutinho, L. L., Ledur, M. C. 2019. Proximal femoral head transcriptome reveals novel candidate genes related to epiphyseolysis in broiler chickens. **BMC Genomics**, v. 20, p. 1031.

Zheng, J., & Zhang, C. 2008. Study of the Mechanisms by Which Angptl5 and IGFBP2 Support Ex Vivo Expansion of Human Cord Blood Hematopoietic Stem Cells. **Blood**, 112 (11): 2308.



Comparação de transcriptomas evidencia vias de diferenciação de condrócitos e desenvolvimento da cartilagem envolvidas na manifestação da necrose da cabeça do fêmur em frangos de corte

Lana Teixeira Fernandes¹, Iara Goldoni², Ludmila Mudri Hul², Adriana Mércia Guaratini Ibelli^{1,2}, Jane de Oliveira Peixoto^{1,2}, Maurício Egídio Cantão¹, Mônica Corrêa Ledur^{1,3}

¹Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, Santa Catarina, Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual do Centro Oeste do Paraná, Guarapuava, PR, Brasil.

³Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UDESC-Oeste, Chapecó, SC, Brasil.

*Autor correspondente: lanatf@yahoo.fr

Resumo: A necrose de cabeça do fêmur (NCF) é um dos principais problemas locomotores que afetam a produção avícola. No entanto, sua etiologia e mecanismos moleculares envolvidos em sua ocorrência permanecem em grande parte desconhecidos. Portanto, objetivou-se identificar genes diferencialmente expressos e exclusivos da cartilagem articular e da placa de crescimento do fêmur de frangos de 35 dias de vida acometidos por NCF e animais normais, além de se identificar processos biológicos relacionados à ocorrência dessa alteração. Os resultados obtidos contribuem para melhor compreensão do papel de genes e eventos moleculares envolvidos no desenvolvimento da NCF.

Palavras-chave: crescimento rápido, expressão gênica, galinha, necrose da cabeça do fêmur, RNA-seq.

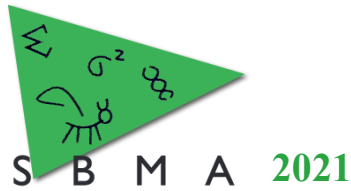
Comparison of transcriptomes highlights chondrocyte differentiation and cartilage development pathways involved in broilers femoral head necrosis

Abstract: The Femoral Head Necrosis (FHN) is one of the main locomotor problems that affect the poultry production. However, the etiology and molecular mechanisms involved in its development remains largely unknown. Therefore, the objective of this study was to identify differentially expressed genes and biological processes exclusively in the articular cartilage and in the grow plate of femur from 35-days-old broilers suffering from FHN and their healthy counterparts. These findings contribute to a better understanding on the role of genes and molecular events involved in FHN triggering and development.

Keywords: fast-growing, chicken, femoral head necrosis, gene expression, RNA-seq

Introdução

Os problemas de integridade óssea em frangos têm sido relacionados à seleção para crescimento rápido, causando grandes perdas econômicas ao setor avícola mundial, pela diminuição do desempenho das aves, além de comprometer o bem-estar animal. Dentre os distúrbios locomotores mais importantes em frangos de corte está a necrose de cabeça de fêmur (NCF), também conhecida como condroncrose bacteriana com osteomielite (BCO). Este problema inicia-se com a degeneração da cartilagem articular e da placa de crescimento da região proximal da cabeça do fêmur levando à separação da cartilagem da cabeça do fêmur (Packislaksmi et al., 2015). Apesar da relevância desse distúrbio e dos estudos conduzidos até o momento, aspectos relacionados a sua etiologia e mecanismos genéticos ainda não estão completamente esclarecidos. Portanto, o objetivo desse trabalho foi identificar genes com expressão diferencial exclusiva na cartilagem articular e na placa de crescimento da cabeça do fêmur de frangos de corte normais afetados com NCF aos 35 dias de idade utilizando a técnica de sequenciamento de RNA. Esses resultados podem ajudar no esclarecimento e compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos no desenvolvimento e progressão da NCF nos tecidos ósseo e cartilaginoso na região proximal do fêmur que é sítio de grande pressão no crescimento dos frangos.



Material e Métodos

Neste estudo foram utilizados vinte e nove frangos de corte machos (14 normais e 15 apresentando claudicação), da linhagem comercial Cobb 500 com 35 dias de idade e provenientes de uma granja localizada em Concórdia (SC). Os animais selecionados foram enviados a Embrapa Suínos e Aves para necropsia e colheita de amostras. Após avaliação macroscópica e classificação do escore da necrose da cabeça do fêmur (NCF), os animais foram divididos em dois grupos: o grupo controle foi composto por animais que apresentavam boa adesão entre a placa de crescimento (GP) da cabeça proximal do fêmur e a cartilagem articular (AC) e o grupo afetado por NCF consistiu-se em frangos apresentando separação entre a placa de crescimento e a cartilagem articular. Em seguida, amostras de GP e AC femoral foram coletadas em nitrogênio líquido e armazenadas em freezer a -80°C para posterior utilização. Este trabalho foi aprovado pela Comissão de Ética no uso de animais (CEUA) da Embrapa Suínos e Aves com o protocolo 012/2012. A extração do RNA total das placas de crescimento e cartilagem articular foi efetuada utilizando-se Trizol Reagent (Invitrogen) e RNeasy mini kit (Qiagen), segundo as recomendações do fabricante. Um total de 16 amostras (4 AC normais, 4 AC afetados, 4 GP normais e 4 GP afetados) foi utilizado para construção das bibliotecas de RNA que foram preparadas com o kit TruSeq RNA Sample Prep v2 (Illumina) para amostras de PC e o kit TruSeq Total Stranded Sample Preparation (Illumina) para amostras de AC. Para a análise de RNAseq, as bibliotecas de cDNA foram sequenciadas em equipamento Illumina® HiSeq 2500 utilizando-se o protocolo paired-end (2x100pb) com amostras de cada tecido em uma *lane* diferente. Para o processo de controle de qualidade, a ferramenta Trimmomatic foi aplicada. Para a etapa de mapeamento, as seqüências foram alinhadas contra o genoma de referência da galinha (GRCg6a) disponível na página do Ensembl (www.ensembl.org), através do programa STAR. O pacote EdgeR foi usado para identificar os genes diferencialmente expressos (DE) entre o grupo afetado com NCF e o controle para cada tecido. Genes com *false discovery rate* (FDR) $< 0,05$ foram considerados DE, após aplicação do método de correção de Benjamini-Hochberg. Os genes foram considerados mais ou menos expressos de acordo com os valores de \log_2 *fold-change* (LogFC). A base de dados Biomart (<https://www.ensembl.org/biomart>) foi usada para anotar os genes DE. A base de dados David 6.8 (<https://david.ncifcrf.gov/>) foi utilizada para as análises de ontologia dos genes DE. As análises de enriquecimento foram realizadas a partir da informação do genoma da galinha presente nessas bases de dados e o programa STRING (<https://string-db.org/>) foi usado para a criação da rede gênica.

Resultados e Discussão

Através da análise do transcriptoma da AC foram identificados 12,182 genes expressos nesse tecido, dos quais 106 foram DE: 99 genes mais e 7 genes menos expressos no grupo de frangos afetados por NCF comparado ao grupo normal. Analisando o transcriptoma da GP, um total de 12.632 genes foram expressos, e 324 genes foram DE entre o grupo afetado e o grupo normal. Destes, 174 genes foram mais expressos e 150 menos expressos no grupo afetado. Foram identificados 36 genes (DE) compartilhados entre AC e GP que foram excluídos das análises subsequentes. De acordo com a categoria de ontologia gênica de processos biológicos dos genes DE da GP, destacam-se os processos relacionados à diferenciação de condrócitos e desenvolvimento da cartilagem, agrupando 3 genes principais que apresentaram menor expressão no grupo afetado: *CHADL*, *GDF5* e *PTHLH*. O gene *CHADL* é expresso em tecidos cartilaginosos, influencia a fibrilogênese de colágeno e modula negativamente a diferenciação de condrócitos (Tillgren et al., 2015). Em humanos, o aumento da expressão do gene *GDF5* está relacionado ao remodelamento dos tecidos da articulação. Após lesão da articulação observou-se sua alta expressão em condrócitos, tanto no novo tecido de reparação da cartilagem como na cartilagem adjacente danificada (Kania et al., 2020). O gene *PTHLH* promove a proliferação de condrócitos e inibe sua hipertrofia e diferenciação terminal. Em pacientes com osteoartrite, esse gene se encontra altamente expresso em condrócitos e líquido sinovial (Duan et al., 2020). Entre os processos biológicos (PB) da AC, a resposta contra bactérias pode ser destacada, sendo que todos os genes envolvidos nesse PB foram mais expressos no grupo com NCF (Figura 1). Dentre eles destacam-se a cathelicidin-2 (*CAMP*) e cathelicidin-3 (*CATH3*) que possuem amplo espectro de atividade antimicrobiana e a habilidade de limitar a inflamação inibindo a ativação do *Toll-like receptor 2* (*TLR2*) e *TLR4* (Coorens et al., 2017). Esses resultados sugerem, por um lado, que a placa de crescimento não é totalmente eficiente no processo de reparação e remodelação da

cartilagem danificada. Por outro lado, a cartilagem articular é capaz de controlar em parte a infecção bacteriana e a intensidade da inflamação que podem intensificar a lesão tecidual.

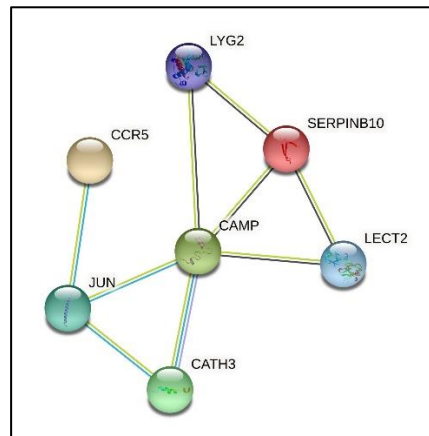


Figura 1. Análise de redes gênicas realizadas no Stringdb. Principais genes DE da cartilagem articular relacionados à defesa contra bactérias. Linhas de cores diferentes indicam o tipo de evidência descrita: amarelo: *text mining*, preto: coexpressão; roxo: homologia de proteínas e azul claro: informações obtidas de bases de dados curadas.

Conclusão

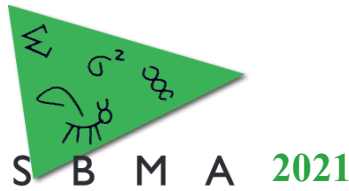
Os resultados obtidos avançam no conhecimento sobre o desenvolvimento da NCF e dos papéis que esses grupos de genes têm na evolução desse distúrbio. No entanto, pesquisas adicionais são necessárias para entender o processo das infecções bacterianas e seu papel no agravamento das lesões.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pelo projeto nº 01.11.07.002.03 da EMBRAPA. LTR é bolsista especialista visitante (EV-1) do CNPq na Embrapa Suínos e Aves. MCL é bolsista de produtividade de pesquisa do CNPq. O presente trabalho foi realizado com apoio da CAPES, Código de Financiamento 001.

Literatura citada

- Coorens, M., Banaschewski, B.J.H., Baer, B.J., Yamashita, C., van Dijk A., Haagsman, H.P., Veldhuizen, R.A.W. & Veldhuizen, E.J.A. 2017. Killing of *Pseudomonas aeruginosa* by Chicken Cathelicidin-2 Is Immunogenically Silent, Preventing Lung Inflammation *In Vivo*. **Infect Immun**, 17, 85.
- Duan, Z.X., Li, Y.S., Tu, C., Xie, P., Li, Y., Qi, L. & Li, Z. 2020. Identification of a potential gene target for osteoarthritis based on bioinformatics analyses. **J Orthop Surg Res**, 15(1), 228.
- Kania, K., Colella, F., Riemen, A.H.K., Wang, H., Howard, K.A., Aigner, T., Dell'Accio, F., Capellini, T.D., Roelofs, A.J. & Bari, C.D. 2020. Regulation of Gdf5 expression in joint remodelling, repair and osteoarthritis. **Scientific Reports**. 10, 157.
- Packialakshmi, B., Rath, N.C., Huff, W.E. & Huff, G.R. 2015. Poultry Femoral Head Separation and Necrosis: a review. **Avian Diseases**, 59, 349-354
- Tillgren, V., Ho, J.C., Önerfjord, P. & Kalamajski, S. 2015. The novel small leucine-rich protein chondroadherin-like (CHADL) is expressed in cartilage and modulates chondrocyte differentiation. **J Biol Chem**. 290, 918-925.



Estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para características de interesse econômico em suínos da raça Landrace

Iasmin Marques Rocha^{1*}, Giovanna Maria dos Santos Câmara¹, Raíssa Larissa Santos¹, Luciana Diniz Rola¹, Marcos Eli Buzanskas¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba, Campus II, Paraíba, PB, Brasil.
*Autor correspondente: iasminmarques14@gmail.com

Resumo: O objetivo do presente estudo foi estimar componentes de variância e o potencial de seleção para as características número de leitões nascidos (NLN) e desmamados (NLD), peso médio da leitegada ao nascimento (PMLN) e à desmama (PMLD), idade para atingir 100 kg de peso vivo (AGE), porcentagem de carne magra (LEAN), espessura de gordura (FAT) e número de tetos (TEATS) em suínos da raça Landrace, provenientes de uma empresa norte-americana de melhoramento genético. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas foram obtidas por meio do programa WOMBAT, em análises bi-características, sob modelo animal. As estimativas de herdabilidade direta para NLN, PMLN, NLD, PMLD, AGE, LEAN, FAT e TEATS foram iguais a 0,105, 0,411, 0,062, 0,101, 0,228, 0,386, 0,306 e 0,330, respectivamente. Correlações genéticas de moderadas magnitudes foram observadas entre NLN e NLD, PMLN e PMLD, PMLN e AGE, as quais foram favoráveis. As características PMLN, AGE, FAT, LEAN e TEATS apresentaram suficiente variabilidade genética e são indicadas como critérios de seleção para promover ganhos genéticos. Ganhos indiretos nas características NLN, NLD, PMLD e AGE podem ser obtidos por meio da seleção para PMLN.

Palavras-chave: MELHORAMENTO ANIMAL, PARÂMETROS GENÉTICOS, SELEÇÃO ARTIFICIAL, SUÍNOS.

Heritability estimates and genetic correlations for traits of economic interest in Landrace pigs

Abstract: The aim of this study was to estimate variance components and selection potential for number of piglets born (NLN) and weaned (NLD), mean litter weight at birth (PMLN) and at weaning (PMLD), age to reach 100 kg (AGE), lean meat percentage (LEAN), fat thickness (FAT), and number of teats (TEATS) in Landrace pigs. A private breeding company from North America provided the data used in this study. Heritability estimates and genetic correlations were obtained using the WOMBAT software, in two-trait analysis, under an animal model. Direct heritability estimates for NLN, PMLN, NLD, PMLD, AGE, LEAN, FAT, and TEATS were equal to 0.105, 0.411, 0.062, 0.101, 0.228, 0.386, 0.306, and 0.330, respectively. Moderate genetic correlations were observed between NLN and NLD, PMLN and PMLD, and PMLN and AGE, which were favorable. PMLN, AGE, FAT, LEAN, and TEATS showed sufficient genetic variability and are indicated as selection criteria to promote genetic gains. Indirect gains on NLN, NLD, PMLD, and AGE traits can be obtained by selecting for PMLN.

Keywords: ANIMAL BREEDING, ARTIFICIAL SELECTION, GENETIC PARAMETERS, PIG.

Introdução

Nos últimos anos, a cadeia produtiva da suinocultura apresentou grande evolução seguindo o desenvolvimento nas áreas de nutrição, técnicas de manejo e melhoramento genético, as quais visam melhoria no produto final e segurança alimentar. Neste sentido, o melhoramento animal tem como objetivo auxiliar na identificação de animais com alto valor genético, com foco em características de interesse econômico para um mercado cada vez mais exigente (Prazeres et al., 2016).

Uns dos aspectos importantes a serem considerados são as estimativas de herdabilidade e de correlação genética, pois são utilizadas para avaliar a direção seguida pelos programas de avaliação genética. Os ganhos genéticos dependerão de quão bem mensuradas foram as características e se estas apresentam variabilidade genética. Dentre as características de interesse da suinocultura, pode-se citar o peso médio da leitegada ao nascimento e ao desmame, que está relacionado à produtividade e eficiência do rebanho, sendo um dos critérios de seleção mais utilizados. O número e peso dos leitões ao nascimento está relacionado à prolificidade da fêmea, ao seu potencial genético em manter a gestação e dar à luz e à sua



habilidade materna para o fornecimento de leite. Características de carcaça também têm sido o foco de programas que visam melhor qualidade do produto final.

Dessa forma, o objetivo deste estudo foi estimar componentes de variância e o potencial de seleção para as características número de leitões nascidos e desmamados, peso médio da leitegada ao nascimento e à desmama, idade para atingir 100 kg de peso vivo, produção de carne magra e de gordura e número de tetos em suínos da raça Landrace.

Material e Métodos

Foram utilizados neste estudo animais da raça Landrace, pertencentes a uma empresa de melhoramento genético de suínos norte-americana. As características avaliadas foram número de leitões nascidos (NLN) e desmamados (NLD), peso médio da leitegada ao nascimento (PMLN) e ao desmame (PMLD), número de dias para atingir 100 kg de peso vivo (AGE), porcentagem de carne magra ajustada para 100 kg de peso vivo (LEAN), espessura de gordura ajustada para 100 kg de peso vivo (FAT) e número de tetos (TEATS).

O controle de qualidade dos dados fenotípicos foi realizado por meio do pacote *car*, presente no programa computacional R. Para NLN, PMLN, NLD e PMLD foram considerados efeitos fixos significativos ($P < 0,05$) de rebanho-mês-ano do parto e ordem de parto; para AGE, FAT, LEAN e TEATS foram considerados efeitos fixos significativos ($P < 0,05$) de rebanho-mês-ano de nascimento e sexo.

Para o estudo da normalidade da distribuição dos dados e remoção de dados discrepantes, considerou-se apenas resíduos padronizados que apresentaram valores entre a amplitude de -3,5 e + 3,5 desvios-padrão. Após esta etapa, os efeitos fixos foram concatenados para a formação de grupos de contemporâneos. Para a estimação de parâmetros genéticos, foi utilizado o programa WOMBAT (Meyer, 2007), sob modelo animal, em análises bi-características. Foram considerados os efeitos aleatórios genéticos diretos e de ambiente permanente do animal para todas as características; e os efeitos aleatórios genéticos maternos para AGE, FAT, LEAN e TEATS. O critério de convergência adotado em todas as análises foi de 10^{-6} .

Resultados e Discussão

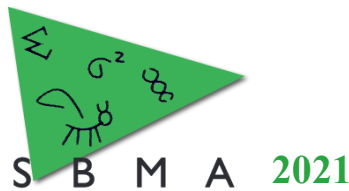
Estimativas de herdabilidade direta variaram de 0,062 (NLD) a 0,411 (PMLN) (Tabela 1) e foram observados erros-padrão entre 0,002 e 0,017. As correlações genéticas apresentaram erros-padrão que variaram de 0,022 a 0,067. As estimativas da proporção da influência do ambiente permanente do animal e da herdabilidade materna foram consideradas de baixa magnitude, embora devam ser consideradas nos modelos de predição com o objetivo de redução do viés.

A estimativa herdabilidade para PMLN foi considerada de alta magnitude. Logo, a utilização de animais de elevado potencial genético para esta característica poderá resultar em maior resposta à seleção. Outra vantagem em utilizar o PMLN como critério de seleção é a sua correlação genética favorável com NLD e PMLD. Isto indica que a seleção para PMLN poderá modificar indiretamente as demais características.

Pode-se destacar a correlação genética alta e favorável de PMLN com AGE, a qual indicou que genes de ação aditiva responsáveis por animais mais pesados ao nascimento estão favoravelmente associados às menores idades para atingir os 100 kg de peso vivo. As correlações genéticas de PMLN e NLD foram favoráveis com TEATS, embora tenham apresentado estimativas de baixa magnitude. Lourenço et al. (2008) observaram estimativas de herdabilidade para NLN, NLD, PMLN e PMLD iguais a 0,0018, 0,0031, 0,0237 e 0,0002, respectivamente, em animais da raça Landrace.

Para AGE, FAT, LEAN e TEATS, foram observadas estimativas de herdabilidade moderadas, variando de 0,228 a 0,389. Isto indicou que estas características responderiam de maneira positiva à seleção. As correlações genéticas entre estas características foram de baixa magnitude, indicando que respostas indiretas à seleção seriam pouco efetivas.

Li e Kennedy (1994) observaram herdabilidade igual a 0,30 para AGE e de 0,53 para FAT na raça Landrace. Em estudo com característica de peso da carne magra nas pernas traseiras de animais Landrace, característica semelhante à LEAN, Hermes, Luxford e Graser (2000) estimaram herdabilidade igual a 0,59. Felleki e Lundheim (2015) avaliaram a característica de número de tetos em leitões Large White de três semanas de idade e obtiveram herdabilidade de 0,37. Devido ao aumento do tamanho da leitegada, há a competição pelos tetos ocasionando mortalidade pré-desmame e, embora seja biologicamente limitada, o



número de tetos tornou-se uma característica de importância econômica que influencia a eficiência produtiva e reprodutiva na suinocultura.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade direta^A, proporção da influência do ambiente permanente do animal^B e herdabilidade materna^C (diagonal em negrito) e correlações genéticas (acima da diagonal).

¹ Características	NLN	PMLN	NLD	PMLD	AGE	FAT	LEAN	TEATS
NLN	0,105^A 0,053^B	0,140	0,472	0,296	0,310	0,079	-0,055	-0,022
PMLN	-	0,411^A 0,072^B	0,262	0,539	-0,586	-0,093	0,039	0,124
NLD	-	-	0,062^A 0,044^B	0,343	0,051	0,060	0,020	0,262
PMLD	-	-	-	0,101^A 0,066^B	-0,365	0,001	0,023	0,036
AGE	-	-	-	-	0,228^A 0,095^B 0,035^C	-0,259	-0,033	0,011
FAT	-	-	-	-	-	0,386^A 0,053^B 0,025^C	0,059	-0,060
LEAN	-	-	-	-	-	-	0,306^A 0,066^B 0,017^C	-0,118
TEATS	-	-	-	-	-	-	-	0,330^A 0,031^B 0,019^C

¹Número de leitões nascidos (NLN), peso médio da leitegada ao nascimento (PMLN), número de leitões desmamados (NLD), peso médio da leitegada ao desmame (PMLD), idade para atingir os 100 kg de peso vivo (AGE), espessura de gordura ao atingir 100 kg de peso vivo (FAT), proporção de carne magra ao atingir 100 kg de peso vivo (LEAN) e número de tetos (TEATS).

Conclusão

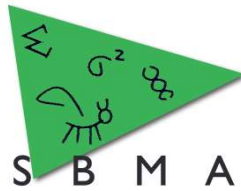
As características PMLN, IDC, AGE, FAT, LEAN e TEATS apresentaram suficiente variabilidade genética e são indicadas como critérios de seleção para promover ganhos genéticos. Ganhos indiretos nas características NLN, NLD, PMLD e AGE podem ser obtidos por meio da seleção para PMLN.

Literatura citada

- Felleki M., & Lundeheim N. 2015. Genetic heteroscedasticity of teat count in pigs. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. 132, 392–398.
- Hermesch, S., Luxford B. G., & Graser H.U. 2000. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. **Livestock Production Science**. 65, 239–248.
- Li, X., & Kennedy B. W. 1994. Genetic parameters for growth rate and backfat in Canadian Yorkshire, Landrace, Duroc, and Hampshire pigs. **Journal of Animal Science**. 72, 1450–1454.
- Lourenço, F. F., Dionello N. J. L., Medeiros G. C. R., & Da Rosa V. C. 2008. Estudos genéticos sobre a leitegada em suínos da raça Landrace criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 37, 1601–1606.
- Meyer, K. 2007. WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University. Science B**. 8, 815–21.
- Prazeres, C. D., Irgang R., Pereira M. C., Hauptli L., Santian G. P., & Trevisol J. 2016. Efeito do tamanho da leitegada sobre a variação dos pesos ao nascer e ao desmame em leitões da raça Landrace. **Boletim de Indústria Animal**. 73, 39–45.

Bovinos de Corte





Abordagem das funções biológicas para a característica de espessura de gordura na picanha em bovinos da raça Nelore

Rafaela Martins¹, Pamela Carla Machado¹, Luis Fernando Batista Pinto², Marcio Ribeiro Silva³, Luiz Fernando Brito⁴, Victor Breno Pedrosa^{1*}

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

²Departamento de Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

³Agropecuária Katayama, Guarapes, São Paulo, SP, Brasil.

⁴Purdue University, EUA.

*Autor correspondente: vbpedrosa@uepg.br

Resumo: Estudos sobre mecanismos biológicos envolvidos nos processos moleculares foram facilitados através das novas tecnologias, como a genotipagem. Em nossa pesquisa utilizamos um estudo de associação genômica ampla de passo único (ssGWAS), para avaliar a característica de espessura na picanha em bovinos da raça Nelore. O objetivo com o presente trabalho foi desvendar quais genes afetam a característica, e quais ontologias gênicas (GO) e terminologias estão envolvidas nas funções moleculares associadas a espessura de gordura. Para isso, foi realizado ssGWAS, utilizando programas da família BLUPF90, em análise que envolveu 1.440 animais genotipados com chip de 35K marcadores do tipo SNP. Após a descoberta de quais marcadores foram detectados para a característica em questão, foi utilizado o banco de dados ENSEMBL para identificar o gene associado ao marcador significativo. Ao todo, para a espessura de gordura na picanha, foram identificados 29 genes, e ao final da análise, foi utilizado o pacote PANTHER para obtenção das ontologias gênicas. As vias significativas, medidas por meio da análise de enriquecimento do termo, compreendiam os metabolismos de carboidratos, homeostase lipídica, metabolismo lipídico, entre outros. A integração dos resultados de ssGWAS, com as análises das GOs fornece embasamento para melhorias em nível molecular, além de aumentar as descobertas da estruturação da formação da característica espessura de gordura na picanha em bovinos Nelore.

Palavras chaves: glicogênio, ontologia gênica, processo metabólico, qualidade carcaça, ssGWAS, vias biológicas.

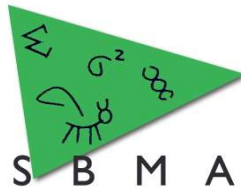
Biological function approach for rump fat thickness trait in Nellore cattle

Abstrat: Studies on biological mechanisms involved in molecular processes have been facilitated through new technologies, such as genotyping. In our research we used a single-step wide genomic association study (ssGWAS) to evaluate the rump fat thickness traits in Nellore cattle. The objective of this research was to unravel which genes affect the trait, and which gene ontologies (GO) and terminologies involved in molecular functions associated with rump fat thickness. For this, ssGWAS was performed, using BLUPF90 family programs, in an analysis involving 1440 animals genotyped with a 35K chip SNP-type markers. After discovering which markers were detected for the trait in question, the ENSEMBL database was used to identify the gene associated with the significant marker. Altogether, 29 genes were identified for rump fat thickness, and at the end of the analysis, the PANTHER package was used to obtain the gene ontologies. The significant pathways, measured through term enrichment analysis, comprised carbohydrate metabolism, lipid homeostasis, lipid metabolism, among others. The integration of the ssGWAS results with the GOs analysis provides a basis for improvements at the molecular level, in addition to increasing the findings of the structuring of the formation of the rump fat thickness traits in Nellore cattle.

Keywords: biological pathways, carcass quality, gene ontology, glycogen, metabolic process, ssGWAS.

Introdução

A ontologia gênica (GO) é uma técnica para interpretar um conjunto de genes e visualizar em qual classificação os mesmos estão inseridos (ZHAO et al., 2020). Os genes são atribuídos a um conjunto de função predefinidos para que a característica seja formada e, dessa forma, os genes são agrupados de acordo com funções semelhantes, como por exemplo, genes que são responsáveis pela homeostase lipídica, dentre outras funções. Dessa forma, a GO fornece um sistema para classificar os genes em termos organizados em estruturas ontológicas, que de acordo com Zhao et al. (2020), podem ser divididos em três categorias: função molecular, processos biológicos e componentes celulares. Cada gene pode aparecer em diversas GOs, dependendo da sua função biológica no organismo animal. Assim sendo, o objetivo desse



trabalho foi verificar quais genes encontrados para espessura de gordura na picanha estavam expressos em GOs fundamentais, e ainda, melhor elucidar os principais motivos moleculares relacionados tais termos.

Material e Métodos

Um total de 11.750 animais da raça Nelore criados em fazendas da pecuária Katayama Ltda, distribuídas em três estados brasileiros (São Paulo, Mato Grosso do Sul e Mato Grosso), esses animais nasceram entre 2009 e 2018 e apresentavam fenótipo para a característica espessura de gordura na picanha, posteriormente destes, 1.440 animais (329 machos e 1.111 fêmeas) foram genotipados usando o painel SNP GGP-Indicus 35K (Neogen Company, Lansing, Michigan, EUA), que contém 35.247 SNPs. A extração de DNA foi realizada a partir de amostras de folículos capilares, após este procedimento, as concentrações de DNA (ng/uL) e outros procedimentos para controle de qualidade de pureza foram realizados usando a família de programas BLUPF90, onde indivíduos com taxa de chamada inferior a 0,90, SNPs não autossômicos, SNPs com posições duplicadas ou desconhecidas, ou menor frequência alélica de 0,05 foram removidos (MISZTAL et al., 2018). Ao final restaram 33.623 SNPs que permaneceram na análise.

As análises ssGWAS foram realizadas com base na metodologia GBLUP de passo único, utilizando programas da família BLUPF90 Misztal et al. (2018). Após a realização do ssGWAS, as janelas genômicas que explicaram mais de 0,5% da variância genética aditiva total da característica foram consideradas as regiões genômicas mais relevantes. Os genes candidatos posicionais localizados nessas regiões foram identificados com base no banco de dados Ensembl Genes 69 incorporado na ferramenta BioMart ao todo foram encontrados 29 genes para a característica espessura de gordura na picanha. Após a identificação, foram realizadas análises de ontologia genética por meio do pacote PANTHER, para verificação em quais GOs os mesmos estavam participando e colaborando para a formação da característica espessura de gordura na picanha em bovinos da raça Nelore.

Resultados e Discussão

Para a característica de espessura de gordura na picanha quatro genes (*RAD51B*, *SORCSI*, *SLMAP* e *EXT1*) estavam presentes em 12 GOs (Tabela 1). A presença destes em diferentes GOs demonstra o potencial para serem apontados como possíveis novos candidatos para a característica de espessura de gordura na picanha. O gene *RAD51B* atua como promotor da transcrição da RNA polimerase (GO:0006360), as RNAs polimerases são enzimas, capazes de catalizar toda a transcrição do DNA. Essas enzimas podem originar moléculas de RNA, que serão utilizadas, por exemplo, no processo de tradução, atuando diretamente, para formar o RNA mensageiro, e possuem ação catalizadora, reguladora ou estrutural para um produto final, assim um promotor de RNA polymerase é extremamente necessário para o processo de formação de qualquer característica, dessa forma, também para formação da espessura de gordura na picanha.

O gene *SORCSI* esteve presente em diversas GOs importantes para a formação da característica espessura de gordura na picanha, como homeostase do colesterol (GO:0042632), homeostase lipídica (GO:0055088), processo metabólico do polissacarídeo (GO: 0005976), processo metabólico de carboidratos (GO:0005975), resposta celular a lipopolissacarídeo (GO:0071222) e processo metabólico de lipídios (GO:0006629). Tal gene atua como receptor para células b pancreáticas, visto que, essas células são necessárias para regulação da secreção de insulina (KEBEDE et al., 2014). Isso poderia explicar, por exemplo, sua posição nas GOs de homeostase de lipídio e colesterol. Além disso, o *SORCSI* tem relação com as sortilinas, que são expressas no metabolismo de lipoproteínas e possuem papel importante na via GLUT-4 (KANDROR, 2018).

Quando as vias de expressão de *SORCSI* foram analisadas, o gene foi visto na via do processo metabólico lipídico (GO:0006629) juntamente com o gene *SLMAP*, que se apresentou nas vias de resposta a estímulos mecânicos (GO:009612). O gene *SLMAP* tem sua expressão acentuada com o aumento nas concentrações de insulina, além de atuar como um transportador de *GLUT-4* na captação da glicose, necessária para a produção do glicerol-3-P. Ressalta-se que o glicerol-3-P é um importante componente para a formação do triacilglicerol (TAG), que é armazenado nos adipócitos e, portanto, atua diretamente na formação da gordura (FONSECA-ALANIZ et al., 2006). Ainda, o gene *EXT1* está envolvido em vias nos processos metabólicos de glicogênio (GO:0005977), polissacarídeos (GO:0005976), carboidratos (GO: 0005975) e polissacarídeo celular (GO:0044264). Este gene codifica a proteína exostosina glicosiltransferase 1 em humanos, regulando o *FGF2* e, consequentemente, o *FGF1*, que induz a proliferação de pré-adipócitos, além da expressão de genes relacionados à adipogênese (HUTLEY et al., 2011).

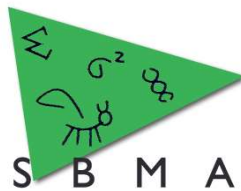


Tabela 1: Funções biológicas relevantes identificadas a partir da análise de anotação genica para a espessura da gordura da picanha em bovinos Nelore.

GO ¹	Term ¹	Genes ³	P-value ⁴
GO:0006360	Promotor da transcrição da RNA polimerase	<i>RAD51B</i>	9.18E-03
GO:0042632	Homeostase do colesterol	<i>SORCSI</i>	1.96E-02
GO:0055088	Homeostase lipídica	<i>SORCSI</i>	4.76E-02
GO:0009612	Resposta a estímulo mecânico	<i>SLMAP</i>	1.96E-02
GO:0005977	Processo metabólico do glicogênio	<i>EXT1</i>	3.62E-02
GO:0005976	Processo metabólico de polissacarídeo	<i>EXT1; SORCSI</i>	3.61E-03
GO:0005975	Processo metabólico de carboidratos	<i>EXT1; SORCSI</i>	2.89E-02
GO:0044264	Processo metabólico de polissacarídeo celular	<i>EXT1</i>	3.88E-02
GO:0071222	Resposta celular ao lipopolissacarídeo	<i>SORCSI</i>	4.76E-02
GO:0006629	Metabolismo lipídico	<i>SLMAP; SORCSI</i>	1.57E-02

¹ GO= ontológica genica ² Term – Termologia ³ Genes – Genes em cada GO ⁴ P-value – p5%

Conclusão

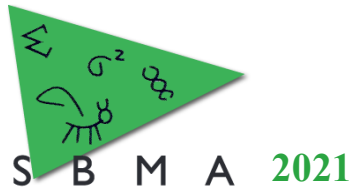
Foram revelados quatro novos genes candidatos (*SORCSI*, *SLMAP*, *EXT1* e *RAD51B*), que apresentam importante função para a formação da espessura de gordura na picanha, como o gene *SORCSI* que atua na ativação de outro gene (*GLUT-4*), e como o *RAD51B* que está diretamente relacionado a promoção da transcrição da RNA polimerase. Além disso, ressalta-se que os genes *SLMAP* e *EXT1* atuam de forma direta na constituição desta característica, devido sua atuação na formação lipídica. Tais genes revelaram funções biológicas envolvidas na formação da espessura de gordura na picanha em bovinos Nelore e, assim, podem auxiliar no entendimento dos processos moleculares envolvidos na formação de características relacionadas a qualidade de carne em bovinos de corte.

Agradecimentos

À Katayama Agropecuaria pelo fornecimento do banco de dados. Ao CNPq e CAPES pela concessão de bolsas e recursos para o desenvolvimento desta pesquisa.

Literatura citada

- FONSECA-ALANIZ, M.; TAKADA, J.; ALONSO-VALE, M. I. C.; BESSA LIMA, F. Tecido Adiposo e Regulação Metabólica. **Arquivos Brasileiros de Endocrinologia e Metabolismo**, v. 50, n. 2, p. 216–29, 2006.
- HUTLEY, L. J.; NEWELL, F. S.; KIM, Y. H.; et al. A putative role for endogenous FGF-2 in FGF-1 mediated differentiation of human preadipocytes. **Molecular and Cellular Endocrinology**, v. 339, n. 1–2, p. 165–171, 2011.
- KANDROR, K. V. The role of sortilin in the “Glut4 Pathway”. **Communicative & Integrative Biology**, v. 11, n. 1, p.e1393592, 2018.
- KEBEDE, M. A.; OLER, A. T.; GREGG, T.; et al. SORCS1 is necessary for normal insulin secretory granule biogenesis in metabolically stressed β cells. **Journal of Clinical Investigation**, v. 124, n. 10, p. 4240–4256, 2014.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D.; et al. Manual for BLUPF90 family of programs. **university of Georgia, Athens, USA**, p. 125, 2018.
- ZHAO, Y.; WANG, J.; CHEN, J.; et al. A Literature Review of Gene Function Prediction by Modeling Gene Ontology. **Frontiers in Genetics**, v. 11, n.4, 2020.



Ilhas de homozigose em sobreposição entre bovinos Brahman e Gir revelam histórico entre as populações

Henrique Alberto Mulim¹, Luiz Fernando Brito², Pamela Carla Machado³, Emanuéli de Fátima Pereira da Silva³, Rita Carolina Gaia³, Gabriele Ratke Morgan³, Leticia Sikorski Caldeira³, José Bento Sterman Ferraz⁴, Lais Grigoletto⁴, Marcio Ribeiro Silva⁵, Luís Fernando Batista Pinto¹, Victor Breno Pedrosa^{3*}

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

⁴Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, São Paulo, Brasil

⁵Melhore Animal e Katayama Agropecuária Ltda., Guararapes, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: vpedrosa@uepg.br

Resumo: Ilhas de homozigose se caracterizam pelo aumento das frequências de alelos em determinadas regiões do genoma e indicam eventos que podem estar relacionados a formação de uma população. Nosso objetivo nesse trabalho foi avaliar as corridas de homozigose entre duas populações de bovinos, Brahman e Gir, e o relacionamento entre elas através dos padrões de aparecimentos das ilhas de homozigose. Genótipos de 120 animais, 70 animais da raça Brahman e 50 animais da raça Gir, foram utilizados nas análises, utilizando o software PLINK v1.9 para a avaliação das corridas. Os locais com incidência de homozigose em pelo menos 50% mais um dos indivíduos das populações foram identificados como regiões em ilhas de homozigose, sendo tais separadas para análises funcionais através do pacote GALLO. Ao total, 10 ilhas foram encontradas sendo que oito delas em sobreposição entre as populações. Ainda, 863 genes foram identificados nas ilhas dos animais Brahman e 556 na população Gir, tendo como principal via metabólica influenciadas por tais ilhas a da melonogênese, responsável pela coloração e relacionada a adaptação ambiental dos animais. O padrão de aparecimento dessas ilhas indica possível transferência de regiões genômicas homozigóticas dos animais Gir para os animais Brahman no processo de formação da raça.

Palavras-chave: autozigose, corridas de homozigose, via da melonogênese.

Homozygous islands in overlapping between Brahman and Gyr cattle reveal history between populations

Abstract: Homozygous islands are characterized by the increase of allele frequency in certain genome regions and indicate the events related to population creation. Our goal in this study was to evaluate the runs of homozygosity between two bovine populations, Brahman and Gyr, and the relationship between them through the runs homozygosity island patterns. Genotypes from 120 animals, 70 Brahman animals and 50 Gyr animals, were used in the analyses, using the PLINK v1.9 software to the runs evaluate. The locals with the homozygous incidence in at least 50% plus one of the individuals on the populations were identified as homozygous island regions, being such separate to functional analysis through the GALLO packages. In total 10 islands were found being eight in overlapping between populations. Yet, 863 genes were identified in the animals from the Brahman population and 556 in the Gyr population, having the main metabolic pathway influenced by such island the melanogenesis pathway, responsible for skin color and related to the animals' environmental adaptability. The pattern of appearance of the island indicates a possible transfer from homozygous genomic regions from Gyr animals to Brahman in the process of breed creation.

Keywords: autozygous, melanogenesis pathway, runs of homozygosity.

Introdução

As corridas de homozigose (ROH) têm sido estudadas como uma forma de verificar e distinguir a história das populações e suas estruturas em diversas espécies. Dada a natureza aleatória dos eventos de recombinação, a ocorrência das ROH's é altamente heterogênea em todo o genoma, e os pontos de alta incidência de ROH's, em um grande número de amostras, pode ser indicativo de pressão seletiva

(Zavarez et al., 2015), sendo essas pressões estabelecidas conforme a especificidade da raça. Essas regiões com altas quantidades de homozigose podem ser definidas como ilhas de homozigose e se caracterizam pelo aumento das frequências de alelos em determinadas regiões como resposta a processos adaptativos ou eventos de seleção que podem estar relacionados a características de interesse zootécnico, ou ainda, possível homozigose provinda de outros rebanhos na formação de uma nova população. Nosso estudo teve como objetivo avaliar o genoma de duas populações de bovinos, Brahman (BRM) e Gir (GIR) de modo a observar as corridas de homozigose em cada população, bem como as possíveis ilhas de homozigose, e seu padrão de aparecimento, contrapondo tais resultados.

Material e Métodos

Genótipos de 120 animais provenientes da plataforma WIDDE foram utilizados durante o estudo, 70 animais da raça BRM e 50 animais da raça GIR. Para o controle de qualidade foi considerada a remoção de genótipos com call rate (>0.9), SNPs duplicados, não-autossomais ou sem posição definidas. Para a identificação das corridas de homozigose as análises foram realizadas pelo software PLINK v 1.9 (Purcell et al, 2007), seguindo os critérios de análises

- a- 1 SNP heterozigoto e 1 perdido foram permitidos;
- b- O threshold utilizado de 0.05;
- c- O gap entre SNPs consecutivos não pôde ser maior que 1000 kb;
- d- O tamanho mínimo de uma ROH de 500 kb;
- e- O número mínimo de SNPs consecutivos que formam uma ROH igual a 30;
- f- A densidade utilizada de 1 SNP a cada 50 kb;
- g- Utilizando uma janela de 50 SNPs.

Identificadas tais regiões, os locais com incidência de homozigose em pelo menos 50% mais um dos indivíduos das populações foram tidas como regiões em ilhas de homozigose, sendo tais separadas para análises funcionais através do pacote GALLO (Fonseca et al., 2020).

Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta as ilhas de homozigose nas populações BRM e GIR.

Tabela 1. Ilhas de homozigose encontradas nos diferentes cromossomos e regiões nas populações Brahman e Gir.

raça	n ROH	%	CHR	Início	Fim	comprimento	n SNP
BRM	36	51,43	1	78.237.770	84.586.062	6.348.292	58
BRM	36	51,43	5	105.576.062	117.735.828	12.159.766	171
BRM	39	55,71	8	56.051.150	63.444.254	7.393.104	58
BRM	36	51,43	16	44.071.454	58.289.347	14.217.893	146
BRM	39	55,71	19	42.110.400	46.627.006	4.516.606	74
GIR	31	62,00	1	80.333.027	84.911.107	4.578.080	80
GIR	46	92,00	5	110.192.579	116.240.339	6.047.760	110
GIR	30	60,00	14	21.914.329	26.212.648	4.298.319	56
GIR	26	52,00	16	45.727.235	52.149.496	6.422.261	111
GIR	31	62,00	19	42.054.880	46.678.246	4.623.366	82

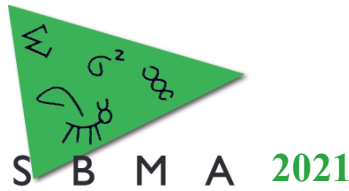
nROH: número de ROHs encontrada na posição;

%: porcentagem da população que apresenta a ROHs;

CHR: cromossomo;

n SNP: número de SNPs que a ilha abrange;

Ao todo, 863 genes foram encontrados nas ilhas em homozigose apresentadas pela população BRM e 556 na população Gir. Como pode ser observado em nossos resultados, das 10 ilhas apresentadas, oito se mostraram em sobreposição entre as populações. Observando o histórico de formação da



população BRM há um indicativo de que a raça GIR esteve envolvida nos cruzamentos que originaram a raça Brahma em tempos remotos (Koufariotis et al., 2018). Tal fato sugere que possivelmente essas ilhas possam ter sido mantidas ao longo das gerações e permaneceram na raça BRM mesmo após os cruzamentos com outras raças durante o processo de sua formação. Uma das principais vias relacionadas a essas ilhas é da melonogênese, influenciadas pelos genes encontrados nas ilhas do cromossomo 1 (*DVL3*), cromossomo 5 (*EP300*), cromossomo 8 (*CREB3* – somente para animais BRM), cromossomo 16 (*DVLI*), cromossomo 19 (*FZD2* e *WNT3*). Essa via é responsável por determinar o padrão de coloração dos animais característicos a cada raça mantendo o equilíbrio entre eumelanina marrom-preta e feomelanina amarelo-avermelhada (Kim et al., 2014), além de sua associação com a termorregulação animal, conferindo melhores adaptações a determinadas condições ambientais (Senczuk et al., 2020).

Conclusão

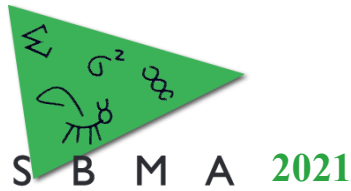
Foram encontradas ilhas de homozigose em sobreposição entre as populações de bovinos Brahman e Gir, com indicativo de que estas ilhas foram transferidas da raça Gir para a raça Brahman e mantidas após o processo de formação racial da população. Uma das vias a se apresentar em comum entre as ilhas foi a via da melonogênese responsável pelo padrão de coloração dos animais e associada a termorregulação.

Agradecimentos

A FAPESB, Fundação de Ampara à Pesquisa do Estado da Bahia, pela concessão da bolsa de estudos.

Literatura citada

- 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, 1–9.
- Kim S.H., Hwang S.Y., Yoon J.T. 2014. Microarray-Based Analysis of the Differential Expression of Melanin Synthesis Genes in Dark and Light-Muzzle Korean Cattle. **PLoS ONE**. 9, 1-9.
- Koufariotis L., Hayes B.J., Kelly M., Burns B.M., Lyons R., Stothard P., Chamberlain A.J., Moore S. 2018. Sequencing the mosaic genome of Brahman cattle identifies historic and recent introgression including polled. **Scientific Reports**. 8, 1-12.
- Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A.R., Bender D., Maller J., Sklar P., De Bakker P.I.W., Daly M.J., Sham P.C. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**. 81, 559–575.
- Senczuk G., Guerra L., Mastrangelo S., Campobasso C., Zoubeyda K., Imane M., Marletta D., Kusza S., Karsli T., Gaouar S., Pilla F., Ciani E. 2020. Fifteen Shades of Grey: Combined Analysis of Genome-Wide SNP Data in Steppe and Mediterranean Grey Cattle Sheds New Light on the Molecular Basis of Coat Color. **Genes**. 11, 1-16.
- Zavarez L.B., Utsunomiya Y.T., Carmo A.S., Neves H.H.R., Carvalheiro R., Ferencakovic M., Pérez O'Brien A.M., Curik I., Cole J.B., Van Tassell C.P., da Silva M.V.G.B., Sonstegard T.S., Solkner J., Garcia J.F. 2015. Assessment of autozygosity in Nellore cows (*Bos indicus*) through high-density SNP genotypes. **Frontiers in Genetics**. 6, 1-9.



Análise de corridas de homozigose em diferentes populações de bovinos

Henrique Alberto Mulim¹, Luiz Fernando Brito², Pamela Carla Machado³, Emanuelli de Fátima Pereira da Silva³, Rita Carolina Gaia³, Gabriele Ratke Morgan³, Leticia Sikorski Caldeira³, José Bento Sterman Ferraz⁴, Lais Grigoletto⁴, Marcio Ribeiro Silva⁵, Luís Fernando Batista Pinto¹, Victor Breno Pedrosa^{3*}

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

⁴Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, São Paulo, Brasil

⁵Melhore Animal e Katayama Agropecuária Ltda., Guararapes, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: vpedrosa@uepg.br

Resumo: Um dos principais aspectos estudados no âmbito da genética populacional é a verificação da possível diversidade existente entre espécies, raças e rebanhos e como a homozigose afeta tal diversidade. Nosso objetivo foi investigar a estrutura populacional de 16 populações bovinas de 15 diferentes raças puras ou compostas, verificando a existência de regiões em homozigotes e compará-las com a finalidade de observar as divergências e/ou semelhanças genéticas existentes. Para tanto, genótipos de 2.415 animais provenientes de quatro diferentes bases de dados foram utilizados nas análises de corridas de homozigose, realizadas por meio do software PLINK v1.9. Ao total, 24.187 corridas de homozigose foram encontradas, sendo a maioria classificadas como de tamanho entre 2-4MB. A população que apresentou a maior quantidade de corridas de homozigose foi a Senepol com 4.198 corridas. Ao contrário, a população que apresentou a menor quantidade de corridas (184) foi a Nelore, genotipada com painel de 35K. Relacionando o tamanho das corridas com o tempo de formação nota-se que essas foram formadas em gerações mais antigas. A distribuição e padrão de aparecimento de corridas de homozigose foi característico de cada população e evidencia diferentes eventos atuando nas diferentes populações ao longo do tempo.

Palavras-chave: autozigose, estrutura populacional, diversidade genética.

Runs of Homozygosity analyses in different bovine cattle populations

Abstract: One of the main aspects of genetic population studies is the possible diversity between species, breeds, and herds and how homozygosity affects such diversity. Our goal was to investigate the populational structure of 16 cattle populations from 15 different pure breeds or composites, checking homozygous regions' existence and comparing them with the finality to observe the genetic divergence and existent resemblance. Therefore, 2,415 animals' genotypes provided for four different databases were used in runs of homozygosity analyses, performed through PLINK v1.9 software. In total, 24,187 runs of homozygosity were identified, being the majority classified with the length as 2-4MB. The population to show the higher number of runs or homozygosity was the Senepol with 4.198 runs. In opposite, the population to shown the smallest number of runs (184) was the Nelore, genotyped with 35K panel. Relating the length of runs with the time that was created, it is noted that had been created in ancient generations. The distribution and pattern of runs of homozygosity were characteristic of each population and evidencing the different events that act on the different populations over time.

Keywords: autozygosity, genetic diversity, population structure.

Introdução

Um grande número de raças é definido por diferenças fenotípicas e, portanto, constituem modelos valiosos para estudar a evolução do genoma em resposta a processos como seleção e domesticação (Mastrangelo et al., 2018). Essas diferenças fenotípicas são respostas, ao longo das gerações, de processos que levaram a espécies a apresentar algumas especificidades produtivas, melhor caracterizando-as. Com o avanço tecnológicos aplicados a biologia molecular tornou-se possível avaliar profundamente o genoma e como os processos moleculares influenciam na diversidade genética dentro de cada população. Sabe-se que a seleção constante para uma característica pode levar a uma redução da variabilidade ao redor das

regiões genômicas associadas a essas (Marchesi et al., 2018), levando a uma concentração de alelos homocigóticos ao redor dessas regiões. Um dos efeitos dessas concentrações é surgimento das corridas em homocigose (ROH). AS ROH's são definidas como comprimentos contínuos de genótipos em homocigose que estão presentes um animal devido aos progenitores transmitirem haplótipos idênticos aos seus descendentes (Purfield et al., 2012). Objetivo desse estudo foi caracterizar as corridas de homocigose em 16 rebanhos bovinos, identificando seu comprimento nas diferentes populações analisadas e identificar a diversidade genética existente em algumas das principais raças de bovinos utilizadas no mundo.

Material e Métodos

Para o estudo proposto, 2.415 genótipos de 16 rebanhos bovinos foram utilizados durante as análises. Os dados foram provenientes de quatro bases de dados distintas: Purdue University – com dados dos animais cruzados Angus x Simental (*ANGSIM* - 487), Pecuária Katayama – com dados dos animais Nelore (*NEL50* – 192, *NEL35* – 209), Universidade de São Paulo – com dados dos animais da raça composta Montana (*MON* – 271), e da plataforma WIDDE (<http://widde.toulouse.inra.fr/widde/>) fornecendo os dados das raças Angus (*ANG* - 99), Borgou (*BOR* – 158), Brahman (*BRM* – 70), Criolo de Guadalupe (*CGU* – 140), Charolês (*CHL* – 62), Gir (*GIR* – 50), Hereford (*HFD* – 61), Holandês (*HOL* – 137), Jersey (*JER* – 84), Limousin (*LMS* – 87), Senepol (*SEN* – 153) e Santa Gertrudis (*STG* – 55). Para o controle de qualidade foi considerada a remoção de genótipos com call rate (>0.9), SNPs duplicados, não-autossomais ou sem posição definidas. Para a identificação das corridas de homocigose as análises foram realizadas pelo software PLINK v 1.9 (Purcell et al. 2007), seguindo os seguintes critérios de análises: 1 SNP heterocigoto e 1 perdido foram permitidos; O threshold utilizado de 0.05; O gap entre SNPs consecutivos não pôde ser maior que 1000 kb; O tamanho mínimo de uma ROH de 500 kb; O número mínimo de SNPs consecutivos que formam uma ROH igual a 30; A densidade utilizada de 1 SNP a cada 50 kb; Utilizando uma janela de 50 SNPs.

Resultados e Discussão

Nosso trabalho propôs avaliar 16 populações de bovinos de diferentes aptidões, os quais puderam ser comparados visto que os mesmos parâmetros de análise foram adotados quanto a homocigose. As corridas de homocigose em cada população são apresentadas na Figura 1.

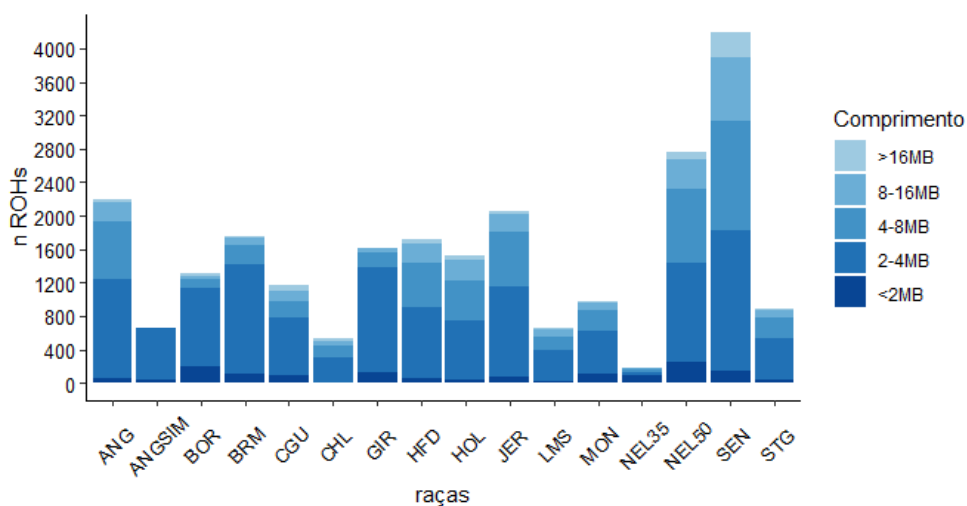
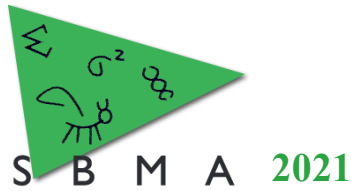


Figura 1. Classificação de corridas de homocigose em diferentes populações de bovinos

Ao total, 24.187 ROHs foram identificadas distribuídas sobre o genoma autossomal das populações. Observa-se que a grande maioria das ROHs foram classificadas como de 2-4MB representando 55% de todas as ROHs encontradas. Somente 14% das ROHs apresentara-se como maiores que 8MB e, dessas, 24% apresentaram-se maiores que 16MB. O grupo que apresentou maiores



quantidades de ROHs foram os animais da raça SEN, com 4.198 ROHs distribuídas sobre o genoma autossomal. Por outro lado, o grupo a apresentar a menor quantidade de ROH (184) foram os animais pertencentes a raça NEL35. Observa-se que a maioria de ROHs foram definidas como de 2-4MB. Levando em consideração que os eventos de recombinação que ocorrem a cada geração quebram os segmentos homozigóticos em menores porções, podemos inferir que as corridas aqui encontradas foram formadas em gerações mais antigas, devido ao comprimento observado. Alguns autores correlacionaram em seus trabalhos os comprimentos das corridas de homozigose com as gerações as quais essas foram formadas. Como exemplo, Howrigan, Simonson e Keller (2011) estimaram por dados simulados que comprimentos de ROHs de 10MB, 5MB e 2,5MB estariam correlacionados a 5, 10 e 20 gerações, respectivamente. Ou ainda, Cardoso et al. (2020) trabalhando com populações de Angus, estimou que os comprimentos de ROHs maiores que 16MB se formaram há menos de 3 gerações e que ROHs menores de 8MB há mais que 6 gerações. Um dos grandes desafios em administrar a diversidade genética de populações é saber justamente as regiões do genoma que estão em homozigose, uma vez que essa é altamente heterogênea no genoma. Essa administração e caracterização da estrutura genética das populações é essencial para o acesso a diversidade e entendimento das ações do tempo sobre tal, bem como na utilização em programas de conservação e ainda para o bom controle de programas de melhoramento genético animal.

Conclusão

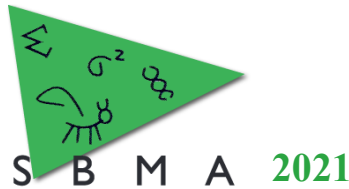
O número e a concentração de corridas de homozigose foram característicos de cada população sugerindo que diferentes eventos atuaram nas diferentes populações ao longo do tempo. Os animais a apresentarem a maior quantidade de corridas foram os animais da população Senepol e a menor quantidade os animais da raça Nelore genotipados com painéis de 35K. De modo geral, para grande parte das populações, as corridas de homozigose foram classificadas como de 2-4MB sugerindo que estas foram formadas em gerações mais antigas, sendo transmitidas ao longo das gerações.

Agradecimentos

A Katayama Pecuária Ltda., Universidade de São Paulo e Purdue University pelo fornecimento dos bancos de dados. A FAPESB, Fundação de Ampara à Pesquisa do Estado da Bahia, pela concessão da bolsa de estudos.

Literatura citada

- Cardoso D.F., Fernandes Júnior G.A., Scalez D.C.B., Alves A.A.C., Magalhães A.F.B., Bresolin T., Ventura R.V., Li C., de Sena Oliveira M.C., Porto-Neto L.R., Carvalheiro R., de Oliveira H.N., Tonhati H., Albuquerque L.G. 2020. Uncovering Sub-Structure and Genomic Profiles in Across-Countries Subpopulations of Angus Cattle. **Scientific Reports**, 10, 1-11.
- Howrigan D.P., Simonson M.A., Keller M.C. 2011. Detecting autozygosity through runs of homozygosity: A comparison of three autozygosity detection algorithms. **BMC Genomics**, 12, 1-15.
- Marchesi J.A.P., Buzanskas M.E., Cantão M.E., Ibelli A.M.G., Peixoto J.O., Joaquim L.B., Moreira G.C.M., Godoy T.F., Sbardella A.P., Figueiredo E.A.P., Coutinho L., Munari D.P., Ledur M.C. 2018 Relationship of runs of homozygosity with adaptive and production traits in a paternal broiler line. **Animal**, 12, 1126–1134.
- Mastrangelo S., Sardina M.T., Tolone M., Di Gerlando R., Sutera A.M., Fontanesi L., Portolano B. 2018 Genome-wide identification of runs of homozygosity islands and associated genes in local dairy cattle breeds. **Animal**, 12, 2480–2488.
- Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A.R., Bender D., Maller J., Sklar P., De Bakker P.I.W., Daly M.J., Sham P.C. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**, 81, 559–575.
- Purfield D.C., Berry D.P., McParland S., Bradley D.G. 2012. Runs of homozygosity and population history in cattle. **BMC Genetics**, 13, 1-11.



***HSD17B2* e *Serpinas* são genes candidatos para idade ao primeiro parto na raça Nelore**

Luís Fernando Batista Pinto^{1*}, Miguel Angel Carabantes Dubon¹, Fabieli Loise Braga Feitosa¹, Raphael Bernal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹, Marcio Ribeiro Silva², Victor Breno Pedrosa³

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Melhor Animal e Agropecuária Katayama Ltda, Guararapes, SP, Brasil

³Departamento de Zootecnia - UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: A idade ao primeiro parto (IPP) tem grande impacto econômico no sistema de bovinos de corte, mas sua herdabilidade é baixa. Assim, um estudo de associação genômica ampla (GWAS) foi realizado com 8.376 registros de IPP e 3.239 animais genotipados com o GGP-Indicus 35K. Após o controle de qualidade dos genótipos, 3.239 (2.161 machos e 1.078 fêmeas) animais genotipados para 30.519 SNPs foram usados na análise de GWAS. Foi utilizado o método WssGBLUP, com variantes adjacentes em janelas genômicas de 1,0 Mb. A média e o desvio padrão da IPP foram 1.041,7 e 140,6 dias, respectivamente. A estimativa de herdabilidade foi $0,10 \pm 0,02$. A análise GWAS encontrou regiões genômicas no BTA18 e BTA21, que explicaram um total de 5,02% da variância genética aditiva de IPP. Nessas regiões foram encontrados 21 genes que codificam proteínas, dentre os quais estão os genes *HSD17B2*, *SERPINA1*, *SERPINA5* e *SERPINA14* que são potenciais novos genes candidatos para IPP na raça Nelore. O uso de um painel de variantes desenvolvido para *Bos taurus indicus* permitiu encontrar regiões genômicas para AFC, que estão próximas de QTLs previamente reportados para outras características relacionadas à reprodução. Estudos futuros podem identificar variantes causais e seus efeitos sobre precocidade reprodutiva na raça Nelore.

Palavras-chave: fertilidade, precocidade, reprodução, vacas

***HSD17B2* and *Serpin* are candidate genes for age at first calving in Nelore cattle**

Abstract: The age at first calving (AFC) has a great economic impact on the beef cattle production system, but it has a small heritability. Thus, a genome-wide association study (GWAS) was carried out with 8,376 records of AFC and 3,239 animals genotyped with the GGP-Indicus 35K. After quality control, 3,239 (2,161 males and 1,078 females) animals genotyped for 30,519 SNPs were used in GWAS analysis. The WssGBLUP method was used, with adjacent variants in genomic windows of 1.0 Mb. The average and standard deviation for AFC were 1041.7 and 140.6 days, respectively. The estimate of heritability was 0.10 ± 0.02 . The GWAS analysis found two genomic regions in BTA18 and BTA21, which explained 5.02% of the additive genetic variance of AFC. In these regions were found 21 protein coding genes, and the *HSD17B2*, *SERPINA1*, *SERPINA5*, and *SERPINA14* are possible candidate genes for AFC. The use of a SNP chip developed especially for *Bos taurus indicus* allowed to find genomic regions for AFC, which are close to QTLs previously reported for other reproduction-related traits. Future studies can reveal the causal variants and their effects on reproductive precocity of Nelore cows.

Keywords: cow, fertility, precocity, reproduction

Introdução

Algumas análises GWAS na raça Nelore identificaram variantes relacionadas com IPP (Costa *et al.*, 2015), mas a variância genética aditiva não foi totalmente explicada por esses estudos. Assim, novas populações e abordagens de análise podem revelar novas regiões genômicas associadas à IPP nesta raça. Além disso, testar um painel de marcadores desenvolvido para *Bos taurus indicus* pode revelar novos conhecimentos sobre o controle genético de IPP em zebuínos. Portanto, o objetivo deste estudo foi realizar a primeira análise de GWAS para IPP em bovinos da raça Nelore com um painel de marcadores desenvolvido para zebuínos em uma população Nelore diferente da utilizada em estudos anteriores.

Material e Métodos

Foi utilizado um banco de dados da agropecuária Katayama, cujas fazendas expõe as novilhas aos touros pela primeira vez por volta dos 14 meses de idade e a segunda vez por volta dos 24 meses. Foram analisados 8.376 registros de IPP de vacas nascidas entre 1990 e 2017 e criadas a pasto, recebendo suplementação mineral *ad libitum* durante a estação seca. O arquivo de pedigree utilizado continha 47.013 animais, abrangendo até três gerações de controle de pedigree. Destes, 3.239 animais foram genotipados usando o painel SNP GGP-Indicus 35K (Neogen Company, Lansing, EUA), que contém 35.237 variantes.

O pacote PREGSF90 da família BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2015) foi utilizado para realizar o controle de qualidade dos genótipos, que consistiu em excluir das análises as variantes com $MAF < 5\%$ e com desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg ($P < 10^{-5}$). Além disso, variantes e animais com *call rate* $< 90\%$ também foram excluídos. Apenas SNPs nos autossomos foram usados nas análises GWAS. Após este controle de qualidade, 3.239 animais (2.161 machos e 1.078 fêmeas), genotipados com 30.519 SNPs, permaneceram na análise. Todas as 1.078 fêmeas genotipadas também tinham registro de IPP.

Para o controle dos dados fenotípicos foi utilizado um modelo $y_{ij} = \mu + GC_i + \varepsilon_{ij}$, onde: y_{ij} é o registro de IPP, μ é a média geral de IPP, GC_i é o efeito fixo de grupo contemporâneo e ε_{ij} é o componente residual para o qual se assume $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$. Os grupos de contemporâneos foram formados com os efeitos de fazenda, ano e estação (seca e chuva) em que IPP foi mensurada. Grupos de contemporâneos com menos de três animais e valores fenotípicos fora da faixa de ± 3 desvios padrão foram excluídos das análises de associação.

O método WssGBLUP foi usado na análise GWAS, utilizando os pacotes da família BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2015) como segue: PREGSF90 foi usado para obter H^{-1} ; em seguida o programa BLUPF90 foi utilizado para resolver as equações do modelo misto, onde os componentes de (co)variância foram estimados por meio de máxima verossimilhança restrita usando o algoritmo EM; finalmente, o programa POSTGSF90 foi usado para estimar os efeitos de variantes adjacentes em janelas genômicas de 1,0 Mb. Janelas que explicaram mais de 1,5% da variância genética aditiva (VA) foram analisadas para identificar genes candidatos, via informações das plataformas NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) e Ensembl (<https://www.ensembl.org/index.html>).

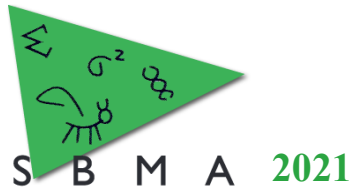
Resultados e Discussão

A média de IPP foi 1.041,7 dias com desvio padrão de 140,6 dias e valores variando de 621 a 1400 dias. A estimativa de herdabilidade foi de $0,10 \pm 0,02$. Além disso, janelas genômicas no BTA18 e BTA21 explicaram conjuntamente 5,02% da VA e contém 21 genes que codificam proteínas (Tabela 1). Na janela do BTA18 encontra o gene *HSD17B2*, que codifica uma enzima que catalisa a reação entre estrona (E1) e estradiol (E2). A redução do efeito do estradiol promove a puberdade precoce em bovinos, sendo essa regulação endócrina mais tardia em zebuínos do que taurinos (Rodrigues *et al.*, 2002). Ressalta-se que esta janela está na mesma região onde foram mapeados QTLs para taxa de concepção em bovinos (Parker-Gaddis *et al.*, 2016).

Tabela 1. Janelas genômicas que explicaram $>1,5\%$ da variância genética aditiva (VA%) de idade ao primeiro parto na raça Nelore

BTA	Quantidade de variantes	Posições inicial e final	VA%	Genes que codificam proteínas
18	16	8057350 8998865	3,31	<i>SDR42E1, CMIP, HSD17B2, MPHOSPH6, PLCG2</i>
21	16	58862997 59749910	1,71	<i>SERPINA1, SERPINA3, SERPINA3-1, SERPINA3-3, SERPINA3-7, SERPINA3-7-like, SERPINA3-8, SERPINA4, SERPINA5, SERPINA6, SERPINA10, SERPINA11, SERPINA12, SERPINA14, GSC, PPP4R4</i>

Na janela do BTA21 foram encontrados 14 genes que codificam Serpinas, uma superfamília de proteínas inibidoras de proteases. A redução da expressão de *SERPINA14* pode aumentar as lesões de



placenta e endométrio e essa expressão no útero de novilhas apresentou correlação negativa com a expressão das citocinas Th1 e Th2 (Serrano-Pérez *et al.*, 2018), as quais são conhecidas por inibir e promover a fertilidade, respectivamente. Outro gene candidato nessa janela é a *SERPINA1*, cuja expressão foi 30% menor no fluido folicular de vacas com baixa fertilidade se comparada a vacas com fertilidade normal e pode estar relacionada com o crescimento folicular (Zachut *et al.*, 2016). A *SERPINA5* teve maior expressão em folículos normais de vacas do que em folículos atresícos (Hayashi *et al.*, 2011), o que a torna um gene candidato para fertilidade em bovinos. Prévios estudos com a raça Nelore também encontraram efeitos importantes de variantes no BTA21 para IPP, porém na região de 64,3 Mb (Costa *et al.*, 2015). Além disso, QTLs para prenhez precoce de novilhas Nelore foram mapeados entre 61,9 e 62,5 Mb do BTA21 (Irano *et al.*, 2017), indicando que essa região do BTA21 pode conter um QTL com efeito sobre múltiplas variáveis ligadas à reprodução em bovinos Nelore.

Conclusão

Janelas genômicas entre 8-9 Mb do BTA18 e 58,9-59,8 Mb do BTA21 podem conter importantes variantes ligadas a fertilidade de novilhas Nelore com consequente impacto sobre a idade ao primeiro parto, sendo recomendado seu sequenciamento para identificar possíveis variantes causais. Nestas regiões existem 21 genes que codificam proteínas e destacam-se como candidatos os genes *HSD17B2*, *SERPINA1*, *SERPINA5* e *SERPINA14*.

Agradecimentos

Agradecemos ao CNPq pela concessão da bolsa de mestrado ao discente M.A.C. Dubon, bem como a CAPES pela bolsa de produtividade dos docentes R.B. Costa, G.M.F. de Camargo, V.B. Pedrosa e L.F.B. Pinto, além da bolsa PNPd de F.L.B. Feitosa.

Literatura citada

- Costa R.B., Camargo G.M., Diaz I.D., Irano N., Dias M.M., Carneiro R., Boligon A.A., Baldi F., Oliveira H.N., Tonhati H., & Albuquerque L.G. 2015. Genome-wide association study of reproductive traits in Nellore heifers using Bayesian inference. **Genetics Selection Evolution**, 47(1), 67.
- Hayashi K.G., Ushizawa K., Hosoe M., & Takahashi T. 2011. Differential gene expression of serine protease inhibitors in bovine ovarian follicle: possible involvement in follicular growth and atresia. **Reproductive Biology and Endocrinology**, 9, 72.
- Irano N., de Camargo G.M., Costa R.B., Terakado A.P., Magalhães A.F., Silva R.M., Dias M.M., Bignardi A.B., Baldi F., Carneiro R., de Oliveira H.N., & de Albuquerque L.G. 2016. Genome-wide association study for indicator traits of sexual precocity in Nellore cattle. **PLoS One**, 11(8), e0159502.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., & Vitezica Z. 2015. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, USA, 125p.
- Parker-Gaddis K.L., Null D.J., & Cole J.B. 2016. Explorations in genome-wide association studies and network analyses with dairy cattle fertility traits. **Journal of Dairy Science**, 99(8), 6420-6435.
- Rodrigues H.D., Kinder J.E., & Fitzpatrick L.A. 2002. Estradiol regulation of luteinizing hormone secretion in heifers of two breed types that reach puberty at different ages. **Biology of Reproduction**, 66(3), 603-609.
- Serrano-Pérez B., Almería S., Mur-Novales R., López-Helguera I., Garcia-Ispierto I., Alabart J.L., Darwich L., & López-Gatius F. 2018. Uterine serpin (SERPINA 14) correlates negatively with cytokine production at the foetal-maternal interface but not in the corpus luteum in pregnant dairy heifers experimentally infected with *Neospora caninum*. **Reproduction in Domestic Animals**, 53(2), 556-558.
- Zachut, M., Sood, P., Levin, Y., & Moallem, U. 2016. Proteomic analysis of preovulatory follicular fluid reveals differentially abundant proteins in less fertile dairy cows. **Journal of Proteomics**, 139, 122-129.



Ilha de homozigose em populações de bovinos Senepol comprova a existência de gene associado a resistência ao estresse térmico

Emanueli de Fátima Pereira da Silva¹, Henrique Alberto Mulim², Luiz F. Brito³, Rita Carolina Gaia¹, Gabriele Ratke Morgan¹, Leticia Sikorski Caldeira¹, Pamela Carla Machado¹, Luís Fernando Batista Pinto², Victor Breno Pedrosa^{1*}

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

*Autor correspondente: vbpedrosa@uepg.br

Resumo: As ilhas de homozigose ocorrem, dentre outros fatores, em resposta a alta intensidade de seleção, sendo que dentro dessas ilhas pode haver genes que estejam envolvidos em processos que afetam a produção dos animais de interesse zootécnico. O objetivo deste estudo foi identificar ilhas de homozigose em populações de bovinos da raça Senepol por meio de análises de corridas de homozigose. Foram utilizados dados genotípicos de 153 bovinos da raça Senepol, genotipados com painéis de 50K provenientes da plataforma WIDDE. As corridas de homozigose foram identificadas pelo software PLINK v 1.9, em que foram consideradas como regiões com ilhas de homozigose aquelas que apresentaram a incidência das ROHs em mais de 50% dos indivíduos das populações estudadas. Foi encontrada uma concentração de corridas no cromossomo 20, próximo a região 40Mb, responsável pela expressão de 51 genes. Do total de genes, foi identificado o gene *SLICK*, com ação em diferentes vias do metabolismo de mamíferos, incluindo o crescimento do pelame, relacionado a termorregulação em situações de estresse térmico. Uma ilha de homozigose foi identificada no cromossomo 20 dos animais da raça Senepol, associada ao gene *SLICK* responsável pela manutenção da homeostase durante o estresse térmico. Tal fato confirma a existência de um processo intenso de seleção nesta raça, voltado para a resistência ao estresse calórico em bovinos de corte.

Palavras-chave: bovino de corte, corrida de homozigose, frequência alélica, homeostase.

Homozygosity Island in Senepol cattle populations proves the existence of a gene associated with resistance to heat stress

Abstract: Homozygous islands occur, among other factors, in response to high selection intensity, and within these islands there may be genes that are involved in processes that affect the production of animals of zootechnical interest. The aim of this study was to identify homozygous islands in Senepol cattle populations through homozygosity analysis. Genotypic data from 153 Senepol cattle, genotyped with 50K panels from the WIDDE platform, were used. Runs of Homozygosity were identified by the PLINK v 1.9 software, in which regions with islands of homozygosity were considered to be those that presented the incidence of ROHs in more than 50% of the individuals in the populations studied. A concentration of runs was found on chromosome 20, close to the 40Mb region, responsible for the expression of 51 genes. From the total number of genes, the *SLICK* gene was identified, acting in different pathways of mammalian metabolism, including hair growth, related to thermoregulation in situations of heat stress. An island of homozygosity was identified on chromosome 20 of animals of the Senepol breed, associated with the *SLICK* gene responsible for maintaining homeostasis during heat stress. This fact confirms the existence of an intense selection process in this breed, aimed at resistance to heat stress in beef cattle.

Keywords: allele frequency, beef cattle, homeostasis, runs of homozygosity.

Introdução

Ilhas de homozigose se caracterizam como regiões do genoma com alta frequência alélica homozigota, que ocorre em resposta a seleção intensa de características, ou processos de adaptação da população a condições específicas (Purfield et al., 2012). Os métodos de análise como as de corridas de homozigose (ROH), permitem a identificação de tais ilhas e, conseqüentemente, podem levar a associação de genes envolvidos em processos relacionados a produtividade e adaptabilidade de animais de interesse

zootécnico (Rebelato et al., 2018). Sendo assim o objetivo do estudo foi identificar ilhas de homozigose em populações de bovinos da raça Senepol, através das análises de ROHs, verificando os genes presentes nestas regiões e seus efeitos.

Material e Métodos

Para o estudo proposto, dados genotípicos de 153 bovinos da raça Senepol foram utilizados durante as análises, genotipados com painéis 50K provenientes da plataforma WIDDE (<http://widde.toulouse.inra.fr/widde/>). Na análise de consistência, a limpeza dos dados constituiu para as edições para call rate (>0.9), SNPs duplicados, não-autossomais ou sem posição definidas. Tal limpeza para garantir que nenhum outro fator além dos parâmetros escolhidos interferisse na detecção das corridas. Ao final, 50.864 marcadores foram utilizados na detecção das corridas de homozigose (ROHs). Para a identificação das ROHs as análises foram realizadas pelo software PLINK v 1.9 (Purcell et al. 2007), seguindo os seguintes critérios de análises:

- a- 1 SNP heterozigoto e 1 perdido foram permitidos;
- b- O threshold utilizado de 0.05;
- c- O gap entre SNPs consecutivos não pôde ser maior que 1000 kb;
- d- O tamanho mínimo de uma ROH de 500 kb;
- e- O número mínimo de SNPs consecutivos que formam uma ROH igual a 30;
- f- A densidade utilizada de 1 SNP a cada 50 kb;
- g- Utilizando uma janela de 50 SNPs.

Identificadas tais corridas, foram consideradas como regiões com ilhas de homozigose aquelas que apresentaram a incidência das ROHs em mais de 50% dos indivíduos das populações analisadas, destacando tais regiões para posterior análises funcionais através do pacote GALLO (Fonseca et al., 2020).

Resultados e Discussão

Ao todo, as análises identificaram 4.198 ROHs distribuídas sobre o genoma autossomal dos bovinos da raça Senepol. Pôde-se observar uma concentração de ROH's no cromossomo 20, próximo a região 40 Mb, como demonstrado na Figura 1.

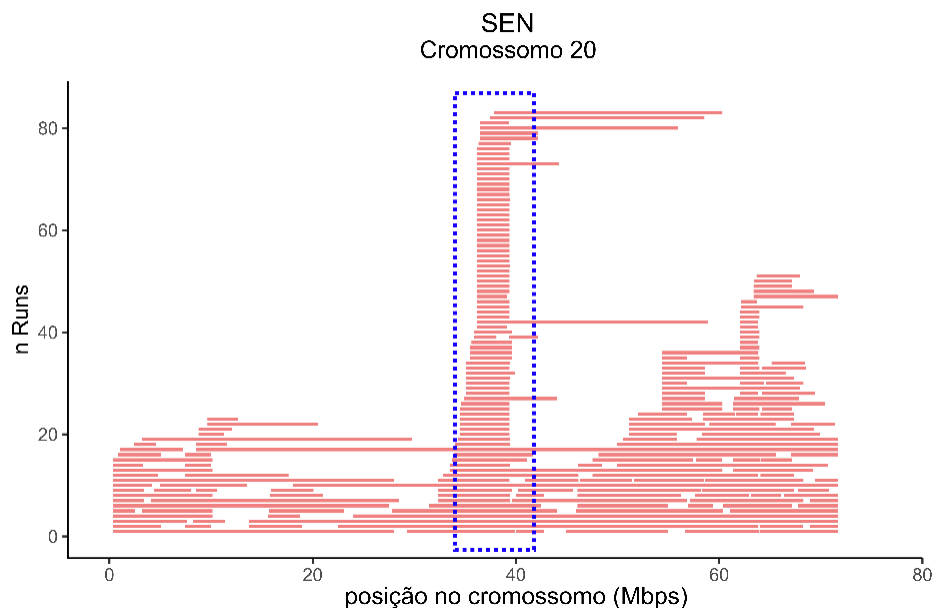
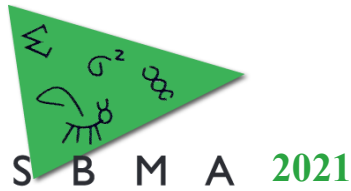


Figura 1. Concentração de corridas de homozigose no cromossomo 20 dos animais da raça Senepol.



O gene *PRLR* (receptor de prolactina) ou também conhecido como gene *SLICK*, se encontra associado a essa via. Esse gene está relacionado a resistência ao estresse térmico dos animais e concede aos animais um curto pelo que auxilia na adaptação da homeostase as condições com temperaturas mais elevadas (Hay; Roberts, 2018). A capacidade de manter a homeostase da temperatura corporal durante o estresse térmico é um atributo de suma importância em bovinos visto que esta é responsável indireta por oscilações de produtividade, desenvolvimento e reprodução dos rebanhos comerciais, principalmente em regiões tropicais. Estas variações na produtividade ocorrem devido a ativação de mecanismos fisiológicos que ocasionam redução na ingestão de alimentos e redistribuição do fluxo sanguíneo. O estresse térmico pode ocasionar problemas na saúde dos animais, pois quando há elevação na temperatura corporal ocorrem modificações nas funções celulares, sendo que em casos de extremo estresse calórico o animal pode vir a óbito (Hansen 2020). Assim, estudos que considerem a seleção de animais que possuam metabolismo adaptado a situações de estresse térmico são relevantes para um melhor controle do processo de seleção para características de interesse econômico e que podem ser significativamente influenciadas por fatores ambientais extremamente adversos. A presença de genes relacionados a resistência ao estresse térmico sobre ilhas de homozigose é positiva do ponto de vista seletivo, demonstrando que genes como o *SLICK* estão em intenso processo de seleção ao longo das gerações de bovinos Senepol, o que lhes confere um diferencial de adaptação ambiental.

Conclusão

Uma ilha de homozigose foi identificada no cromossomo 20 dos animais da raça Senepol, associada ao gene *SLICK* responsável pela manutenção da homeostase durante o estresse térmico. Tal fato confirma a existência de um processo intenso de seleção nesta raça, voltado para a resistência ao estresse calórico em bovinos de corte.

Agradecimentos

A Fapesb, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia, pela concessão da bolsa de estudos bolsa e ao grupo de estudo LeMa – Laboratório de Estudos em Melhoramento Animal, por todo apoio.

Literatura citada

- Fonseca P. A. S., Suárez-Veja A., Marras G., Cánovas A. 2020. GALLO: An R package for genomic annotation and integration of multiple data sources in livestock for positional candidate loci. **GigaScience**, 9, 1–9.
- Hansen P. J. 2020. Prospects for gene introgression or gene editing as a strategy for reduction of the impact of heat stress on production and reproduction in cattle. **Theriogenology**, 154.
- Hay E. H., Roberts A. 2018. Genome-wide association study for carcass traits in a composite beef cattle breed. **Livestock Science**, 213, 35–43.
- Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.R.M, Bender D., Maller J., Sklar P., Paul I. W. de Bakker P.I.W., Daly M. J., Sham P.C. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**, 81, 559–575.
- Purfield D.C., Berry D.P., McParland S., Bradley D.G. 2012. Runs of homozygosity and population history in cattle. **BMC Genetics**, 13, 1-11.
- Rebelato, A.B., Caetano A.R. 2018. Runs of homozygosity for autozygosity estimation and genomic analysis in production animals. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 53, 975–984.



Análise de enriquecimento de ontologia genética do gene *ELOVL5* associado à precocidade em bovinos Nelore

Emanuéli de Fátima Pereira da Silva¹, Pamela Carla Machado¹, Rafaela Martins¹, Luiz F. Brito², Rita Carolina Gaia¹, Gabriele Ratke Morgan¹, Leticia Sikorski Caldeira¹, Henrique Alberto Mulim³, Luís Fernando Batista Pinto³, Marcio Ribeiro Silva⁴, Victor Breno Pedrosa^{1*}

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

³Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

⁴Agropecuária Katayama, Guararapes, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: vbpedrosa@uepg.br

Resumo: A precocidade de acabamento é uma das principais características de interesse econômico mensuradas por escore visual em bovinos de corte. O objetivo do presente trabalho foi investigar o gene *ELOVL5* e analisar as vias associadas a precocidade de acabamento em bovinos Nelore. Foram utilizados dados de precocidade mensuradas por escore visual ao sobreano, de 20.807 animais nascidos entre 2009 e 2018. Do total de animais, 2.775 foram genotipados com chips de 35k marcadores SNP, todos pertencentes aos rebanhos da Agropecuária Katayama. As análises foram processadas por meio do programa da família BLUPF90 e os genes candidatos identificados por meio da plataforma Ensembl. Adicionalmente, utilizou-se o programa PANTHER para identificação das vias biológicas associadas aos genes de interesse. O gene *ELOVL5* foi associado a processos biológicos envolvidos no metabolismo lipídico. Esse gene participa ativamente na codificação de enzimas que atuam no alongamento de ácidos graxos de cadeia longa, e síntese de ácidos como o palmítico e palmitoléico, entre outros, que estão envolvidos na produção de gordura da carne, sabor e maciez. Assim, entende-se que o gene *ELOVL5* desempenha importante função molecular associada ao desenvolvimento da característica de precocidade em bovinos de corte.

Palavras-chave: espessura de gordura, marmoreio, metabolismo lipídico, vias biológicas.

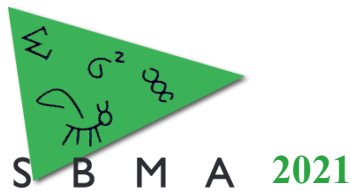
Gene ontology enrichment analysis of the *ELOVL5* gene associated with precocity in Nelore cattle

Abstract: Precocity of finishing is one of the main characteristics of economic interest measured by visual score in beef cattle. The aim of this work was to investigate the *ELOVL5* gene and analyze the pathways associated with precocity of finishing in Nelore cattle. Data of precocity measured by visual score to post-yearling were used, from 20,807 animals born between 2009 and 2018. Of the total number of animals, 2,775 were genotyped with 35k SNP marker chips, all belonging to herds of Katayama Agropecuaria. Analyzes were processed using the BLUPF90 family program and candidate genes identified using the Ensembl platform. Additionally, the PANTHER program was used to identify the biological pathways associated with the genes of interest. The *ELOVL5* gene has been associated with biological processes involved in lipid metabolism. This gene actively participates in encoding enzymes that act on the elongation of long-chain fatty acids, and synthesis of acids such as palmitic and palmitoleic, among others, which are involved in the production of meat fat, flavor and tenderness. Thus, it is understood that the *ELOVL5* gene plays an important molecular function associated with the development of the precocity characteristic in beef cattle.

Keywords: biological pathways, fat thickness, lipid metabolism, marbling.

Introdução

O sabor da carne se dá principalmente pelo perfil de ácidos graxos que a compõem, apresentando efeitos positivos e negativos nas características sensoriais e organolépticas, impulsionando estudos relacionados a composição de ácidos graxos da carne bovina (Liu et al. 2020), sendo os mais representativos, os ácidos mirístico, palmítico, palmitoléico, steárico, oléico e linoleico. Os genes responsáveis pela formação de compostos e proteínas tem sido estudado através de estudos de ontologia gênica (GO), caracterizados como análises do desenvolvimento, sendo possível elucidar os processos biológicos e moleculares correspondentes aos genes. Com isso o objetivo do presente trabalho foi a



investigar o gene *ELOVL5* e analisar as vias associadas a característica de precocidade em bovinos Nelore, mensuradas por meio de escores visuais.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações de precocidade avaliadas por escore visual de 20.807 bovinos Nelore, nascidos entre os anos de 2009 a 2018, mensurados aos 18 meses de idade, distribuídos em rebanhos localizados em São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul e pertencentes a Agropecuária Katayama Ltda. Desse total, 2.775 indivíduos foram genotipados com chips de SNPs GGP-Indicus 35K, que após o controle de qualidade considerou 31.737 marcadores. Os escores visuais de precocidade variavam de 1 a 5, em que animais que receberam o escore 1 possuíam menor precocidade de acabamento e os animais com escore 5 apresentaram maior precocidade de acabamento de carcaça. As informações genômicas foram extraídas de folículos pilosos baseado na extração com Fenol-Clorofórmio. Para as análises de associação a metodologia adotada foi o single-step GWAS (ssGWAS), processadas por meio dos programas da família BLUPF90. Os resultados foram apresentados com base na proporção da variância aditiva total, explicada por uma janela genômica de 10 SNPs adjacentes e os marcadores considerados significativos, foram aqueles que explicaram no mínimo 1% da variância genética da característica. Os genes candidatos foram identificados através da ferramenta BioMart, pertencente ao banco de dados Ensembl. O banco de dados PANTHER foi utilizado para as análises de enriquecimento GO com a finalidade de identificação das vias biológicas das quais determinados genes candidatos atuam, facilitando a compreensão da expressão gênica da característica.

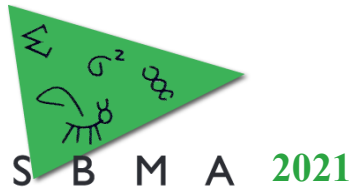
Resultados e Discussão

O gene *ELOVL5* foi encontrado no cromossomo 23 e está envolvido em diversos processos biológicos relacionados ao metabolismo lipídico, totalizando 9 termos GO. (Tabela 1).

Tabela 1. Enriquecimento de Ontologia Genética para a característica de precocidade em bovinos da raça Nelore.

GO	Gene	Função	P-valor
GO:0000038	<i>ELOVL5</i>	Processo metabólico de ácidos graxos de cadeia longa	8,95E-03
GO:0030148	<i>ELOVL5</i>	Processo biossintético esfingolípido	1,78E-02
GO:0006665	<i>ELOVL5</i>	Processo metabólico esfingolípido	2,40E-02
GO:0006643	<i>ELOVL5</i>	Processo metabólico lipídico da membrana	3,84E-02
GO:0046467	<i>ELOVL5</i>	Processo biossintético lipídico da membrana	3,07E-02
GO:0006633	<i>ELOVL5</i>	Processo biossintético de ácidos graxos	1,89E-02
GO:0072330	<i>ELOVL5</i>	Processo biossintético do ácido monocarboxílico	2,09E-02
GO:0046394	<i>ELOVL5</i>	Processo biossintético do ácido carboxílico	4,80E-02
GO:0016053	<i>ELOVL5</i>	Processo biossintético de ácido orgânico	4,80E-02

O gene *ELOVL5* foi associado a região de maior variância genética aditiva para precocidade. Como o próprio nome indica, os genes da família de alongamento de ácidos graxos de cadeia muito longa (*ELOVL*) estão envolvidos na codificação de enzimas que desempenham papéis fundamentais no alongamento de ácidos graxos de cadeia longa. Matsumoto *et al.*, (2013), atestaram o envolvimento dos genes *ELOVL5* e *ELOVL6* na síntese do ácido palmítico (C16:0), ácido palmitoléico (C16:1), ácido



esteárico (C18:0) e ácido oleico (C18:1), que estão relacionados de forma positiva com o sabor da carne, destacando que esses ácidos graxos são os principais presentes na carne bovina.

Esse gene foi significativamente enriquecido em nove vias de sinalização que regulam a síntese, o metabolismo e a deposição de gordura, anteriormente associado ao perfil lipídico de bovinos da raça Wagyu (Huang *et al.*, 2017). A composição da carne em ácido graxo, em quantidade e tipo, possui correlação com sua qualidade, sendo que a mesma está associada com características organolépticas como cor, sabor, maciez e suculência, sendo essas características influenciadas pelo acabamento, deposição de gordura e marmoreio da carne (Feitosa *et al.*, 2017). A formação e deposição da gordura é importante na remuneração tanto de bovinos de leite, como de animais destinados a produção de carne.

A comercialização de carne normalmente é baseada nas características de carcaça dos animais, sendo que a quantidade de gordura é um fator determinante na qualidade e características organolépticas da carne (Hay; Roberts, 2018). O envolvimento do *ELOVL5* em diversos processos relacionados ao metabolismo lipídico também justifica a associação do gene com o teor de gordura do leite, através da ação do mesmo na regulação de triglicerídeos nas células epiteliais da glândula mamária (Li *et al.*, 2019). Assim como seu papel decisivo na lipogênese, onde tende a potencializar sua expressão no período pós-parto em resposta à melhora no balanço energético negativo (TACUMA *et al.*, 2020).

Conclusão

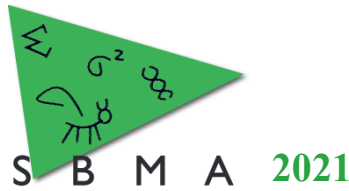
A partir dos resultados obtidos no presente estudo, pôde-se observar que o gene *ELOVL5* desempenha importante função molecular associada ao desenvolvimento da característica de precocidade em bovinos da raça Nelore. Recomenda-se o estudo aprofundado das funções moleculares do gene *ELOVL5*, especialmente relacionadas ao acabamento de carcaça de bovinos de corte.

Agradecimentos

Agradeço Agropecuária Katayama pelo fornecimento dos dados e ao grupo LeMa - Laboratório de Estudos em Melhoramento Animal, por todo apoio.

Literatura citada

- Feitosa F.L.B., Olivieri B.F., Aboujaoude C., Pereira A.S.C., Lemos M.V.A., Chiaia H.L.J., Berton M.P., Peripolli E., Ferrinho A.M., Mueller L.F. M.R.M., Albuquerque L.G., Oliveira H.N., Tonhati H., Espigolan R., Tonussi R.L., Silva R.M.O., Gordo D.G.M., Magalhães A.F.B., Aguilar I., Baldi F. 2017. Genetic correlation estimates between beef fatty acid profile with meat and carcass traits in Nelore cattle finished in feedlot. **Journal of Applied Genetics**, 58, 123–132.
- Hay E.H., Roberts A. 2018. Genome-wide association study for carcass traits in a composite beef cattle breed. **Livestock Science**, 213, 35–43.
- Li X., Jiang P., Yu H., Yang Y., Xia L., Yang R., Fang X., Zhao Z. 2019. miR-21-3p Targets Elov15 and Regulates Triglyceride Production in Mammary Epithelial Cells of Cow. **DNA and Cell Biology**, 38.
- Liu T., Wu J.P., Lei Z.M., Zhang M., Gong X.Y., Cheng S.R., Liang Y., Wang J.F., 2020. Fatty Acid Profile of Muscles from Crossbred Angus-Simmental, Wagyu-Simmental, and Chinese Simmental Cattles. **Food Sci Anim Resour.**, 40, 563–577.
- Tacuma S.D., Parales J.G., Prom C., Chirivi M., Laguna J., Lock A.L., Contreras G.A. 2020. Transcriptomic profiling of adipose tissue inflammation, remodeling, and lipid metabolism in periparturient dairy cows (*Bos taurus*). **BMC Genomics**, 21, 1–13.
- Zhang X., Huang W., Guo Y., Du W., LI A., Miao X. 2017. Global transcriptome analysis identifies differentially expressed genes related to lipid metabolism in Wagyu and Holstein cattle. **Scientific reports**, 7, 1–11.



Correlação entre coeficientes de endogamia analisados sob diferentes metodologias genômicas em populações de bovinos

Rita Carolina Gaia¹, Henrique Alberto Mulim², Pamela Carla Machado¹, Emanuelli de Fátima Pereira da Silva¹, Gabriele Ratke Morgan¹, Leticia Sikorski Caldeira¹, Luiz F. Brito³, José Bento Sterman Ferraz⁴, Lais Grigoletto⁴, Marcio Ribeiro Silva⁵, Luís Fernando Batista Pinto², Victor Breno Pedrosa¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos

⁴Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, São Paulo, Brasil

⁵Melhor Animal e Katayama Agropecuária Ltda., Guararapes, São Paulo, Brasil

Resumo: Estimar a endogamia nos rebanhos é importante para determinar os melhores acasalamentos dentro de uma propriedade. Nosso objetivo nesse estudo foi avaliar diferentes metodologias para estimar a endogamia populacional, utilizando informações genômicas e verificando a correlação entre elas. Para a análise da consanguinidade, foram utilizados 16 rebanhos bovinos, com 15 raças distintas. Cinco modelos da estimativa do coeficiente de endogamia foram analisados durante o estudo. O primeiro método baseou-se na observação dos genótipos em homozigose, o segundo método baseou-se na variância aditiva do genótipo, o terceiro baseou-se na homozigose dos genótipos, o quarto modelo considerou a correlação da união entre os gametas e o último método baseou-se no comprimento das regiões ricas em homozigose. As correlações mais elevadas foram observadas entre o primeiro e o terceiro método. Porém, ao relacionar o método baseado no comprimento das regiões ricas em homozigose com as demais metodologias, todas as correlações foram baixas ou moderadas. O avanço do conhecimento genômico permitiu avaliar os índices endogâmicos sob diferentes metodologias, sem a necessidade do conhecimento prévio do pedigree de uma população. Determinar a endogamia com base no conhecimento molecular pode favorecer o processo de seleção, permitindo o monitoramento mais acurado das taxas de endogamia de populações de interesse zootécnico, como os bovinos.

Palavras-chave: acasalamentos endogâmicos, consanguinidade, genética populacional

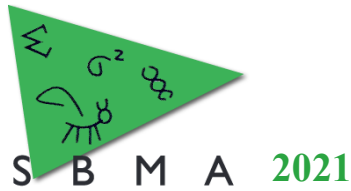
Correlation between inbreeding coefficients analyzed under different genomic methodologies in bovine populations

Abstract Estimating inbreeding in herds is important to determine the best matings within a property. Our objective in this study was to evaluate different methodologies to estimate population inbreeding, using genomic information and verifying the correlation between them. For an analysis of inbreeding, 16 bovine herds were used, with 15 different breeds. Five models of inbreeding coefficient estimation were stimulated during the study. The first method was based on the observation of homozygous genotypes, the second method was based on the additive variation of the genotype, the third was based on the homozygosity of the genotypes, the fourth model considered a union link between the gametes and the last method based - no length of homozygous rich regions. The highest correlations were observed between the first and third method. However, when relating the method based on the length of regions rich in homozygosity with the other methodologies, all correlations were low or moderate. The advancement of genomic knowledge assesses inbreeding indices under different methodologies, without the need for prior knowledge of a population's pedigree. Determining inbreeding based on molecular knowledge can favor the selection process, allowing for more accurate monitoring of inbreeding rates of zootechnical interest, such as cattle.

Keywords: endogamic mating, consanguinity, genetic population

Introdução

A endogamia é consequência do acasalamento entre indivíduos aparentados, e que resulta no aumento da homozigose ao longo das gerações (ALEMU et al., 2021). Caso a endogamia do rebanho não seja monitorada pode haver aumento da incidência de genes recessivos deletérios, diminuição do vigor



híbrido e queda no desempenho produtivo. A análise dos coeficientes de endogamia por meio das informações moleculares permite que mesmo que a população não possua informações de pedigree seja possível conhecer o grau de diversidade genética de determinados rebanhos, o que contribui para um melhor conhecimento genético do rebanho e, por consequência, propiciar um melhor direcionamento dos acasalamentos. Assim, objetivou-se estimar os coeficientes de endogamia de populações de bovinos, por meio de diferentes metodologias genômicas e correlacioná-los para melhor compreender as relações existentes entre as diferentes abordagens.

Material e Métodos

Para o estudo proposto, 2.415 genótipos de 16 rebanhos bovinos foram utilizados durante as análises. Os dados foram provenientes de quatro bases de dados distintas: Purdue University – com dados dos animais cruzados Angus x Simental (ANGSIM - 487), Pecuaría Katayama – com dados dos animais Nelore (NEL50 – 192, NEL35 – 209), Universidade de São Paulo – com dados dos animais da raça composta Montana (MON – 271), e da plataforma WIDDE (<http://widde.toulouse.inra.fr/widde/>) fornecendo os dados das raças Angus (ANG - 99), Borgou (BOR – 158), Brahman (BRM – 70), Criolo de Guadalupe (CGU – 140), Charolês (CHL – 62), Gir (GIR – 50), Hereford (HFD – 61), Holandês (HOL – 137), Jersey (JER – 84), Limousin (LMS – 87), Senepol (SEN – 153) e Santa Gertrudis (SGT – 55). Na análise de consistência, a limpeza dos dados constituiu para as edições para call rate (>0.9), SNPs duplicados, perdidos, não-autossomais ou sem posição definidas, menor frequência alélica (<0.05) e equilíbrio de Hardy-Weinberg (10^{-6}). Cinco modelos da estimativa do coeficiente de endogamia foram analisados durante o estudo, sendo esses diferenciados quanto a metodologia de estimação do coeficiente endogâmico. O primeiro método baseou-se na observação dos genótipos em homozigose observados e esperados (F_{HOM1}). O segundo método baseou-se na variância aditiva dos genótipos (F_{GRM}). Em terceiro, semelhante ao primeiro método, a metodologia F_{HOM2} baseou-se na homozigose dos genótipos. O quarto modelo foi testado baseado na correlação da união entre os gametas (F_{UNI}). O último método baseou-se na soma do comprimento das ROHs do indivíduo, dividindo pelo total do comprimento do genoma autossomal (F_{ROH}). A identificação das corridas de homozigose foi realizada por meio do software PLINK v 1.9 (Purcell *et al.* 2007), seguindo os seguintes critérios: 1 SNP heterozigoto e 1 perdido foram permitidos; O threshold considerado foi de 0.05; O gap entre SNPs consecutivos não pôde ser maior que 1000 kb; O tamanho mínimo de uma ROH de 500 kb; o número mínimo de SNPs consecutivos que formam uma ROH foi igual a 30; a densidade utilizada foi de 1 SNP a cada 50 kb, utilizando uma janela de 50 SNPs. Ainda, de acordo com a classificação em categorias das ROHs (<2 MB, 2-4 MB, 4-8 MB, 4-16 MB, >16 MB, 1-8 MB e 8-16 MB), os cálculos de endogamia foram realizados dentro de cada classe, dividindo a soma de ROHs em cada categoria pelo comprimento total do genoma autossomal, verificando as taxas de endogamia em cada classe. Para correlacionar os diferentes métodos de estimativas do coeficiente de endogamia utilizou-se a opção PROC CORR do pacote estatístico SAS (SAS Institute Inc., 2013), em que os resultados foram demonstrados graficamente por meio de um mapa de calor.

Resultados e Discussão

As correlações entre os coeficientes de endogamia avaliados por meio das diferentes metodologias podem ser observadas na Figura 1. Fortes correlações foram encontradas entre as metodologias F_{HOM1} e F_{HOM2} , F_{HOM1} e F_{UNI} , F_{GRM} e F_{UNI} . Moderadas correlações foram encontradas entre F_{HOM2} e F_{UNI} e baixas entre as metodologias F_{GRM} e F_{HOM2} . Todas as metodologias apresentaram baixas a moderadas correlações com o método de estimação de F_{ROH} , sendo a menor correlação encontrada entre F_{ROH} e F_{GRM} . De modo geral, os coeficientes de endogamia nas quatro primeiras metodologias apresentaram resultados moderados, semelhantes em cada população avaliada. Ressalta-se que cada uma das metodologias tem suas particularidades quanto aos cálculos de endogamia, como os casos das três primeiras metodologias que são dependentes da frequência alélica dos genótipos diferente da metodologia por união dos gametas (Yang *et al.*, 2011). Essas particularidades consideram conceitos que definem o que é a endogamia, como por exemplo o método UNI que leva em consideração a definição de Wright e Malécot ou os métodos HOM, que consideram a redução da heterozigose. Ainda, é importante destacar que as metodologias HOM e ROH pesam todos os alelos igualmente, enquanto os métodos UNI e GRM dão mais pesos aos alelos raros (Alemu *et al.*, 2021).

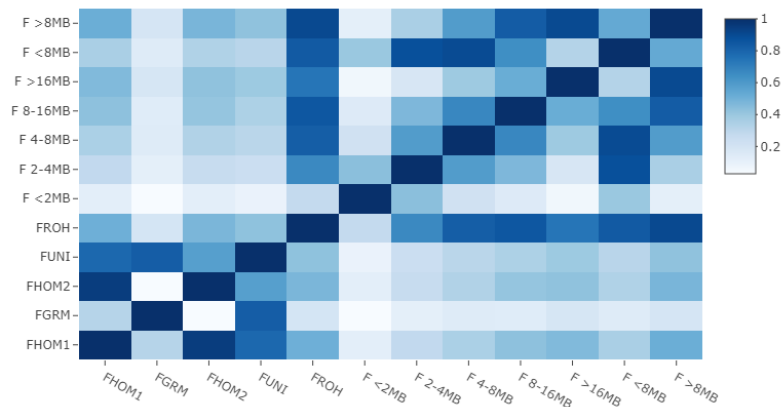


Figura 1 – Correlação entre as diferentes metodologias de estimação do coeficiente de endogamia

Por fim, ao observar as repartições em classes do comprimento das ROHs é possível notar que essa correlação diminui quanto menor o comprimento da ROH, reforçando que alguns métodos de estimação da endogamia em suas estimações têm menor poder de detecção da endogamia mais antiga. Os resultados condizem com alguns estudos que demonstram correlações baixas a moderadas entre estimativas de endogamia calculadas pelo método de ROH e os demais metodologias aqui apresentadas. Como o caso de Gurgul et al. (2016) trabalhando com animais da raça Holandesa e verificando a correlação entre metodologia GRM e ROH, ou ainda Zhang et al. (2015) para as metodologias HOM e UNI, em relação a metodologia de ROH.

Conclusão

Foram observadas baixas a moderadas correlações entre o método baseado no comprimento das regiões ricas em homozigose com as demais metodologias estudadas. Destaca-se que cada abordagem utilizada para estimar o coeficiente de endogamia por meio de informações moleculares possui suas particularidades, resultando em estimativas que diferem entre si e, portanto, podem resultar em baixa correlação quando confrontadas.

Agradecimentos

A Katayama Pecuária Ltda., Universidade de São Paulo e Purdue University pelo fornecimento dos bancos de dados utilizados nesta pesquisa.

Literatura citada

- Alemu SW, Kadri NK, Harland C, Faux P, Charlier C, Caballero A, Druet T (2021) An evaluation of inbreeding measures using a whole-genome sequenced cattle pedigree. *Heredity* **126**, 410–423.
- Gurgul A, Szmatoła T, Topolski P, Jasielczuk I, Żukowski K, Bugno-Poniewierska M (2016) The use of runs of homozygosity for estimation of recent inbreeding in Holstein cattle. *Journal of Applied Genetics* **57**, 527–530.
- Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, Sklar P, De Bakker PIW, Daly MJ, Sham PC (2007) PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics* **81**, 559–575.
- SAS Institute Inc. (2013) ‘SAS 9.1.3 Help and Documentation.’ (Reference, Ed.). (ADABAS: Cary) <https://communities.sas.com/t5/SAS-Statistical-Procedures/SAS-Citation-quot-EXAMPLE-quot/td-p/206842>.
- Yang J, Lee SH, Goddard ME, Visscher PM (2011) GCTA: A Tool for Genome-wide Complex Trait Analysis. *The American Journal of Human Genetics* **88**, 76–82.
- Zhang Q, Calus MP, Guldbandsen B, Lund MS, Sahana G (2015) Estimation of inbreeding using pedigree, 50k SNP chip genotypes and full sequence data in three cattle breeds.



Análise de regiões ricas em heterozigose em diferentes populações de bovinos

Rita Carolina Gaia¹, Henrique Alberto Mulim², Luiz F. Brito³, Pamela Carla Machado¹, Emanueli de Fátima Pereira da Silva¹, Gabriele Ratke Morgan¹, Leticia Sikorski Caldeira¹, José Bento Sterman Ferraz⁴, Lais Grigoletto⁴, Marcio Ribeiro Silva⁵, Luís Fernando Batista Pinto², Victor Breno Pedrosa¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil

³Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos

⁴Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, São Paulo, Brasil

⁵Melhore Animal e Katayama Agropecuária Ltda., Guararapes, São Paulo, Brasil

Resumo: O objetivo desse estudo foi identificar regiões ricas em heterozigose, existentes no genoma de diferentes populações de bovinos, verificar seu comprimento e analisar os genes associados a estas regiões. Foram avaliados 16 rebanhos distintos, de 15 raças diferentes. Para a observação das regiões ricas em heterozigose foi utilizado o pacote detecRUNS, que detectou 3.576 regiões em heterozigose dentre as populações avaliadas. A população da raça Montana se destacou por apresentar o maior número de regiões ricas em heterozigose, com 1.702 corridas, além de apresentar o maior comprimento de heterozigose, com 4.25 MB, responsável pela expressão de 114 genes. A população da raça Nelore, genotipada com o chip de 35k, apresentou 662 regiões ricas em heterozigose e nos bovinos da mesma raça com chip de 50k foram encontradas 675 regiões. A menor região com concentração de heterozigose foi encontrada em bovinos da raça Nelore, com o comprimento de cerca de 0,7 MB, responsável pela expressão de somente um gene, o *KHDRBS2*, habitualmente relacionado a fertilidade. Grande parte dos genes encontrados nas regiões ricas em heterozigose são relacionados a imunidade, o que pode contribuir com a adaptação dos animais a agentes estressores.

Palavras-chave: corridas de heterozigose, diversidade genômica, melhoramento genético

Analysis of heterozygous-enriched regions in different populations of cattle

Abstract: The aim of this study was to identify regions rich in heterozygosity, existing in the genome of different populations of cattle, verify their length and analyze the genes associated with these regions. Sixteen different herds of 15 different breeds were evaluated. For the observation of regions rich in heterozygosity, the detecRUNS package was used, which detected 3,576 regions in heterozygosity among the populations evaluated. The Montana breed population stood out for having the largest number of regions rich in heterozygosity, with 1,702 runs, in addition to having the longest heterozygosity length, with 4.25 MB, responsible for the expression of 114 genes. The population of the Nelore breed, genotyped with the 35k chip, showed 662 regions rich in heterozygosity and in the same breed cattle with the 50k chip, 675 regions were found. The smallest region with concentration of heterozygosity was found in Nelore cattle, with a length of about 0.7 MB, responsible for the expression of only one gene, *KHDRBS2*, usually related to fertility. A large part of the genes found in regions rich in heterozygosity are related to immunity, which may contribute to the animals' adaptation to stressors.

Keywords: animal breeding, genomic diversity, runs of heterozygosity

Introdução

Os estudos de regiões ricas em heterozigose (RRH) se caracterizam por identificar as regiões do genoma com alta variabilidade e podem prover valiosas informações sobre a diversidade das populações e histórico evolutivo (Samuels et al., 2016). Este tipo de abordagem ainda foi pouco explorado, principalmente em rebanhos bovinos, o que faz com que os estudos de RRH sejam inovadores, especialmente com um grande número de populações. A identificação de regiões em heterozigose no genoma de animais cruzados e puros, são de extrema importância pois estas regiões afetam características relacionadas a produção animal. Por essa razão, o objetivo desse estudo foi identificar em 16 rebanhos

bovinos, regiões do genoma com alta variabilidade, através das análises de regiões ricas em heterozigose, além de detectar os genes associados a estas regiões.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações genóticas de 16 rebanhos bovinos, em 15 raças distintas. Os dados foram oriundos de quatro bases de dados distintas: Purdue University – com dados dos animais cruzados Angus x Simental (ANGSIM - 487), Pecuária Katayama – com dados dos animais Nelore (NEL50 – 192, NEL35 – 209), Universidade de São Paulo – com dados dos animais da raça composta Montana (MON – 271), e da plataforma WIDDE (<http://widde.toulouse.inra.fr/widde/>) fornecendo os dados das raças Angus (ANG - 99), Borgou (BOR – 158), Brahman (BRM – 70), Criolo de Guadalupe (CGU – 140), Charolês (CHL – 62), Gir (GIR – 50), Hereford (HFD – 61), Holandês (HOL – 137), Jersey (JER – 84), Limousin (LMS – 87), Senepol (SEN – 153) e Santa Gertrudis (SGT – 55). Para o controle de qualidade foi considerada a remoção de genótipos com call rate (>0.9), SNPs duplicados, não-autossomais ou sem posição definidas. Tal limpeza possui importância para assegurar que nenhum outro fator além dos parâmetros escolhidos interferisse na detecção das corridas. Para a observação das regiões ricas em heterozigose, foi utilizado o pacote detecRUNS (Biscarini et al., 2019) e a metodologia baseada em SNPs consecutivos. Os parâmetros admitidos foram:

- O número mínimo de SNPs consecutivos que constitui uma RRH de 20 SNPs
- O tamanho mínimo de um RRH de 500 KB
- Permitindo o número mínimo de 2 genótipos homozigóticos e 1 perdido.
- O gap entre SNPs consecutivos não pôde ser maior que 1000 kb;

Além disso, as regiões genômicas que apresentaram incidência de RRH em pelo menos 10% da população foram separadas para posterior análises funcionais através do pacote GALLO (Fonseca et al., 2020).

Resultados e Discussão

Ao todo foram encontradas 3.576 RRH's nos 16 rebanhos avaliados, em que a distribuição de RRH por população pode ser observada na Figura 1. As populações que apresentaram os maiores números de RRH foram as populações MON com 1.702 corridas, NEL35 com 662 e a população NEL50 com 675. As menores quantidade de corridas foram encontradas nas populações CGU com 2 RRH e BRM com 4 RRH encontradas.

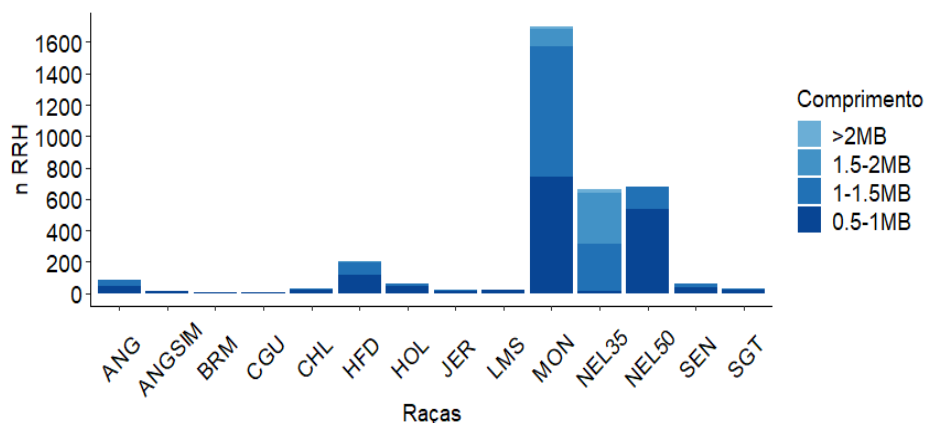
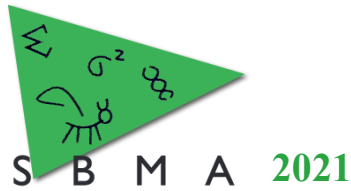


Figura 1. Distribuição das regiões em heterozigose nas diferentes populações de bovinos

De modo geral, as maiores porcentagens das RRH foram classificadas como sendo de comprimento entre 0.5-1MB (45,13%) e de 1-1.5MB (41,11%). Sendo a porcentagem de RRH maiores que 2MB somente encontrada em 1% das RRH observadas. A população a apresentar a maior quantidade de RRH foi a população MON, apresentando mais de 47% das RRH encontradas em todo estudo. Resultado esse



esperado, uma vez que a população MON é uma população composta, que propõe na sua formação combinar grupos definidos por características biológicas, fisiológicas, de crescimento e reprodução, cruzando animais *Bos taurus indicus* e *Bos taurus taurus* (Peripolli et al., 2020).

A maior região de RRH foi encontrada na população MON com 4.25 MB de comprimento e abrange 20,30% da população. Tal região está associada a 114 genes, dos quais 71 são proteínas codificantes. A menor região com concentração de RRH foi encontrada nos animais NEL50 no cromossomo 23 com o comprimento de cerca de 0,7 MB. Tal região é responsável pela expressão de somente um gene, o *KHDRBS2*. Alguns estudos já demonstraram que este gene está relacionado com a fertilidade e performance reprodutiva de bovinos, como apresentado por Reverter et al. (2016) e De León et al. (2019). Apesar disso, a maioria dos genes encontrados nas regiões ricas em heterozigose apresentaram-se com alguma relação a imunidade dos animais sejam em vias ou processos biológicos em respostas a alguns desafios.

Conclusão

A quantidade e o padrão de aparecimento das regiões ricas em heterozigose foram específicas de cada população. Foram encontradas 3.576 regiões ricas em heterozigose, em que a população a apresentar a maior quantidade de regiões ricas em heterozigose foi a de bovinos da raça Montana, com total de 1.702. Concentrações de regiões ricas em heterozigose, com maior comprimento, foram observadas na população Montana com 4,35 MB e a menor na população Nelore (0,7 MB), associada ao gene *KHDRBS2*, habitualmente relacionado a fertilidade. A maioria dos genes encontrados nas regiões ricas em heterozigose foram relacionados a imunidade animal, fato que pode contribuir com a adaptação a agentes estressores.

Agradecimentos

A Katayama Pecuária Ltda., Universidade de São Paulo e Purdue University pelo fornecimento dos bancos de dados. Ao grupo de estudo LeMA – Laboratório de Estudos em Melhoramento Animal, por todo auxílio na pesquisa.

Literatura citada

- Biscarini F, Cozzi P, Gaspa G, Marras G (2019) detectRUNS: an R package to detect runs of homozygosity and heterozygosity in diploid genomes. *CRAN.R*. doi:1.
- Fonseca PAS, 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**, 1–9. doi:10.1093/gigascience/giaa149.
- De León C, Manrique C, Martínez R, Rocha JF (2019) Research Article Genomic association study for adaptability traits in four Colombian cattle breeds. *Genetics and Molecular Research* **18**,. doi:10.4238/gmr18373.
- Peripolli E, Stafuzza NB, Amorim ST, Lemos MVA, Grigoletto L, Kluska S, Ferraz JBS, Eler JP, Mattos EC, Baldi F (2020) Genome-wide scan for runs of homozygosity in the composite Montana Tropical ® beef cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **137**, 155–165. doi:10.1111/jbg.12428.
- Reverter A, Porto-Neto LR, Fortes MRS, McCulloch R, Lyons RE, Moore S, Nicol D, Henshall J, Lehnert SA (2016) Genomic analyses of tropical beef cattle fertility based on genotyping pools of Brahman cows with unknown pedigree1. *Journal of Animal Science* **94**, 4096–4108. doi:10.2527/jas.2016-0675.
- Samuels DC, Wang J, Ye F, He J, Levinson RT, Sheng Q, Zhao S, Capra JA, Shyr Y, Zheng W, Guo Y (2016) Heterozygosity Ratio, a Robust Global Genomic Measure of Autozygosity and Its Association with Height and Disease Risk. *Genetics* **204**, 893–904. doi:10.1534/genetics.116.189936.



Estudo de associação genômica ampla para característica de conformação mensurada por avaliação visual em bovinos Nelore.

Pamela Carla Machado^{1*}, Rafaela Martins¹, Luiz F. Brito², Leticia Sikorski Caldeira¹, Rita Carolina Gaia¹, Emanuel de Fátima Pereira da Silva¹, Gabriele Ratke Morgan¹, Henrique Alberto Mulim³, Luiz Fernando Batista Pinto³, Marcio Ribeiro da Silva⁴, Victor Breno Pedrosa¹.

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

³Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

⁴Agropecuária Katayama, Guarapes, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: pamcarlamac@gmail.com

Resumo: A ascensão da tecnologia genômica proporcionou uma melhora na compreensão da arquitetura genética de características complexas por meio de estudos de associação genômica ampla (GWAS). O objetivo desse estudo foi identificar regiões genômicas associadas a característica de escore visual de conformação corporal (CONF) em bovinos Nelore. As medições baseadas em escores visuais (ajustadas aos 18 meses de idade) foram coletadas em 20.807 indivíduos. Desses, 2.775 animais foram genotipados usando o chip SNP GGP-indicus 35K, contendo 31.737 SNPs, após o controle de qualidade. As análises foram realizadas pelo método ssGWAS, através dos programas da família BLUPF90, que aferiram as variações para janelas genômicas contendo 10 SNPs adjacentes. Os genes candidatos foram identificados pelo banco de dados ENSEMBL, considerando as regiões que apresentaram valores acima de 1% da variância genética aditiva total. Um total de 27 regiões genômicas localizadas em 7 cromossomos e abrigando 27 genes candidatos foram identificadas para CONF. Os principais genes associados a característica foram o *ALDH9A1*, *RXRG*, *RAB2A* e *CYP7A1*, devido suas expressividades em processos biológicos envolvidos no complexo metabolismo lipídico e em ações que envolviam composição, síntese e degradação de ácidos graxos. Polimorfismos detectados nesses genes podem ser incorporados em plataformas de genotipagem, aperfeiçoando a precisão da imputação e avaliações genômicas para escores visuais.

Palavras-chave: bovino de corte, gene candidato, precocidade, variância genética.

Genome-wide association studies for body conformation measured by visual score in Nelore cattle.

Abstract: The rise of genomic technology provides an improved understanding of the genetic architecture of complex traits through genomic wide association studies (GWAS). The aim of this study was to identify genomic regions associated with visual body conformation score (CONF) trait in Nelore cattle. Measurements based on visual scores (adjusted for 18 months of age) were collected from 20,807 animals. Of this, 2,775 animals were genotyped using the SNP GGP-indicus 35K chip containing 31,737 SNPs, after quality control. The analyzes were performed using the ssGWAS method using the BLUPF90 family programs, which measured the variations for genomic windows containing 10 continuous SNPs. Candidate genes were identified by the ENSEMBL database, considering those whose regions presented values above 1% of the total additive genetic variance. A total of 27 genomic regions located on 7 chromosomes and harboring 27 candidate genes were identified for CONF. The main genes associated with the trait were *ALDH9A1*, *RXRG*, *RAB2A* and *CYP7A1*, due to their expressiveness in biological processes involved in the complex lipid metabolism and in actions involving composition, synthesis and degradation of fatty acids. Polymorphisms detected in these genes can be incorporated into genotyping platforms, improving the accuracy of imputation and genomic assessments for visual scores.

Keywords: beef cattle, candidate genes, precocity, genetic variance.

Introdução

No cenário econômico da pecuária de corte, os indivíduos que apresentam biotipo corporal superior tendem a elevar o lucro da atividade. Desse modo, características avaliadas por meio de escores

visuais podem ser utilizadas como parâmetros de produtividade, e, por consequência, despertam o interesse dos criadores com relação ao seu potencial seletivo, podendo ser incorporadas como critério de seleção em programas de melhoramento genético de bovinos (PATERNO *et al.*, 2017). A utilização da genômica na identificação de genes ou regiões cromossômicas com efeitos significativos para características relacionadas à produção como conformação corporal é considerada uma alternativa eficiente, pois grande parte da variação dessas características é resultante da ação de genes de efeitos aditivos (ZUIN *et al.*, 2012). Neste contexto, os estudos referentes a associação genômica ampla permitem o reconhecimento de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), associados a genes de grande efeito sob expressão de características produtivas complexas, possibilitando uma listagem de genes candidatos para o mapeamento do genoma. Sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi realizar um estudo de associação genômica ampla, utilizando a abordagem single-step (ssGWAS), com a finalidade de identificar genes candidatos associados a características de conformação corporal em bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de escore visual para conformação corporal ao sobreano de 20.807 bovinos da raça Nelore, nascidos entre os anos de 2009 a 2018. Os indivíduos eram originários dos rebanhos da Agropecuária Katayama Ltda, distribuídos nos estados de São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. Desse total de animais, 2.775 foram genotipados com chips de SNPs GGP-Indicus de 35 mil marcadores (35k). As informações genômicas foram extraídas de folículos pilosos baseado na extração com Fenol-Clorofórmio. O controle de qualidade para os SNPs excluiu aqueles com Call rate abaixo de 0.9, SNPs não autossômicos, SNPs de posição desconhecida ou duplicadas, SNPs com alelo de menor frequência (MAF) < 0,05; SNPs com desequilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE) $\leq 10^{-5}$ e SNPs fortemente correlacionados ($r^2 > 0,995$) (MISZTAL *et al.*, 2018). Após o controle, o conjunto final de SNPs foi de 31.737, os quais foram considerados para as mensurações posteriores. Para as análises de associação, foi utilizada a metodologia ssGBLUP, processando as análises por meio dos programas da família BLUPF90. Os resultados foram apresentados pautados na proporção da variância aditiva total, explicada por uma janela genômica de 10 SNPs adjacentes, em que os marcadores considerados significativos foram aqueles que explicaram no mínimo 1% da variância genética da característica. A listagem de genes candidatos foi determinada por meio da ferramenta BioMart, pertencente ao banco de dados Ensembl.

Resultados e Discussão

Foram encontradas 27 regiões genômicas com maiores efeitos (variação genética aditiva >1,0%) nos cromossomos BTA3, BTA5, BTA14, BTA20, BTA21, BTA 27 e BTA29 (Figura 1), revelando 27 genes envolvidos na manifestação fenotípica de CONF. A região genômica de maior pico foi encontrada no BTA14 26217826:26253265, associada ao gene *RAB2A*.

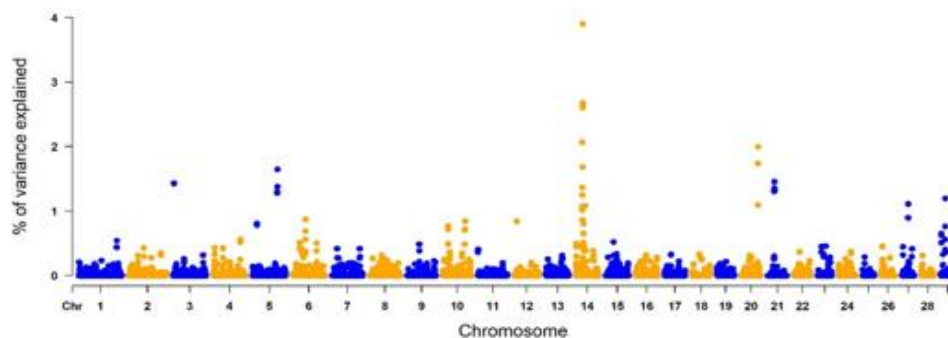
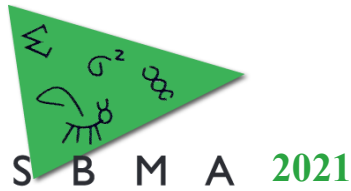


Figura 1. Manhattan plot da porcentagem de variância genética aditiva explicada por janelas de 10 SNPs adjacentes para as características de conformação corporal (CONF) em bovinos Nelore.



No BTA3 foram encontrados SNPs significativos próximos de seis genes, *TMCO1*, *ALDH9A1*, *UCK2*, *MGST3*, *LRRRCR2* e *RXRG*, destacando a ação do gene *ALDH9A1* na degradação de ácidos graxos, pois o mesmo é considerado precursor da carnitina, metabólico que auxilia na combustão de gordura, sendo sua biossíntese, um importante mecanismo de deposição de gordura de carcaça em bovinos de corte (CÔNSULO *et al.*, 2020). Tal gene também desempenha funções relacionadas ao metabolismo energético, atuando na síntese de compostos fundamentais para o fornecimento da energia necessária ao animal para a manutenção do seu metabolismo basal. Ainda no BTA3, a influência da expressividade do *RXRG* (Receptor gama de retinóide X) para CONF pode ser explicada pela ação dos receptores gama que regulam genes atuantes na ativação do fator de transcrição de adipócitos, permitindo a homeostase de lipídios e glicose (JANANI; KUMARI, 2015).

O BTA14 foi considerado o cromossomo chave que afeta a conformação corporal, onde se localizou a região genômica mais significativa para a característica, com um total de 9 genes diretamente expressos. O gene *RAS-RAB2A* apresentou a maior variância genética aditiva (3,89%) relacionada a CONF e sua influência na qualidade da carne bovina ocorre pela sua atuação na composição do ácido linoleico conjugado e na regulação positiva de proliferação de células musculares (ZHANG *et al.*, 2018). Como estratégia de seleção, os indivíduos portadores de alelos favoráveis em QTLs localizados no cromossomo 14 poderiam ser mais rigorosamente selecionados para características de desempenho corporal e carcaça, considerando que os demais genes também (*UBXN2B*, *TOX*, *FAM110B* e *BTD1*), também foram anteriormente relatados como associados a peso, conformação e qualidade de carcaça. Nos demais cromossomos, foram encontrados outros genes com ações diretas sobre expressões de características de crescimento, destacando os genes *MORF4L1*, *TM6SF1* e *ADAMTSL*, com significativa influência em bovinos de corte no peso ao nascer, idade ao primeiro parto e estruturação corporal, respectivamente.

Conclusão

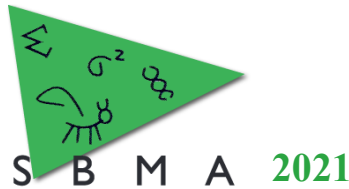
Os principais genes contribuintes na expressividade da conformação corporal em bovinos Nelore foram o *ALDH9A1*, *RXRG*, *RAB2A* e *CYP7A1*, em função de suas expressividades em processos biológicos envolvidos no complexo metabolismo lipídico e em ações que envolviam composição, síntese e degradação de ácidos graxos. Tais achados contribuem para uma melhor compreensão dos mecanismos moleculares sobre a expressão gênica dessa característica, e os polimorfismos encontrados nesses genes podem ser incorporados em plataformas de genotipagem comerciais.

Agradecimentos

À Agropecuária Katayama pelo fornecimento do banco de dados. Ao CNPq e CAPES pela concessão de bolsas e recursos para o desenvolvimento desta pesquisa.

Literatura citada

- Cônsulo, N.R.B., Silva, J.; Buarque, V.L.M., Higuera, A.P., Barbosa, L.C.G.S., Zawadzki, A., Colnago, L.A., Netto, A.S., Gerrard, D.E., Silva, S.L. Selection for growth and precocity alters muscle metabolism in nelore cattle. **Metabolites**, v. 10, n. 2, p. 1–10, 2020.
- Janani, C., Ranjitha Kumari, B.D. PPAR gamma gene – A review. **Diabetes and Metabolic Syndrome: Clinical Research and Reviews**, v. 9, n.1, p. 46–50, 2015.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D.A L., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. v. 2018, 2018.
- Paterno, F. M., Buzanskas, M., KOURY FILHO, W., Lôbo, R., Queiroz, S. Evaluation of body weight and visual scores for genetic improvement of Nelore cattle. **Tropical Animal Health and Production**, v. 49, n. 3, p. 467–473, 2017.
- Zhang, H.M., Xia, H.L., Jiang, H.R., Mao, Y.J., Qu, K.X., Huang, B.Z., Gong, Y.C., Yang, Z.P., Ryan, A.K. Longissimus dorsi muscle transcriptomic analysis of Yunling and Chinese simmental cattle differing in intramuscular fat content and fatty acid composition. **Genome**, v. 61, n. 8, p. 549–558, 2018.
- Zuin, R.G., Buzanskas, M.E, Caetano, S.L., Venturini, G.C., Guidolin, D.G.F., Grossi, D.A., Chud, T.C.S., Paz, C.C.P., Lôbo, R.B., Munari, D.P. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**, v. 91, n. 3, p. 352–357, 2012.



Análise de enriquecimento de ontologia genética dos genes *SEMA6A* e *TIAM2*, associados a musculabilidade em bovinos Nelore

Gabriele Ratke Morgan¹, Pamela Carla Machado¹, Luiz Fernando Brito², Rita Carolina Gaia¹, Emanuelli de Fátima Pereira da Silva¹, Letícia Sikorski Caldeira¹, Rafaela Martins¹, Henrique Alberto Mulim³, Luís Fernando Batista Pinto², Márcio Ribeiro da Silva⁴, Victor Breno Pedrosa^{1*}

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

³Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

⁴Agropecuária Katayama, Guararapes, São Paulo, Brasil.

*Autor correspondente: vbpedrosa@uepg.br

Resumo: O estudo da ontologia gênica (GO) têm sido peça chave fundamental em pesquisas voltadas à busca de novas vias metabólicas associadas a diferentes funções vitais e em múltiplas características de interesse zootécnico. Este trabalho teve como objetivo identificar vias biológicas relacionadas aos genes *SEMA6A* e *TIAM2*, que atuam sob a expressão de musculabilidade em bovinos Nelore. Para isso, utilizou-se informações fenotípicas de 20.807 bovinos do rebanho da Agropecuária Katayama Ltda., em que 2.775 indivíduos foram genotipados com chips de 35k, específicos para animais zebuínos. Os dados foram analisados usando a metodologia ssGBLUP, por meio dos programas da família BLUPF90, seguido pela utilização da ferramenta BioMart, pertencente a Ensembl, que identificou os genes candidatos. Após, foi utilizada as ferramentas PANTHER e REVIGO para a análise de enriquecimento GO, caracterizando as vias metabólicas associadas aos genes *SEMA6A* e *TIAM2*. Os resultados indicaram que esses genes estão envolvidos na associação de diferentes vias metabólicas com distintas funções dentro do organismo dos bovinos Nelore, como: funções de sistema nervoso, morfogênese, locomoção, crescimento e regulações corporais. A inclusão das análises GOs nos resultados de ssGWAS fornecem uma melhor compreensão da arquitetura molecular envolvida no desenvolvimento da musculabilidade em bovinos da raça Nelore.

Palavras-chave: bovinos de corte, genética molecular e vias metabólicas.

Analysis of genetic ontology enrichment of *SEMA6A* and *TIAM2* genes, associated with muscle in Nelore cattle

Abstract: The study of gene ontology (GO) has been a key part of research aimed at finding new metabolic pathways associated with different vital functions and multiple characteristics of zootechnical interest. This work aimed to identify biological pathways related to *SEMA6A* and *TIAM2* genes, which act on muscle expression in Nelore cattle. For this, phenotypic information of 20,807 cattle from the herd of Agropecuária Katayama Ltda. was used, in which 2,775 individuals were genotyped with 35k chips, specific for Zebu animals. Data were analyzed using the ssGBLUP methodology, through the programs of the BLUPF90 family, followed by the use of the BioMart tool, belonging to Ensembl, which identified the candidate genes. Afterwards, the PANTHER and REVIGO tools were used for the analysis of GO enrichment, characterizing the metabolic pathways associated with the *SEMA6A* and *TIAM2* genes. The results indicated that these genes are involved in the association of different metabolic pathways with distinct functions within the body of Nelore cattle, such as: nervous system functions, morphogenesis, locomotion, growth and body regulations. The inclusion of GOs analyzes in the ssGWAS results provides a better understanding of the molecular architecture involved in muscle development in Nelore cattle.

Keywords: beef cattle, metabolic pathways, molecular genetics.

Introdução

A ontogenia está ligada diretamente com características e funções biológicas ligadas ao desenvolvimento do indivíduo desde suas fases embrionárias até a maturidade. As vias metabólicas vêm

sendo estudadas nas mais distintas raças de animais de corte, por conta de sua importância em diferentes funções dentro do funcionamento de metabolismo de lipídeos, proteínas, energia, resposta imune, caminhos de sinalização, transporte de íons e crescimento (FONSECA et al., 2019), que influenciam diretamente no biótipo corporal do indivíduo. Dentre os estudos de expressão gênica e do desempenho metabólico, aqueles que estão associados ao desenvolvimento da musculatura em bovinos de corte, bem como a qualidade da carne, habitualmente são os de maior impacto econômico e despertam grande interesse no mercado (LEHNERT et al., 2007). Diversos estudos vêm sendo feitos a partir dos resultados de GWAS com as informações dos SNPs, pois através da localização das regiões genômicas e de genes candidatos, tornou-se possível identificar e compreender mecanismos biológicos funcionais dos indivíduos (SANTANA et al., 2016). Com isso, o objetivo desse trabalho foi identificar as vias biológicas associadas aos genes *SEMA6A* e *TIAM2*, que possam auxiliar na compreensão das funções moleculares relacionadas a musculabilidade em bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

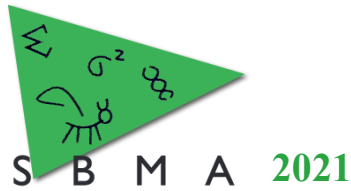
Foram utilizadas informações fenotípicas de 20.807 bovinos Nelore, mensurados aos 18 meses de idade, nascidos entre 2009 a 2018, distribuídos pelos estados de São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, pertencentes a Agropecuária Katayama Ltda. Desse total, 2.775 animais foram genotipados com chips SNPs GGP Indicus 35K, que após controle de qualidade considerou 31.737 marcadores. As informações genômicas foram extraídas de folículos pilosos, usando a extração de Fenol-Clorofórmio. Para as análises de GWAS, utilizou-se o método de passo único (ssGWAS), com o auxílio dos programas da família BLUPF90 (MISZTAI et al., 2018). Os resultados foram apresentados baseados na proporção da variância aditiva total, explicada por uma janela genômica de 10 SNPs adjacentes, os quais foram considerados significativos quando explicaram no mínimo 1% da variância genética da característica. Os genes candidatos foram identificados através da ferramenta BioMart, pertencente ao banco de dados Ensembl. O banco de dados PANTHER foi utilizado para as análises de enriquecimento GO, com a finalidade de identificação das vias biológicas envolvidas, enquanto o uso do REVIGO ocorreu para agrupar todas as vias encontradas em conjunto de blocos simples, conforme sua similaridade funcional.

Resultados e Discussão

Pode-se observar que os genes *SEMA6A* e *TIAM2* foram encontrados em diferentes vias metabólicas nos animais, com diferentes funções essenciais, sendo principalmente encontradas em vias de crescimento, de sistema nervoso, regulações corporais, locomoção, organização, orientação, respostas a estímulos e morfogênese.



Figura 1. Cobertura ontológica dos genes *SEMA6A* e *TIAM2* em bovinos Nelore.



As funções mais importantes das vias metabólicas dos genes relacionados a musculabilidade são as vias que controlam a morfogênese da estrutura anatômica, ou seja, do desenvolvimento corporal como um todo. Além disso, também se mostraram importantes a regulação do processo de desenvolvimento de diferentes partes corporais, crescimento do animal e energia. Sabe-se que o desenvolvimento e determinação das fibras musculares bovinas provém desde a fase embrionária e fetal, e vão amadurecendo ao passar da vida dos animais, bem como sua regulação gênica, através das expressões genéticas (LEHNERT et al., 2007). A presença do gene *SEMA6A* nos diferentes GOs foi associada a diferentes funções do sistema nervoso, devido a codificação da proteína semaforina 6A, que está localizada no córtex cerebral (OKADA; TOMOOKA, 2013). Ela apresenta uma maior porcentagem de variância que está relacionada a musculabilidade, sendo um gene de maior efeito nessa característica. Ainda, o gene *TIAM2*, teve participação em vários GOs, relacionados principalmente, ao desenvolvimento do sistema nervoso e da morfogênese celular, que compõe o desenvolvimento. Cabe ressaltar que este gene já foi anteriormente associado ao metabolismo lipídico de búfalos, podendo atuar em vias relacionadas a produção de gordura ou ainda em outros componentes lipídios atuantes na estruturação corpórea (SHARMA *et al.*, 2020).

Conclusão

Conclui-se a partir desse trabalho que os genes *SEMA6A* e *TIAM2* tem grande contribuição nas vias metabólicas envolvidas com a musculabilidade bovina, dentre as quais aquelas relacionadas as funções de desenvolvimento, morfogênese e crescimento. Ainda, conclui-se que os genes *SEMA6A* e *TIAM2* estão bem relacionados a funções neurológicas, de locomoção e de imunidade em bovinos de corte.

Agradecimentos

Os agradecimentos são para a Agropecuária Katayama Ltda. que concedeu os dados para a realização deste trabalho.

Literatura citada

- Fonseca, L. D.; Eler, J. P.; Pereira, M. A.; Rosa, A. F.; Alexandre, P. A.; Moncau, C. T.; Salvato, F.; Rosa-Fernandes, L.; Palmisano, G.; Ferraz, J. B. S.; & Fukumasu, H. 2019. Liver proteomics unravel the metabolic pathways related to Feed Efficiency in beef cattle. **Scientific Reports**, 9, 1–11.
- Lehnert, S. A.; Reverter, A.; Byrne, K. A.; Wang, Y.; Natrass, G. S.; Hudson, N. J., & Greenwood, P. L. 2007. Gene expression studies of developing bovine longissimus muscle from two different beef cattle breeds. **BMC Developmental Biology**, 7, 1–13.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Lourenço, D.A.L.; Masuda, Y.; Aguilar, I.; Legarra, A.; Vitezica, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. v. 2018, 2018.
- Okada, A.; Tomooka, Y. 2013. A role of *Sema6A* expressed in oligodendrocyte precursor cells. **Neuroscience Letters**. 539, 48–53.
- Santana, M. H.; Junior, G. A. O.; Cesar, A. S. M.; Freua, M. C.; Da Costa Gomes, R.; Da Luz E Silva, S.; Leme, P. R.; Fukumasu, H.; Carvalho, M. E.; Ventura, R. V.; Coutinho, L. L.; Kadarmideen, H. N. & Ferraz, J. B. S. 2016. Copy number variations and genome-wide associations reveal putative genes and metabolic pathways involved with the feed conversion ratio in beef cattle. **Journal of Applied Genetics**, 57, 495–504.
- Sharma, U.; Banerjee, P.; Joshi, J.; Kapoor, P.; Vijh, R. K. QTL milk fat percentage in buffaloes. **Indian Journal of Animal Sciences**, 88, 6, 714–723, 2018.



Análise de enriquecimento de ontologia genética dos genes *CYP7A1*, *RXRG* e *BTBD1* associados a conformação corporal em bovinos Nelore

Pamela Carla Machado^{1*}, Luiz F. Brito², Rafaela Martins¹, Leticia Sikorski Caldeira¹, Rita Carolina Gaia¹, Emanueli de Fátima Pereira da Silva¹, Gabriele Ratke Morgan¹, Henrique Alberto Mulim³, Luiz Fernando Batista Pinto³, Márcio Ribeiro Silva⁴, Victor Breno Pedrosa¹.

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

³Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

⁴Agropecuária Katayama, Guarapes, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: pamcarlamac@gmail.com

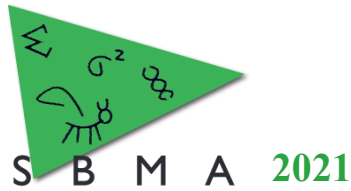
Resumo: O objetivo do trabalho foi analisar as vias biológicas que os genes *CYP7A1*, *RXRG* e *BTBD1* participam e como influenciam na expressão da característica de conformação corporal em bovinos Nelore. As medições baseadas em escores visuais (ajustadas para 18 meses de idade) foram coletadas em 20.807 indivíduos, com 39.503 animais no arquivo de pedigree. Do total de animais, 2.775 foram genotipados usando o chip SNP GGP-indicus 35K, contendo 31.737 SNPs após o controle de qualidade. As análises foram realizadas pelo método de single-step GWAS (ssGWAS) através dos programas da família BLUPF90, que aferiram as variações para janelas genômicas contendo 10 polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) contínuos. Os genes candidatos foram identificados pelo banco de dados ENSEMBL, considerando aqueles cujas regiões apresentaram valores iguais ou superiores a 1% da variância genética aditiva total. Por fim, houve a verificação da base de dados PANTHER com o intuito de identificar quais vias ontológicas os genes desempenhavam suas funções. Os genes *CYP7A1*, *RXRG* e *BTBD1* foram localizados nos cromossomos 3, 14 e 21, respectivamente, desempenhando múltiplas funções relacionadas ao metabolismo lipídico, síntese de compostos, neurogênese e desenvolvimento de estrutura anatômica. A incorporação das análises de termos ontológicos nos resultados de ssGWAS fornecem uma melhor compreensão a nível molecular da arquitetura gênica envolvida no desenvolvimento da estrutura corporal em bovinos Nelore.

Palavras-chave: vias biológicas, genes candidatos, metabolismo lipídico, desenvolvimento corporal.

Gene ontology enrichment analysis of *CYP7A1*, *RXRG* and *BTBD1* genes associated with body conformation in Nellore cattle

Abstract: The objective of this work was to analyze the biological pathways that the genes *CYP7A1*, *RXRG* and *BTBD1* participate and how they influence the expression of the body conformation characteristic in Nellore cattle. Measurements based on visual scores (adjusted for 18 months of age) were collected from 20,807 individuals, with 39,503 animals in the pedigree file. Of the total animals, 2,775 were genotyped using the SNP GGP-indicus 35K chip, containing 31,737 SNPs after quality control. The analyzes were performed by the single-step GWAS method (ssGWAS) using the BLUPF90 family programs, which measured the variations for genomic windows containing 10 continuous single nucleotide polymorphisms (SNPs). Candidate genes were identified by the ENSEMBL database, considering those whose regions presented values equal to or greater than 1% of the total additive genetic variance. Finally, there was a verification of the PANTHER database in order to identify which ontological pathways the genes performed their functions. The genes *CYP7A1*, *RXRG* and *BTBD1* were located on chromosomes 3, 14 and 21, respectively, playing multiple functions related to lipid metabolism, compound synthesis, neurogenesis and development of anatomical structure. The incorporation of ontological term analyzes in the ssGWAS results provides a better understanding at the molecular level of the gene architecture involved in the development of body structure in Nellore cattle.

Keywords: biological pathways, candidate genes, lipid metabolism, body development.



Introdução

O avanço da biologia molecular ao nível de DNA aumentou a necessidade de desenvolvimento de ferramentas para análises do genoma, oportunizando a compreensão da arquitetura gênica dos genes candidatos envolvidos na expressão de características importantes na produção animal. Nesse âmbito, a percepção da atuação biológica funcional dos diferentes genes sob a expressão de características de interesse comercial é considerada uma alternativa viável no complemento de estudos de associação genômica ampla (WANG; LI; HAKONARSON, 2010). O conjunto de conhecimento genômico e de ontologias gênicas decorrentes do mapeamento de QTLs são disponibilizados em bancos de dados de acesso público, elaborados para auxiliar a transferência de informações entre concepções distintas da análise genética, classificando os genes em termos ontológicos conforme seus aspectos funcionais. (HU; PARK; REECY, 2019). O objetivo desse trabalho foi investigar a relação da expressão dos genes *CYP7A1*, *RXRG* e *BTBD1* frente a conformação corporal de bovinos da raça Nelore, identificando as vias GO que os mesmos participam e que possam estar envolvidas com tal característica.

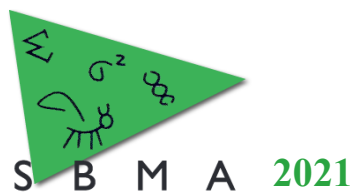
Material e Métodos

Foram utilizados registros fenotípicos de 20.807 bovinos da raça Nelore, oriundos de fazendas pertencentes a Agropecuária Katayama Ltda, distribuídas em três estados brasileiros (São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul). Os nascimentos dos indivíduos datavam de 2009 a 2018 e o arquivo de fenótipos apresentou dados de escore visual, mensurados aos 18 meses de idade, para a característica de conformação corporal (CONF). Do total de indivíduos, 2.775 animais foram genotipados utilizando o painel SNP GGP-Indicus 35K (Neogen Company), em que, após controle de qualidade, resultaram em 31.737 SNPs. O DNA foi extraído a partir de amostras de folículos pilosos e sua concentração (ng/uL) e grau de pureza foram mensuradas por espectrofotometria. Os procedimentos para controle de qualidade foram realizados utilizando a família de programas BLUPF90, onde foram excluídos os animais com taxa de chamada inferior a 0,90, SNPs não autossômicos, SNPs na mesma posição, ou com menor frequência alélica inferior a 0,05 (MISZTAL et al., 2018). Para a análise final foram considerados.

As análises ssGWAS foram realizadas seguindo como base a metodologia GBLUP de passo único, por meio dos programas da família BLUPF90 (MISZTAL et al., 2018). Após a realização do ssGWAS, as janelas genômicas que explicaram mais de 1% da variância genética aditiva total da característica foram consideradas as regiões genômicas mais significativas. Os genes candidatos posicionais localizados nessas regiões foram identificados com base do conjunto de dados Ensembl, através da ferramenta BioMart. Ao todo, foram encontrados 27 genes para CONF, que em sequência foram submetidos a análises de ontologia genética (GO) no minerador de banco de dados PANTHER, para averiguação de quais vias GOs esses genes estavam participando e que pudessem auxiliar na compreensão do desenvolvimento da conformação corporal em bovinos Nelore.

Resultados e Discussão

Os genes *RXRG*, *CYP7A1* e *BTBD1* foram encontrados nos cromossomos 3, 14 e 21, respectivamente, e juntos participam de 11 vias GO envolvidas em processos biológicos distintos relacionados ao metabolismo lipídico e desenvolvimento anatômico (Tabela 1). A ontologia genética (GO) verificada para o gene *RXRG* confirmou seu envolvimento em vias relacionadas a resposta ao ácido químico (GO:0001101) e desenvolvimento corporal: desenvolvimento da estrutura anatômica (GO:0048856), processo de desenvolvimento (GO:0032502), além de diferenciação celular (GO:0030154). A atuação do *RXRG* na diferenciação celular pode ser explicada por sua ação na síntese de células germinativas primordiais através da regulação do canal de sinalização (CHENG et al., 2018). Já a importância do gene *CYP7A1* sob a estrutura corporal foi constatada em vias associadas ao metabolismo lipídico: homeostase do colesterol (GO:0006694) e lipídica (GO:0055088); processo biossintético de esteroides (GO:0006694), de ácido monocarboxílico (GO:0072330) e de compostos hidroxorgânicos (GO:1901617). Como o próprio nome indica (Colesterol 7 α -hidroxilase), esse gene atua na manutenção da homeostase do colesterol e seus polimorfismos influenciam diretamente na expressão de outros genes relacionados ao metabolismo lipídico (QIN et al., 2018). Assim como o gene *RXRG*, o gene *BTBD1* também esteve presente em vias biológicas relacionadas ao desenvolvimento corporal, além de possuir termos GO conhecidos em processos de neurogênese (GO:0022008). O mesmo



pertence à família BTB composta por 4 genes considerados progenitores neurais, sendo considerado essencial para a proliferação e diferenciação de células musculares (PISANI, et al., 2004).

Tabela 1: Funções biológicas importantes identificadas a partir da análise de ontologia genica para a conformação corporal em bovinos da raça Nelore.

GO ¹	P-value ²	Função ³	Gene ⁴
GO:0042632	1,96E-02	Homeostase do colesterol	<i>CYP7A1</i>
GO:0055088	3,99E-02	Homeostase lipídica	<i>CYP7A1</i>
GO:0006694	2,93E-02	Processo biossintético de esteróides	<i>CYP7A1</i>
GO:0001101	4,20E-02	Resposta ao ácido químico	<i>RXRG</i>
GO:0072330	4,31E-02	Processo biossintético de ácido monocarboxílico	<i>CYP7A1</i>
GO:1901617	4,42E-02	Processo biossintético de composto hidróxi orgânico	<i>CYP7A1</i>
GO:0022008	4,58E-02	Neurogênese	<i>BTBD1</i>
GO:0048731	4,46E-02	Desenvolvimento de sistema	<i>BTBD1</i>
GO:0048856	2,54E-02	Desenvolvimento da estrutura anatômica	<i>RGRX; BTBD1</i>
GO:0032502	3,75E-02	Processo de desenvolvimento	<i>RGRX; BTBD1</i>
GO:0030154	4,58E-02	Diferenciação celular	<i>RGRX</i>

¹ GO – ontológica genica; ² P-value – p5%; ³Função; ⁴ Genes – Genes em cada GO

Conclusão

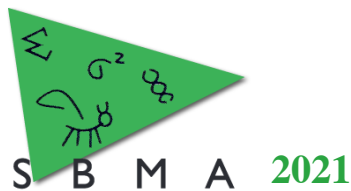
O estudo demonstrou a importância da identificação das vias ontológica que os genes *CYP7A1*, *RXRG* e *BTBD1* atuam, relacionados a característica visual de conformação corporal, destacando as funções biológicas envolvidas em múltiplos processos de metabolismo lipídico e desenvolvimento corporal, além do envolvimento dos genes *BTBD1* e *RXRG* em vias relacionadas a neurogênese e diferenciação celular, respectivamente.

Agradecimentos

À Katayama Agropecuária pelo fornecimento do banco de dados. Ao CNPq e CAPES pela concessão de bolsas e recursos para o desenvolvimento desta pesquisa.

Literatura citada

- Cheng, S., Wang, M., Wang, Y., Zhang, C., Wang, Y., Song, J., Zuo, Q., Zhang, Y., Li, B. RXRG associated in PPAR signal regulated the differentiation of primordial germ cell. **Journal of cellular biochemistry**, v. 119, n. 8, p. 6926-6934, 2018.
- Hu, Z.L., Park, C.A., Reecy, J.M. Building a livestock genetic and genomic information knowledgebase through integrative developments of Animal QTLdb and CorrDB. **Nucleic Acids Research**, v. 47, n. 1, p. 701–710, 2019.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D.A.L., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. v. 2018, 2018.
- Pisani, D.F., Cabane, C., Derijard, B., Dechesne, C.A. The topoisomerase 1-interacting protein BTBD1 is essential for muscle cell differentiation. **Cell Death and Differentiation**, v. 11, n. 1, 2004.
- Qin, Y.Y., Zhang, Y.Y., Luo, H.L., Wu, L. Genetic Association of The CYP7A1 Gene with Duck Lipid Traits. **BioRxiv**, v.1, n. 1, p.1–21, 2018.
- Wang, K., Li, M., Hakonarson, H. Analysing biological pathways in genome-wide association studies. **Nature Reviews Genetics**, v. 11, n. 1, p. 843–854, 2010.



Estudo de associação genômica ampla para característica de precocidade de acabamento mensurada por avaliação visual em bovinos Nelore.

Leticia Sikorski Caldeira¹, Pamela Carla Machado^{1*}, Luiz F. Brito², Rafaela Martins¹, Rita Carolina Gaia¹, Emanuel de Fátima Pereira da Silva¹, Gabriele Ratke Morgan¹, Henrique Alberto Mulim³, Luiz Fernando Batista Pinto³, Marcio Ribeiro da Silva⁴, Victor Breno Pedrosa*.

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Purdue University, West Lafayette, Indiana, Estados Unidos.

³Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, Bahia, Brasil.

⁴Agropecuária Katayama, Guarapés, São Paulo, Brasil.

*Autor correspondente: vbpedrosa@uepg.br

Resumo: Os estudos de associação genômica ampla relacionam as informações moleculares com as características de interesse econômico, como por exemplo, a precocidade de carcaça em bovinos. Esse estudo teve como objetivo a detecção de regiões genômicas e de genes candidatos associados a característica de precocidade avaliada visualmente em bovinos da raça Nelore. As informações fenotípicas foram mensuradas aos 18 meses de idade, em 20.807 bovinos, provenientes dos rebanhos da Agropecuária Katayama Ltda, dos quais, 2.775 foram genotipados com chips de SNPs GGP-Indicus 35k. Após o controle de qualidade, o conjunto de dados foi analisado por meio da metodologia ssGWAS, processadas por meio dos programas da família BLUPF90. A lista dos genes candidatos foi determinada utilizando a ferramenta BioMart, por intermédio do banco de dados Ensembl. Os 26 genes encontrados nos cromossomos BTA2, BTA3, BTA8 e BTA23 explicaram 59,41% da variância genética total. Os genes de maior relevância neste trabalho foram o *GSTA5* e *ELOVL5*, em decorrência de sua relação com a qualidade da carne e carcaça, espessura de gordura subcutânea e metabolismo lipídico. A partir deste estudo foi possível detectar a presença de polimorfismos associados a precocidade de acabamento de carcaça, em que estes podem ser incorporados em chips comerciais após validação em futuros estudos com bovinos de corte.

Palavras-chave: bovino de corte, gene candidato, marcadores moleculares.

Genome-wide association studies for production precocity measured by visual scores in Nelore cattle.

Abstract: The genome-wide association studies relate molecular information with traits of economic interest, such as carcass precocity in cattle. This study aimed to detect genomic regions and candidate genes associated with the characteristic of precocity evaluated visually in Nelore cattle. The phenotypic information was measured at 18 months of age in 20,807 cattle from the herds of Agropecuária Katayama Ltda, of which, 2,775 were genotyped with GGP-Indicus 35k SNP chips. After quality control, the data set was analyzed using the ssGWAS methodology, processed using BLUPF90 family programs. The list of candidate genes was determined using the BioMart tool, through the Ensembl database. The 26 genes found on chromosomes BTA2, BTA3, BTA8 and BTA23 explained 59.41% of the total genetic variance. The most relevant genes in this study were *GSTA5* and *ELOVL5*, due to their relationship with meat and carcass quality, subcutaneous fat thickness and lipid metabolism. From this study it was possible to detect the presence of polymorphisms associated with precocity of carcass finishing, which can be incorporated into commercial chips after validation in future studies with beef cattle.

Keywords: beef cattle, candidate genes, molecular markers.

Introdução

Os sistemas de produção de gado de corte no Brasil são predominantemente baseados em raças zebuínas, como o Nelore, principalmente pela sua facilidade de adaptação em condições tropicais. Entretanto, esses animais apresentam demora para atingir a idade ao abate, reduzindo a eficiência nos sistemas de produção. Em vista disso, a seleção genética para característica de precocidade de terminação

tem se mantido em destaque para melhorar os índices produtivos nas propriedades consequentemente diminuindo o tempo do ciclo de produção (COSTA *et al.*, 2015).

A utilização dos painéis de marcadores do tipo SNP em estudos de associação genômica ampla (GWAS) para características de interesse econômico como a precocidade de terminação, tem a finalidade de identificar regiões e genes que possam explicar a herança da característica analisada, demonstrando grande importância nos programas de melhoramento genético (COSTA *et al.*, 2015). Assim, o objetivo desse trabalho foi realizar um estudo de associação genômica ampla, utilizando a metodologia single-step (ssGWAS) na identificação de genes associados a características de precocidade em bovinos Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas de 20.807 bovinos da raça Nelore, nascidos entre os anos de 2009 a 2018, mensurados aos 18 meses de idade, distribuídos nos rebanhos da Agropecuária Katayama Ltda, localizados nos estados de São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. Os fenótipos foram mensurados via avaliação de escores visuais, em que os animais de menor precocidade de acabamento receberam escore 1 e os animais mais precoces escore 5. Do total de animais, 2775 indivíduos foram genotipados com chips de SNPs GGP-Indicus 35K. O controle de qualidade para os SNPs excluiu os SNPs com Call rate abaixo de 0.9, SNPs não autossômicos, SNPs de posição desconhecida ou duplicadas, SNPs com alelo de menor frequência (MAF) < 0,05; SNPs que falharam no teste de equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE) $\leq 10^{-5}$ e SNPs fortemente correlacionados ($r^2 > 0,995$). Após o controle de qualidade, 31.737 SNPs foram utilizados para as análises. As informações genômicas foram extraídas de folículos pilosos baseado na extração com Fenol-Clorofórmio. As análises de associação foram realizadas utilizando-se a metodologia ssGBLUP, processadas por meio dos programas da família BLUPF90 (MISZTAL *et al.*, 2018). Os resultados foram apresentados com base na proporção da variância aditiva total, explicada por uma janela genômica de 10 SNPs adjacentes e os marcadores considerados significativos, foram aqueles que explicaram no mínimo 1% da variância genética da característica. A lista de genes candidatos foi determinada por meio da ferramenta BioMart, utilizando o banco de dados Ensembl.

Resultados e Discussão

Os resultados das análises ssGWAS encontraram 26 regiões genômicas distribuídas ao longo dos cromossomos BTA2, BTA3, BTA8 e BTA23 (Figura 1). Essas regiões abrigaram 26 genes e explicaram individualmente de 5,28% a 1,04% da variância genética aditiva total. Dentre as regiões genômicas associadas a precocidade, a região que apresentou o maior pico foi encontrada no BTA23 25165091:25171927, associado ao gene *GSTA5* que previamente já foi associado a maciez e diversas características de qualidade de carne em raças bovinas francesas destinadas ao corte. (CALDAS *et al.*, 2016)

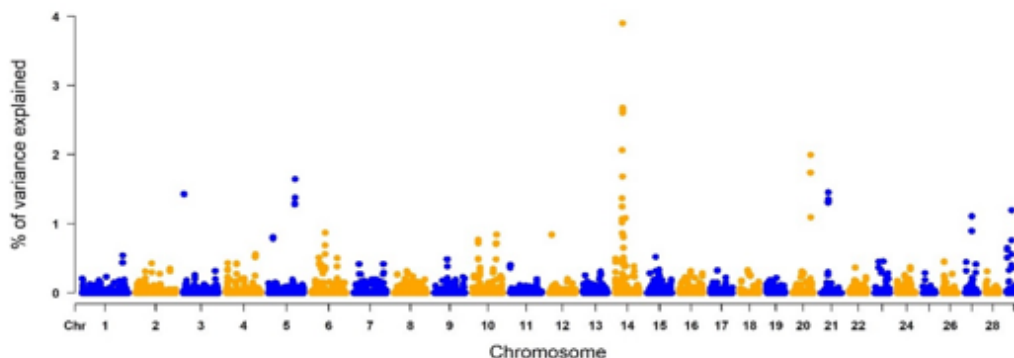
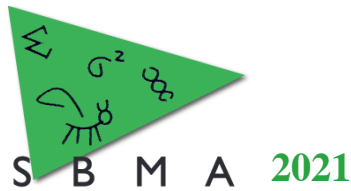


Figura 1. Manhattan plot da porcentagem de variância genética aditiva explicada por janelas de 10 SNPs adjacentes para as características de precocidade de acabamento (PREC) em bovinos Nelore.



Alguns dos genes encontrados apresentam funções muito importantes para as características de interesse zootécnico como o *PIDI*, considerado um gene candidato para depósito de gordura em suínos e também relacionado com a deposição de gordura intramuscular em ovelhas e aves. Além deste, o gene *BCL9* é frequentemente associado com a diferenciação miogênica durante o desenvolvimento e regeneração muscular. A adipogênese é um importante processo metabólico de grande interesse econômico em bovinos de corte, onde o gene *DNER* está associado com a diferenciação de células mesenquimais em adipócitos. Em um estudo conduzido por Clark et al. (2011), foi observado que a expressão deste gene foi inversamente correlacionada ao nível de marmorização, onde o aumento da gordura intramuscular foi fundamentado pela multiplicação da quantidade de adipócitos diferenciados, consequentemente houve queda na expressão de *DNER*. O gene *RNF115* encontrado no cromossomo BTA3, foi associado ao conteúdo de gordura intramuscular em bovinos Nelore (SILVA *et al.*, 2020).

Os genes que demonstram maior efeito sobre a característica foram o *GSTA5*, *CILK1*, *ELOVL5*, *BOLA-DQB* e *GSTA2*. A presença desses genes está associada com a ciliogênese (*CILK1*), folículos dominantes no ovário e também características de qualidade de carne (*GSTA5*), mecanismos imunológicos e composição do leite (*BOLA-DQB*) e expressão em tecidos como células da granulosa, corpo lúteo e cotilédones placentários (*GSTA2*). O gene *ELOVL5* é um dos genes mais importantes associados a característica de precocidade produtiva, pois este encontra-se envolvido em várias funções importantes para a característica, como a codificação de enzimas que desempenham papéis de suma importância no alongamento de ácidos graxos de cadeia longa, síntese do ácido palmítico (C16:0), ácido palmitoléico (C16:1), ácido esteárico (C18:1) que são os principais ácidos graxos presentes na carne bovina (MATSUMOTO *et al.*, 2013).

Conclusão

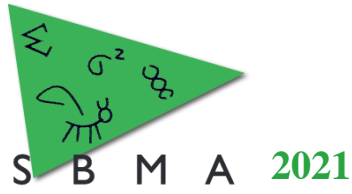
Dos 26 genes encontrados, os que apresentaram maior relevância para a característica estudada foram o *GSTA5* e *ELOVL5*, os quais estão envolvidos diretamente com características de interesse econômico, como a qualidade da carne e carcaça, espessura de gordura subcutânea e metabolismo lipídico. A relação destes genes com estes traços é de suma importância, visto que interferem na característica de precocidade de produção. A identificação destes genes torna possível a seleção mais intensificada dos animais, podendo ser utilizado em programas de melhoramento genético.

Agradecimentos

Á Agropecuária Katayama Ltda. pelo fornecimento do banco de dados para realização do presente trabalho. A CAPES, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela concessão da bolsa de estudos.

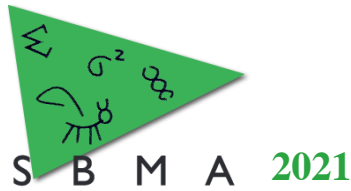
Literatura citada

- BRACK, A. S. *et al.* BCL9 is an essential component of canonical Wnt signaling that mediates the differentiation of myogenic progenitors during muscle regeneration. **Developmental Biology**, v. 335, n. 1, p. 93–105, 2009.
- CALDAS, Y. R. *et al.* Multi-breed and multi-trait co-association analysis of meat tenderness and other meat quality traits in three French beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, n. 1, p. 1–9, 2016.
- CLARK, D. L. *et al.* Muscle gene expression associated with increased marbling in beef cattle. **Animal Biotechnology**, v. 22, n. 2, p. 51–63, 2011.
- MISZTAL, I. *et al.* Manual for BLUPF90 family of programs. v. 2018, 2018.
- COSTA, R. B. *et al.* Genome-wide association study of reproductive traits in Nelore heifers using Bayesian inference. **Genetics Selection Evolution**, v. 47, n. 1, p. 1–9, 2015.
- MATSUMOTO, H. *et al.* The SNP in the promoter region of the bovine *ELOVL5* gene influences economic traits including subcutaneous fat thickness. **Molecular Biology Reports**, v. 40, n. 4, p. 3231–3237, 2013.
- SILVA, D. B. S. Spliced genes in muscle from Nelore Cattle and their association with carcass and meat



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

quality. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 1–13, 2020.



Análise funcional de genes diferencialmente expressos em bovinos Nelore com valores extremos para ácidos graxos.

João Inácio Gomes Vieira¹, Luana Rafaela de Moraes¹, Aline Auxiliadora Silva Fernandes¹, Aline Gabrielly de Oliveira Freitas¹, Cristina Moreira Bonafé¹, Ana Fabrícia Braga Magalhães, Lucas Lima Verardo¹.

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG, Brasil.

*João Inácio Gomes Vieira: Joaoinaciozoo@hotmail.com

Resumo: A criação de bovinos evoluiu sobremaneira nos últimos anos, pressionada por um mercado cada vez mais exigente por produtos saudáveis e produzidos de forma sustentável, portanto, o estudo do perfil de ácidos graxos presentes na carne dos bovinos vem ganhando destaque nos grupos de pesquisa em todo o mundo. Existe uma demanda em compreender melhor quais mecanismos biológicos estão atuando na expressão de diferentes fenótipos. Objetivou-se com este estudo realizar uma análise funcional *in silico* de genes diferencialmente expressos no músculo *longissimus thoracis* de 48 touros Nelore com fenótipos extremos para composição de ácidos graxos da gordura intramuscular pela técnica de RNA-seq. Para isso, foram utilizados genes previamente obtidos a partir de estudo realizado, em que foram submetidos a uma análise funcional para obtenção de uma rede gene-processo biológico em que os genes *ACSS1*, *ACSM3*, *PPARA* e *LIPE* ficaram em destaque, permitindo um melhor entendimento dos processos biológicos associados a genes com possível envolvimento no perfil de ácidos graxos do músculo de bovinos Nelore.

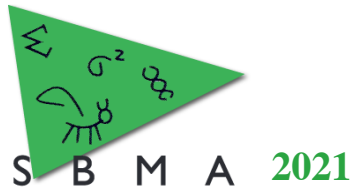
Palavras-chave: RNAseq, Nelore, processos biológicos, redes gênicas.

Abstract: The cattle production has evolved greatly in recent years, moved by an increasingly demanding market for healthy and sustainably active products; therefore, the study of the fatty acid profile present in beef has been gaining prominence in research groups Worldwide. There is a demand to better understand of which biological mechanisms are acting in the expression of different phenotypes. The aim of this study was to perform an *in silico* functional analysis of differentially expressed genes in the *longissimus thoracis* muscle of 48 Nellore bulls with extreme phenotypes for fatty acid composition of intramuscular fat by the RNA-seq technique. For this, genes previously obtained from a study performed, in which we used for an *in silico* functional analysis to obtain a gene-biological process network in which the genes *ACSS1*, *ACSM3*, *PPARA* and *LIPE* were highlighted, allowing a better understanding of the biological processes associated with genes with possible involvement in the fatty acid profile of muscle in Nelore cattle.

Keywords: RNAseq, Nelore, biological processes, gene networks.

Introdução

A bovinocultura tem acumulado avanços consideráveis ano a ano em todos os seguimentos de sua cadeia produtiva, impulsionados por uma demanda cada vez mais preocupada com a qualidade e segurança dos produtos os quais consomem. Nos últimos anos tem se percebido, por parte dos consumidores, uma maior atenção as possíveis implicações do consumo de alimentos que a longo prazo podem estar relacionados a saúde. Os produtos de origem animal em especial a carne, merecem atenção quanto a aspectos nutricionais importantes. O consumo da carne bovina é uma importante fonte de aminoácidos essenciais, ferro, zinco, vitaminas do complexo B, ácidos graxos polinsaturados essenciais (PUFA), monoinsaturados (MUFA) e saturados (SFA) para a dieta humana, e a gordura intramuscular exerce influência no sabor, maciez e no seu valor nutricional, podendo impactar na saúde das pessoas as quais consomem. Objetivou-se com este estudo realizar uma análise funcional *in silico* (pós-RNAseq) de genes previamente identificados em um estudo de RNAseq em Nelores com fenótipos extremos para composição de ácidos graxos na gordura intramuscular (BERTON et al., 2016). Para isso, os genes diferencialmente expressos foram utilizados na construção de uma rede gene-processo biológico, destacando os principais processos relacionados a ácidos graxos.



Material e Métodos

Neste estudo, foram analisados genes diferencialmente expressos no músculo *longissimus thoracis* previamente identificadas em animais com fenótipos extremos para composição de ácidos graxos da gordura intramuscular pela técnica de RNA-seq (BERTON et al., 2016). Uma rede de processos biológicos foi obtida através do programa Cytoscape (SHANNON et al., 2003) via plug-in ClueGO (BINDEA et al., 2009). Nesta análise, foi utilizado como entrada do programa 14 genes diferencialmente expressos identificados regulados positivamente e 18 regulados negativamente para composições de ácidos graxos no músculo *longissimus thoracis*. O teste hipergeométrico de dois lados e correção de Bonferroni foi utilizado para construir uma rede destacando os processos biológicos e suas relações entre os genes associados aos fenótipos de alta de baixa gordura intramuscular.

Resultados e Discussão

A partir dos genes diferencialmente expressos no músculo de bovinos Nelore com alta e baixa gordura intramuscular, de acordo com a análise de RNAseq, a análise funcional destacou alguns processos biológicos altamente expressos a partir dos genes negativamente regulados: LIPE para a relação PUFA/SFA; PPARA para ômega 6; ACSM3 para C18:2cis-9cis-12, PUFA, SFA, ômega 3 e o gene ACSS1 positivamente regulado para C14:0, C16:0, C18:0, SFA. Diferentes processos biológicos foram associados aos genes identificados nos animais de alto e baixo perfil de gordura intramuscular.

Destes, de acordo com a Figura 1 e dentro do grupo dos genes regulados negativamente, podemos observar que o gene *LIPE*, responsável pela expressão da lipase sensível a hormônio, tem papel fundamental na mobilização dos acilgliceróis, atuando na hidrólise de uma série de ésteres. Neste sentido, fornecendo ácidos graxos livres diretamente ao corpo, sendo possível que essa ação seja moduladora da composição dos ácidos graxos da carne (GOSZCZYNSKI et al., 2014). Ainda sobre o gene *LIPE* é possível observar na rede processos biológicos mais enriquecidos como processos metabólicos de ácidos graxos e processos metabólicos lipídico neural, que também foram compartilhados com outros genes em destaque na rede.

Outro gene que ficou em destaque na rede foi o gene *PPARA*, importante na regulação positiva da glicose metabólica e oxidação lipídica, este gene é tido como relevante na síntese de ácidos graxos no músculo, e apresentou maior expressão em animais que receberam dieta com altas concentrações de PUFAs (TEIXEIRA et al., 2017). Ainda sobre os genes regulados negativamente para ácidos graxos, merecendo destaque, o gene *ACSM3* se destacou na rede gene-processo biológico relacionado ao metabolismo da acetil-CoA e biossíntese de ácidos graxos. Segundo Shrestha et al. (2020), acredita-se que esse gene tem papel importante na ativação dos ácidos graxos para sua utilização na produção de energia por meio da beta-oxidação mitocondrial. Dentro do grupo dos genes regulados positivamente, o gene *ACSS1*, o qual está relacionado aos processos de metabolismo do acetil-CoA e biossíntese de acetil-CoA na rede, possivelmente atua em conjunto com o gene *ACATI*, pois tem processos biológicos compartilhados, atuando supostamente na transformação da acetil-CoA em ácidos graxos por meio e vias metabólicas envolvendo o acetil-CoA, que também foi observado por Berton et al. (2016).

Esta análise destaca a importância dos processos biológicos associados a genes com possível ação no músculo esquelético de bovinos, sendo importante no entendimento da arquitetura genética envolvida na expressão de fenótipos que impactam positiva ou negativamente na qualidade da carne. Além disso, a rede gene-processo biológico mostra um maior enriquecimento de genes envolvidos no metabolismo da gordura intramuscular, sugerindo uma possível modulação do perfil de ácidos graxos da carne.

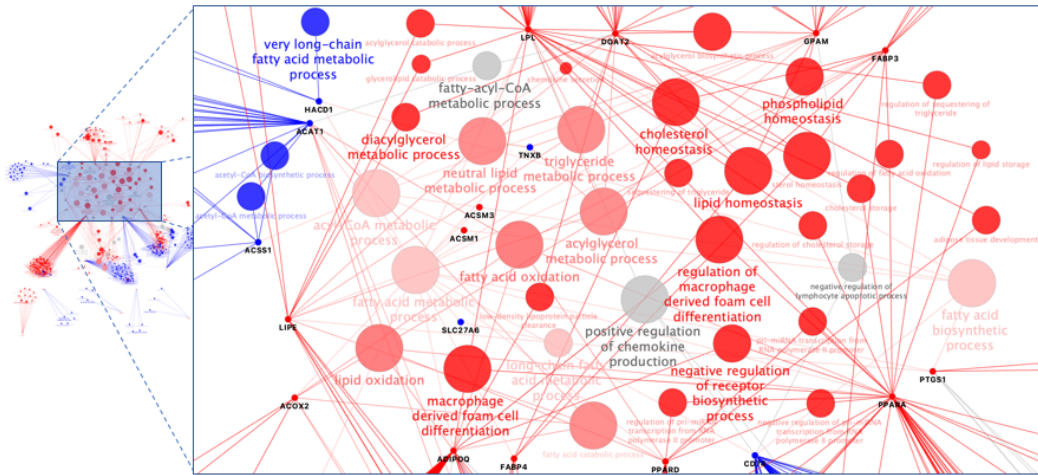


Figura 1. Redes funcionais entre genes e processos biológicos, associados a bovinos com valores extremos de ácidos graxos (BERTON et al., 2016). Principais redes de interação entre processos biológicos e genes (nós). Nós azuis são associados a genes regulados positivamente e nós vermelhos associados a genes regulados negativamente para ácidos graxos. Nós cinzas significam processos compartilhados entre os genes dos dois grupos. O tamanho do nó representa o enriquecimento do processo de acordo com o plug-in ClueGO Cytoscape (BINDEA et al., 2009). Os termos mais enriquecidos por grupo estão em negrito.

Conclusão

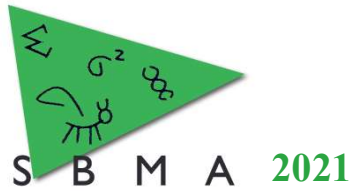
A partir da construção da rede gene-processo biológico, foi possível realizar análises *in silico* dos genes diferentemente expressos em bovinos Nelore com valores extremos para ácidos graxos. Com isso, podemos sugerir uma possível ação dos genes *ACSS1*, *ACSM3*, *PPARA* e *LIPE* em processos biológicos relacionados ao perfil de ácidos graxos no músculo destes animais.

Agradecimentos

Agradeço ao CNPq e FAPEMIG (N.: APQ-01834-18) pelo apoio financeiro e a universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri pela oportunidade de estudo.

Literatura citada

- Berton, M. P., Fonseca, L. F., Gimenez, D. F., Utembergue, B. L., Cesar, A. S., Coutinho, L. L., ... & Baldi, F. (2016). Gene expression profile of intramuscular muscle in Nelore cattle with extreme values of fatty acid. **BMC genomics**, 17(1), 1-16.
- Bindea, G., Mlecnik, B., Hackl, H., Charoentong, P., Tosolini, M., Kirilovsky, A., ... & Galon, J. (2009). ClueGO: a Cytoscape plug-in to decipher functionally grouped gene ontology and pathway annotation networks. **Bioinformatics**, 25(8), 1091-1093.
- Goszczyński, D. E., Mazzucco, J. P., Ripoli, M. V., Villarreal, E. L., Rogberg-Muñoz, A., Mezzadra, C. A., ... & Giovambattista, G. (2014). Characterization of the bovine gene *LIPE* and possible influence on fatty acid composition of meat. **Meta gene**, 2, 746-760.
- Shannon P., Markiel A., Ozier O., Baliga N. S., Wang J. T., Ramage D. & Ideker T. 2003. Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. **Genome research**, 13(11), 2498-2504.
- Shrestha, R. K., Townley, S., Hanson, A., Pickering, M., Nassar, Z. D., Mah, C. Y., ... & Selth, L. A. (2020). Abstract PO-036: *ACSM1* and *ACSM3* regulate fatty acid oxidation in prostate cancer.
- Teixeira, P. D., Oliveira, D. M., Chizzotti, M. L., Chalfun-Junior, A., Coelho, T. C., Gionbelli, M., ... & Ladeira, M. M. (2017). Subspecies and diet affect the expression of genes involved in lipid metabolism and chemical composition of muscle in beef cattle. **Meat Science**, 133, 110-118.



Co-expressão gênica diferencial do músculo *Longissimus thoracis* associado ao perfil de ácidos graxos em bovinos da raça Nelore

Gustavo Pimenta Schettini^{1*}, Alejandra Maria Toro Ospina², Wellington Bizarria dos Santos¹, Elisa Peripolli³, Pâmela Almeida Alexandre⁴, Rogério Abdallah Curi⁵, Fernando Baldi¹.

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

²Universidad de la Amazonia, Florencia, Caquetá, Colômbia.

³Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade de São Paulo (USP), Pirassununga, SP, Brasil.

⁴Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO), Agriculture & Food, Brisbane, Queensland, Austrália.

⁵Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: g.schettini@unesp.br

Resumo: A carne bovina é fonte ácidos graxos (AG) responsáveis por impactar a saúde humana, em especial acerca de enfermidades cardiovasculares. Tal fenótipo possui caráter complexo e poligênico. Característica que limita estudos de associação genômica ampla (GWAS) ao apontar regiões gênicas que explicam grande parte da variância genética. Já as análises de genes diferencialmente expressos (DGE) embora tenham apontado *hub* genes importantes ao perfil de AG, a sua avaliação isolada também apresenta limitações, uma vez que não é possível apontar genes que não são diferencialmente expressos. Surge, desta forma, a análise de co-expressão diferencial (DCO) que é capaz de avaliar os padrões das redes gênicas e apontar genes melhor conectados ao fenótipo. Logo, o estudo objetivou identificar genes diferencialmente co-expressos no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento associados ao perfil de AG. 44 touros foram amostrados e considerados 14 fenótipos entre AG individuais, somatórios e razões. Foram identificados 759 genes únicos, em que o ácido oleico ($n=358$) e o somatório de AG monoinsaturados ($n=120$) foram expressivos. Destaque aos genes *PPP5C* e *ASB5* com maiores valores de conectividade diferencial, e o gene *ERLIN1* com capacidade de impactar e moldar o perfil de AG na musculatura de bovinos. Esses achados contribuem para a melhor compreensão dos mecanismos genéticos subjacentes ao perfil de AG de bovinos Nelore terminados em confinamento.

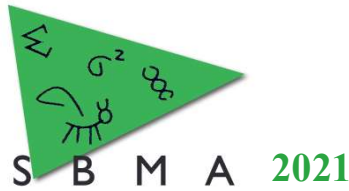
Palavras-chave: *Bos taurus indicus*, Co-expressão, *Longissimus thoracis*, Perfil de ácidos graxos, Qualidade da carne, RNA-seq.

Differential gene co-expression of *Longissimus thoracis* associated with fatty acid profile in Nellore beef cattle

Abstract: Beef is a source of fatty acids (FA) responsible for impacting human health, especially regarding cardiovascular diseases. This phenotype has a complex and polygenic character. A feature that limits genomic wide association studies (GWAS) by pointing out gene regions that explain a large part of the genetic variance. The differentially expressed genes (DEG) analysis, on the other hand, although they have pointed out important hub genes to the FA profile, their isolated evaluation also has limitations, since it is not possible to point out genes that are not differentially expressed. Thus, the differential co-expression analysis (DCO) is proposed, which is able to assess the patterns of gene networks and pinpoint genes better connected to the phenotype. Therefore, the study aimed to identify differentially co-expressed genes in the *Longissimus thoracis* muscle of Nellore cattle finished in feedlot associated with the FA profile. 44 bulls were sampled and 14 phenotypes among individual FA, sums and ratios were considered. A total of 759 unique DEG were identified, in which oleic acid ($n=358$) and the sum of monounsaturated FA ($n=120$) were expressive. The *PPP5C* and *ASB5* genes stand out with higher differential connectivity values, and the *ERLIN1* gene with the ability to impact and modulate the FA profile in the musculature of cattle. These findings contribute to a better understanding of the genetic mechanisms underlying the FA profile of feedlot finished Nellore cattle.

Keywords: *Bos taurus indicus*, Co-expression, Fatty acid profile, *Longissimus thoracis*, Meat quality, RNA-seq.

Introdução



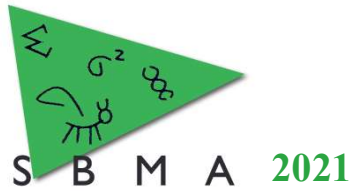
A carne bovina possui alto valor nutricional, sendo fonte de macronutrientes importantes a mecanismos regulatórios e vias metabólicas, tal como ácidos graxos (AG). Destaque especial aos ácidos graxos poli-insaturados (AGPI), linoleico (C18:2 ω -6) e alfa-linolênico (C18:3 ω -3), mas também ao ácido linoleico conjugado (CLA) e AG monoinsaturados (AGMI) por condicionarem proteção a fatores de risco à obesidade e enfermidades cardiovasculares (Wood et al., 2008). Uma vez que estudos de associação genômica ampla (GWAS) apresentam dificuldades em identificar regiões capazes de explicar grande parte da variância genética ao perfil de AG intramuscular em bovinos, as análises transcriptômicas, ao avaliar a expressão gênica global, auxiliam na compreensão de mecanismos genéticos subjacentes às estas características complexas (Hudson et al., 2012). Dentre estas, a análise de genes diferencialmente expressos (GDE) é amplamente difundida e embora tenha apresentado informações importantes de GDE com potencial de impactar no fenótipo final, esta análise não nos permite compreender totalmente características complexas, uma vez que aponta somente GDE. Portanto, a análise de co-expressão diferencial (DCO) é proposta, visto que é capaz de avaliar os padrões de redes genéticas, sendo possível identificar genes melhor conectados aos fenótipos de interesse (Hudson et al., 2012). Contudo, estudos acerca da co-expressão diferencial de genes associados ao perfil de AG ainda são incipientes, principalmente avaliando um alto número de AG. Desta forma, este estudo teve como objetivo identificar potenciais genes reguladores associados ao perfil de AG do músculo *Longissimus thoracis* de bovinos da raça Nelore terminados em confinamento por meio da análise de DCO.

Material e Métodos

Foram amostrados 44 touros jovens da raça Nelore terminados em confinamento e abatidos com idade média de 24 meses e peso de 550kg. Amostras do músculo *Longissimus thoracis* obtidas 48h *post-mortem* foram submetidas a extração e quantificação lipídica, bem como à determinação do perfil de AG. Em seguida realizou-se a extração de RNA total das amostras por meio do reagente TRIzol® (Life Technologies, Carlsbad, CA, USA) e sequenciadas, através do método *paired-end*, em equipamentos HiSeq 2500 (Illumina, San Diego, CA, USA). As *reads* passaram por etapas de controle de qualidade e em seguida foram alinhadas com o genoma de referência *Bos taurus taurus* (ARS-UCD 1.2) e posteriormente performaram a matriz de contagem gênica. Foram avaliados 14 fenótipos, os ácidos mirístico (C14:0), palmítico (C16:0), esteárico (C18:0), oleico (C18:1 ω -9), linoleico (C18:2 ω -6), alfa-linolenico (C18:3 ω -3), e CLA (C18:2 *cis9-trans11*). Os somatórios de AGS, AGMI, AGPI e AG insaturados da cadeia ω -6 e ω -3. Além das razões ω -6/ ω -3 e AGPI/AGS. Para a análise de DCO, os animais foram agrupados em dois grupos de valores extremos para a concentração de cada AG, 15 animais com os maiores valores fenotípicos nos grupos de altas concentrações e os 15 menores nos grupos de baixas concentrações. Performado através do pacote *weighted gene co-expression network analysis* (WGCNA) (Langfelder & Horvath, 2008), foram calculadas medidas de conectividade (K) individuais para cada gene entre os grupos contrastantes e ponderadas pela conectividade total da rede gênica do grupo. Posteriormente a medida de conectividade diferencial (K_{diff}) foi mensurada a partir da subtração dos valores de conectividade do mesmo gene nos dois grupos. Somente os genes com valores modulares de $K_{diff} \geq 0,6$ foram selecionados, dos quais os valores negativos remetiam uma maior conexão aos grupos de baixa concentração e os valores positivos foram melhor conectados aos grupos de alta concentração.

Resultados e Discussão

A análise de DCO identificou genes diferencialmente co-expressos em todos os 14 fenótipos avaliados, sendo o ácido oleico e somatório dos AGMI com, respectivamente, 358 e 120 genes, os mais expressivos. Dentre os genes identificados 229 foram melhor conectados a grupos de alta concentração de AG, 460 relacionados aos grupos de baixa concentração e outros 70 atrelados aos grupos em ambas situações. Destaque aos genes *PPP5C* e *ASB5* com os maiores valores modulares de K_{diff} . O gene *PPP5C* foi melhor conectado aos grupos de baixa concentração do ácido oleico ($K_{diff} = -0,93$) e somatório dos AGMI ($K_{diff} = -0,84$). Tal relação é justificada pela ação pivô da proteína codificada por este gene, PPP5, que é capaz de se ligar a proteína PPAR γ para a promoção da adipogênese e lipogênese celular, conforme descrito por Hinds et al. (2011) em estudo do *knockout* do gene *PPP5C* em células embrionárias de camundongos. Indicando uma relação de importância para a promoção da deposição lipídica e síntese de AG nos grupos de baixas concentrações. Já o gene *ASB5* foi melhor conectado a 7 dos 14 AG avaliados,



apresentou maior conexão aos ácidos graxos linoleico ($K_{diff} = -0,89$), mirístico ($K_{diff} = +0,68$) e ALA ($K_{diff} = -0,93$), os somatórios dos AG insaturados da classe $\omega-3$ ($-0,83$) e $\omega-6$ ($-0,89$) e dos AGPI ($-0,81$) e a razão AGPI:AGS ($-0,82$). A sua ampla relação com o perfil de AG é justificada pela ação em processos de diferenciação e proliferação celular que ocorrem concomitante a deposição de gordura, o que é corroborado por Fonseca et al. (2020) ao identificarem o gene *ASB5 upregulated* em bovinos da raça Nelore com baixa taxa de marmoreio. A identificação dos genes *PPP5C* e *ASB5* melhor conectados, em grande parte, a grupos de baixa concentração de AG indicam uma possível relação destes genes na biossíntese de AG em animais mais tardios, os quais se encontram nos grupos de baixas concentrações. Não obstante, o gene *ERLINI* também foi identificado como diferencialmente co-expresso e melhor conectado aos grupos de baixa concentração do ácido linoleico ($K_{diff} = -0,81$) e ALA ($K_{diff} = -0,76$), somatório dos AGPI ($K_{diff} = -0,74$) e razão AGPI:AGS ($K_{diff} = -0,78$), e ao grupo de alta concentração do ácido mirístico ($K_{diff} = +0,65$). O gene *ERLINI* age sinergicamente com outros genes como *ERLIN2*, *INSIG1*, *INSIG2* e *SCAP* modulando a expressão do gene *SREBF1*, o qual é responsável por mecanismos de homeostase de colesterol, bem como a sinalização para a expressão de genes relacionados a síntese de AG e deposição lipídica (Howe et al., 2016). Fato que indica a função pivô do *ERLINI* sob o perfil de AG e suporta a relação do gene *ERLINI* com cinco dos 14 AG avaliados no presente estudo.

Conclusão

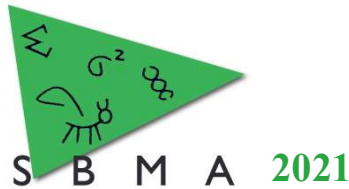
A identificação de genes relacionados ao metabolismo lipídico e síntese de AG no presente estudo contribuem para o melhor entendimento dos mecanismos genéticos que moldam o perfil de AG no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento. Fornecendo informações que podem auxiliar outros estudos -ômicos, além de dar suporte a predições genômicas, ainda não comumente realizadas, para a seleção precoce de animais que possuam um perfil de AG mais saudável.

Agradecimentos

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Universidade Estadual Paulista (FCAV–UNESP) em conjunto com a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), que forneceram todo o apoio para realizar o projeto.

Literatura citada

- Fonseca L.F.S., dos Santos Silva D.B., Gimenez, D.F.J., Baldi, F., Ferro, J.A., Chardulo, L.A.L. & Albuquerque L.G. 2020. Gene expression profiling and identification of hub genes in Nelore cattle with different marbling score levels. **Genomics**, 112, 873-879.
- Hinds T.D., Stechschulte L.A., Cash H.A., Whisler D., Banerjee A., Yong W., Khuder S.S., Kaw M.K., Shou W., Najjar S.M. & Sanchez E.R. 2011. Protein Phosphatase 5 Mediates Lipid Metabolism through Reciprocal Control of Glucocorticoid Receptor and Peroxisome Proliferator-activated Receptor- γ (PPAR γ). **Journal of Biological Chemistry**, 286, 42911-42922.
- Howe V., Sharpe L.J., Alexopoulos S.J., Kunze S.V., Chua N.K., Lib D. & Brown A.J. Cholesterol homeostasis: How do cells sense sterol excess?. **Chemistry and Physics of Lipids**, 199, 170-178.
- Hudson N.J., Dalrymple B.P. & Reverter A. 2012. Beyond differential expression: the quest for causal mutations and effector molecules. **BMC Genomics**, 356, 13.
- Langfelder P. & Horvath S. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis Peter. 2008. **BMC Bioinformatics**, 559,9.
- Wood J.D., Enser M., Fisher A.V., Nute G.R., Sheard P.R., Richardson R.I., Hughes S.I. & Whittington F.M. 2008. Fat deposition, fatty acid composition and meat quality: A review. **Meat science**, 78, 343-358.



Fatores de transcrição associados a concentração do ácido alfa-linolênico no músculo *Longissimus thoracis* em bovinos da raça Nelore terminados em confinamento

Gustavo Pimenta Schettini^{1*}, Alejandra Maria Toro Ospina², Wellington Bizarria dos Santos¹, Elisa Peripolli³, Pâmela Almeida Alexandre⁴, Fernando Baldi¹, Rogério Abdallah Curi⁵

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

²Universidad de la Amazonia, Florencia, Caquetá, Colômbia.

³Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade de São Paulo (USP), Pirassununga, SP, Brasil.

⁴Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO), Agriculture & Food, Birsbane, Queensland, Australia.

⁵Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: g.schettini@unesp.br

Resumo: A carne bovina é fonte de ácidos graxos essenciais (AGE), dos quais o ácido alfa-linolênico (ALA) é capaz de condicionar proteção a desordens cardiovasculares e quadros inflamatórios. Contudo, a concentração de ALA na musculatura bovina apresenta um caráter complexo e poligênico e, desta forma, estudos de associação genômica ampla (GWAS) apresentam dificuldades em indicar uma relação de causa e efeito entre os genótipos e o fenótipo. Por outro lado, a análise de genes diferencialmente expressos (GDE) embora seja amplamente difundida em bovinos, apresenta limitação ao não indicar genes que não são diferencialmente expressos. Desta maneira, surge a análise de co-expressão diferencial (DCO) capaz de avaliar o perfil transcritoômico e a interação de GDE e fatores de transcrição (FT). Logo, o estudo objetivou identificar os principais FT associados a concentração de ALA no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento. Foram amostrados 44 em dois grupos contrastantes em concentração do ALA. Identificou-se 20 FT, dos quais destacamos os FT *NFIA*, *RORA*, *MTIF* e *ATF6* por terem sido apontados melhor conectados ao grupo de alta concentração para o ALA. Estes FT foram (in)diretamente relacionados a síntese de AGE e/ou a expressão de genes promotores da adipogênese e lipogênese. Estes resultados contribuem para uma melhor compreensão dos mecanismos genéticos atrelados a concentração do ALA na musculatura de bovinos da raça Nelore terminados em confinamento.

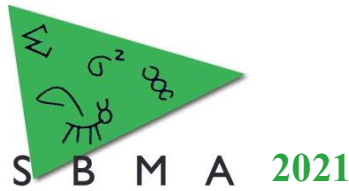
Palavras-chave: *Bos taurus indicus*, *Longissimus thoracis*, PCIT, Qualidade da carne, *Regulatory impact factor*, RNA-seq.

Transcription factors associated with alpha-linolenic acid content of *Longissimus thoracis* in Nelore cattle finished in feedlot

Abstract: Beef is a source of essential fatty acids (EFA), of which alpha-linolenic acid (ALA) protects against cardiovascular diseases and inflammatory disorders. However, the concentration of ALA in cattle's muscle has a complex and polygenic character and, therefore, genomic wide association studies (GWAS) display difficulties in indicating a cause-and-effect relationship between genotypes and phenotype. On the other hand, the analysis of differentially expressed genes (DEG), although it is widely performed in cattle's studies, has a limitation since it is not indicating genes that are not differentially expressed. Thus, the differential co-expression analysis (DCO) surges, able to assess the transcriptomic profile and the interaction of DEG and transcription factors (TF). Therefore, the study aimed to identify the main TF associated with ALA concentration in the *Longissimus thoracis* of Nelore cattle finished in feedlot. 44 were sampled in two contrasting groups in ALA concentration. 20 FT were identified, from which we highlight the *NFIA*, *RORA*, *MTIF* and *ATF6* FT as they were identified as better connected to the high concentration group for ALA. These TF were (in)directly related to EFA synthesis and/or the expression of genes that promote adipogenesis and lipogenesis. These results contribute to a better understanding of the genetic mechanisms linked to the concentration of ALA in the musculature of Nelore cattle finished in feedlot.

Keywords: *Bos taurus indicus*, *Longissimus thoracis*, Meat quality, PCIT, *Regulatory impact factor*, RNA-seq.

Introdução



A carne bovina é uma fonte de ácidos graxos essenciais (AGE) capazes de impactar a saúde humana. Em especial, o ácido alfa-linolênico (ALA, C18:3 ω -3) condiciona proteção a enfermidades cardiovasculares, obesidade e aterosclerose, além de quadros inflamatórios (Eilander et al., 2015). A concentração de AGE, em especial do ALA, é um fenótipo de caráter complexo e poligênico. Desta forma, estudos de associação genômica ampla (GWAS) apresentam limitações ao apontar regiões genômicas capazes de explicar grande parte da variância genética, mas também apresentam dificuldades ao indicar uma relação de causa e efeito entre os genótipos e o fenótipo. Já as análises de genes diferencialmente expressos (GDE), embora tenham fornecido resultados importantes sobre genes que modulam o fenótipo, a sua avaliação isolada apresenta limitações, visto que não é possível apontar genes que não são diferencialmente expressos (Hudson et al., 2012). Desta maneira, a análise de co-expressão diferencial (DCO) sob o pacote *Partial correlation and information theory* (PCIT) é proposta ao ser capaz avaliar a co-expressão diferencial de GDE e fatores de transcrição (FT) acerca do fenótipo. Estudos acerca de FT associados ao perfil de AG ainda é incipiente, especialmente ao ALA. Logo, o presente estudo teve como objetivo identificar os principais FT associados a concentração de ALA no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento.

Material e Métodos

Foram amostrados 44 touros jovens da raça Nelore terminados em confinamento e abatidos com idade média de 24 meses e peso de 550kg. Amostras do músculo *Longissimus thoracis* foram submetidas a extração e quantificação lipídica, bem como à determinação da concentração do ácido alfa-linolênico (ALA, C18:3 ω -3). Em seguida realizou-se a extração de RNA total das amostras por meio do reagente TRIzol® (Life Technologies, Carlsbad, CA, USA) e sequenciadas, através do método *paired-end*, em equipamentos HiSeq 2500 (Illumina, San Diego, CA, USA). As *reads* passaram por etapas de controle de qualidade, alinhamento com o genoma de referência *Bos taurus taurus* (ARS-UCD 1.2) e posteriormente performaram a matriz de contagem gênica. Para as análises de GDE e DCO, os animais foram agrupados em dois grupos de valores extremos para o ALA (ALA-H e ALA-L), 15 animais com os maiores valores fenotípicos no grupo *high* e os 15 menores no grupo *low*. A análise de GDE foi performada e identificou 352 GDE, os quais foram considerados genes-alvo aos FT previamente selecionados da *Animal transcription factor database* (*AnimalTFDB*) expressos pelos animais avaliados. As matrizes de correlações e adjacências, tal como as medidas de *Regulatory impact factors* (RIF) foram performadas pelo pacote *Partial correlation and information theory* (PCIT) (Watson-Haigh et al., 2010). Valores positivos de RIFs indicam maior conexão ao ALA-H e os menores uma melhor conexão ao grupo ALA-L. FT com valores de RIFs a ± 2.58 desvios padrões (99%) em relação à média foram selecionados e submetidos a ferramenta web STRING v. 11.0 para identificação de potenciais relações as proteína-proteína destes FT.

Resultados e Discussão

A análise de DCO identificou 20 FT ao ALA. Dentre os quais, nós destacamos os FT *NFIA*, *RORA* e *MITF* com maiores valores de RIF1 e *ATF6* entre os maiores valores de RIF2 (Tabela 1). Atrelados a promoção da adipogênese, os FT *NFIA* e *ATF6* apresentam relação com a expressão gênica de um dos principais hub genes ao metabolismo lipídico, *PPARG*. Waki et al. (2011) observaram que o silenciamento do FT *NFIA* induziu a menor expressão do gene *PPARG* em cultivos de pré-adipócitos e consequente menor acúmulo de gordura. Similarmente, o FT *ATF6* em situações de *knockout* promoveu a menor expressão do gene *PPARG* em cultivos celulares (Lowe et al., 2012). O que corrobora com a identificação destes FT entre os que apresentaram os maiores valores de RIF (Tabela 1). Complementarmente, os FT *RORA* e *MTIF* modularam a expressão dos genes *FASN* e *SCD*, importantes genes promotores da síntese de ácidos graxos insaturados (Lau et al., 2004; Vivas-García et al., 2020), corroborando com o apontamento destes FT com maior impacto ao grupo ALA-H. Não obstante, proteínas codificadas por estes FT apresentaram interação (in)direta com proteínas importantes com as da família PPAR e dos genes *SREBF1*, *SCAP* e *RXRG* (Figura 1). O que suporta a relação destes FT com a determinação do fenótipo.

Tabela 1. Lista dos fatores de transcrição com os maiores e menores *scores* de *regulatory impact factor* 1 e 2 entre os grupos de ácido alfa-linoleico contrastantes.

	Gene	RIF1	RIF2
RIF1 (+)	<i>NFIA</i>	7.43	-1.05
	<i>DNAJC1</i>	5.11	0.67
	<i>RORA</i>	4.94	0.46
	<i>NFX1</i>	4.80	2.27
	<i>MITF</i>	4.75	1.14
RIF1 (-)	<i>FOXS1</i>	-3.18	0.15
	<i>UBP1</i>	-2.81	0.14
	<i>GZF1</i>	-2.68	0.73
RIF2 (+)	<i>TSC22D2</i>	-0.46	2.95
	<i>ZNF800</i>	-0.09	2.83
	<i>ATF6</i>	-0.34	2.75
	<i>HIVEP2</i>	-0.17	2.73
	<i>ZNF473</i>	2.87	2.68
RIF2 (-)	<i>NR2C1</i>	0.16	-3.57
	<i>HINFP</i>	-0.32	-2.68
	<i>ZFPM1</i>	0.19	-2.65

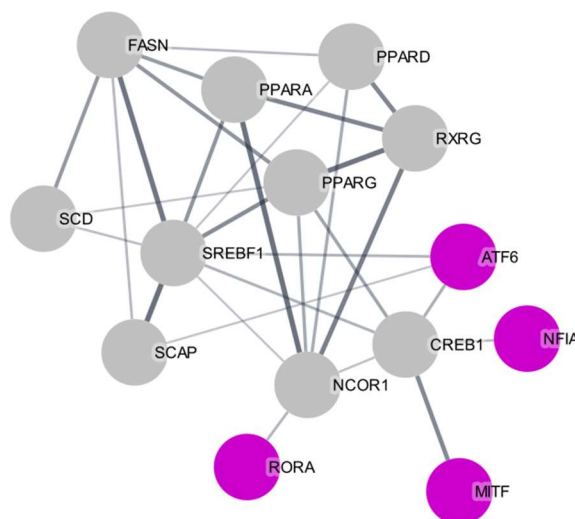


Figura 1. Interação proteica predita das proteínas codificadas por fatores de transcrição identificados.

Conclusão

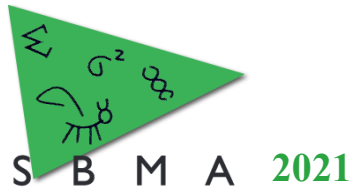
A identificação dos FT *NFIA*, *RORA*, *MITF* e *ATF6* capazes de modular a expressão de genes de importância ao metabolismo lipídico, tal como a síntese de AGE, auxiliam na construção de uma melhor compreensão de mecanismos genéticos subjacente a concentração do ácido alfa-linoleico no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento. Estes resultados poderão auxiliar novas metodologias com intuito de selecionar animais com um perfil de AG mais saudável.

Agradecimentos

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Universidade Estadual Paulista (FCAV–UNESP) em conjunto com a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), que forneceram todo o apoio para realizar o projeto.

Literatura citada

- Eilander A., Harika R.K. & Zock P.L. 2015. Intake and sources of dietary fatty acids in Europe: Are current population intakes of fats aligned with dietary recommendations?. **European Journal of Lipid Science and Technology**, 117,1370-1377.
- Hudson N.J., Dalrymple B.P. & Reverter A. 2012. Beyond differential expression: the quest for causal mutations and effector molecules. **BMC Genomics**, 356, 13.
- Lowe C.E., Dennis R.J., Obi U., O’Rahilly S. & Rochford J.J. 2012. Investigating the involvement of the ATF6 α pathway of the unfolded protein response in adipogenesis. **International Journal of Obesity**, 36, 1248-1251.
- Vivas-García Y., Falletta P., Liebing J., Louphrasitthiphol P. 2020. Lineage-Restricted Regulation of SCD and Fatty Acid Saturation by MITF Controls Melanoma Phenotypic Plasticity. **Molecular Cell**, 77, 120-137.
- Waki H., Nakamura M., Yamauchi T., Wakabayashi K-I., et al. 2011. Global Mapping of Cell Type-Specific Open Chromatin by FAIRE-seq Reveals the Regulatory Role of the NFI Family in Adipocyte Differentiation. **PLoS Genetics**, 7, e1002311.
- Watson-Haigh N.S., Kadarmideen H.N. & Reverter, A. 2010. PCIT: an R package for weighted gene co-expression networks based on partial correlation and information theory approaches. **Bioinformatics**, 26, 411-413.



Análise integrativa do transcriptoma e proteoma do tecido muscular de bovinos Nelore

Gabriela Bonfá Frezarim^{1*}, Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹, Bruna Maria Salatta¹, Marta Serna García¹, Natália Andrea Marín Garzón¹, Fernando Sebastián Baldi¹, Luis Artur Loyola Chardulo², Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV- UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Nutrição e Melhoramento Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Botucatu, SP, Brasil.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: gabibonfa@hotmail.com

Resumo: Apesar dos avanços obtidos pelas técnicas de RNAseq e Espectrometria de Massa Avançada, é crescente a ideia de que nenhuma delas é capaz de lidar com a complexidade dos sistemas biológicos por si só. Analisar conjuntamente dados dos perfis transcricionais e traducionais tem sido relatado como uma poderosa ferramenta capaz de auxiliar nesse processo. A análise integrativa de vias biológicas que influenciam a característica de maciez da carne pode auxiliar a elucidar os processos biológicos e redes gênicas envolvidos na expressão desse fenótipo. Foram selecionados 24 bovinos Nelore extremos para maciez da carne. Por meio da análise de RNAseq foram identificados 190 genes diferencialmente expressos e por meio da análise proteômica 40 proteínas diferencialmente expressas. A análise integrativa funcional revelou que o gene NEXN pode ter importante papel na expressão desse fenótipo, além de genes e vias biológicas envolvidas no desenvolvimento muscular, resposta ao estresse térmico, apoptose e dobramento de proteína.

Palavras-chave: Bovino de corte, LC-MS/MS, maciez da carne, RNAseq.

Integrative analysis of the transcriptome and proteome of muscle tissue in Nelore cattle

Abstract: Despite the advances obtained by RNAseq and Advanced Mass Spectrometry techniques, none of them is capable of dealing with the complexity of biological systems by itself. Analyzing transcriptional and translational profile data together has been reported as a powerful tool capable of helping in this process. The integrative analysis of biological pathways influencing meat tenderness can help to elucidate the biological processes and gene networks involved in the expression of this phenotype. Twenty-four extreme Nelore cattle were selected for meat tenderness. A hundred ninety differentially expressed genes were identified through RNAseq analysis and 40 differentially expressed proteins, through proteomic analysis. Functional integrative analysis revealed that the NEXN gene may play an important role in the expression of this phenotype, besides genes and biological pathways involved in muscle development, response to heat stress, apoptosis and protein folding.

Keywords: Beef cattle, LC-MS / MS, meat tenderness, RNAseq.

Introdução

A maciez da carne bovina é reconhecida como a característica organoléptica de maior influência para a aceitação do consumidor (Mennecke et al., 2007). A sensação desencadeada no momento da mastigação está diretamente atrelada à satisfação do cliente e, portanto, a compra repetida. Conhecer os genes e as proteínas associadas à qualidade de carne pode aprofundar nossa compreensão dos processos moleculares envolvidos e contribuir para o melhoramento genético na raça Nelore.

O desenvolvimento de métodos de sequenciamento de RNA de alto rendimento, como a técnica de RNAseq, forneceu novas ferramentas para mapear e quantificar genes de interesse. Entretanto, embora importante, a análise de expressão gênica nem sempre reflete uma relação direta com os níveis de proteínas expressas e, conseqüentemente, de atividade biológica. Neste contexto, o campo proteômico se torna complementar à transcriptômica, na medida em que fornece informações adicionais e evidências diretas sobre os genes traduzidos e sua influência no fenótipo. Portanto, objetiva-se a compreensão conjunta de genes, proteínas e processos metabólicos envolvidos na expressão da característica de interesse, a fim de fornecer um panorama mais abrangente dos processos biológicos envolvidos na maciez da carne e auxiliar na seleção desses animais.

Material e Métodos

Foram selecionados 24 bovinos Nelore, extremos para a maciez da carne, pertencentes ao programa de melhoramento genético animal Cia de Melhoramento. Os animais com idade média de 24 meses, foram abatidos em frigorífico comercial e, imediatamente após o abate, foram coletadas amostras de tecido muscular para posterior análise. A extração do RNA total foi efetuada utilizando o kit RNeasy Lipid Tissue Mini Kit (Qiagen, Valencia, CA, EUA), segundo as recomendações do fabricante. Para a análise de RNAseq, as bibliotecas de cDNA foram sequenciadas em equipamento Illumina HiSeq 2500 por meio de protocolo paired-end. O controle de qualidade dos dados gerados pelo sequenciamento foi realizado utilizando os *softwares* Atropos e Prinseq e os genes diferencialmente expressos obtidos por meio do programa Cuffdiff. As mesmas amostras foram submetidas à análise por espectrometria de massa por cromatografia líquida (LC-MS/MS) e as análises estatísticas das proteínas diferencialmente expressas foram efetuadas utilizando o pacote *msmsTests* do R/Bioconductor, por meio do binômio negativo do pacote *edgeR*. A correção de teste múltiplo via estimativa da taxa de falsa descoberta (FDR) foi usada considerando $FDR < 0,05$. Para a visualização conjunta das redes biológicas que englobam genes e proteínas associadas à maciez da carne, foi utilizado o plugin ClueGo do software Cytoscape com kappa score $> 0,4$.

Resultados e Discussão

Com as análises de RNAseq foram identificados 190 genes diferencialmente expressos para a maciez da carne. Desses, 176 foram induzidos e 16 genes foram reprimidos em relação ao grupo de carne macia. As análises proteômicas resultaram em 34 proteínas induzidas e 40 proteínas reprimidas, também considerando o grupo de carne macia. A integração dos termos da Ontologia Genética (GO) permitiu a criação de uma rede de termos GO funcionalmente organizada facilitando a visualização das principais vias e genes envolvidos com a maciez da carne (Figura 1).

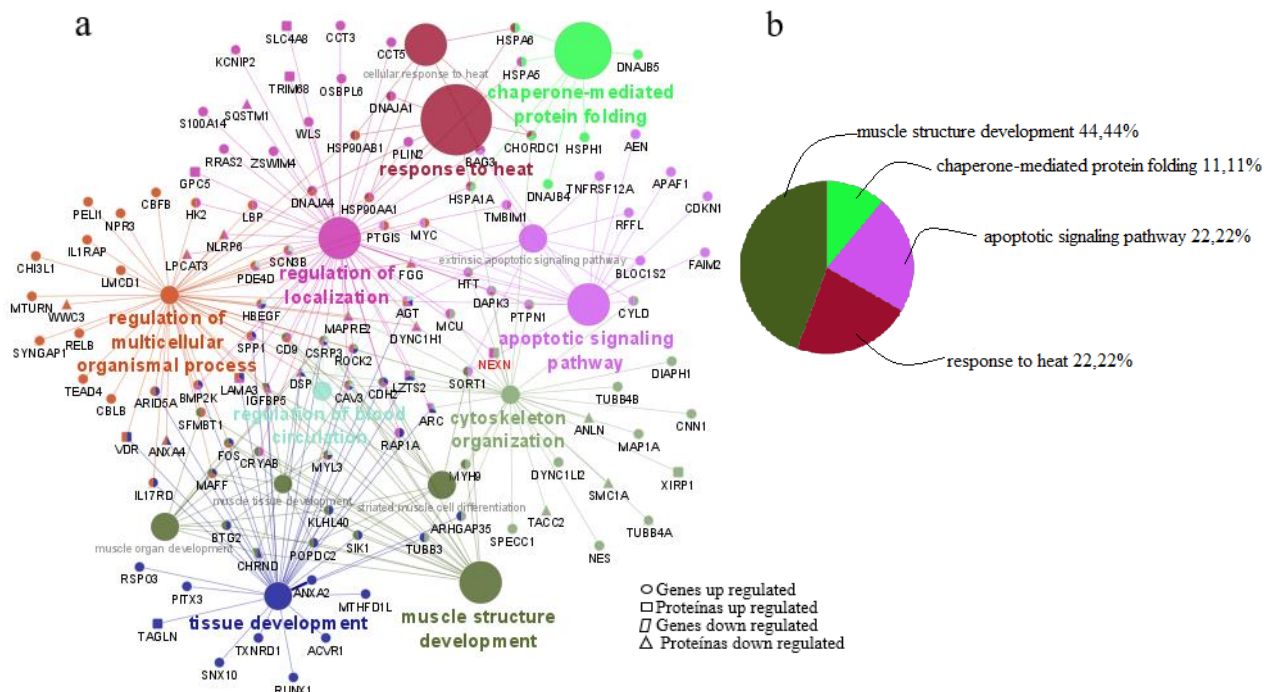
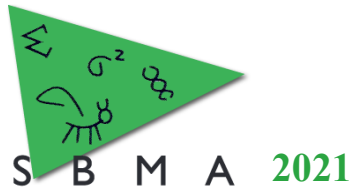


Figura 1. Processos biológicos identificados para genes e proteínas diferencialmente expressos para maciez da carne. a - Rede de termos GO para genes e proteínas induzidas e reprimidas; b - Gráfico de visão geral com os principais grupos funcionais para genes e proteínas diferencialmente expressas.

Dentre os genes e proteínas diferencialmente expressas, apenas o gene *NEXN* (destacado em vermelho – Figura 1a) foi identificado tanto na análise transcriptômica como na proteômica, sendo em ambas análises mais expresso em carne macia. Apesar se esperar uma correlação previsível entre mRNA e



proteína expressas, a complexidade da regulação biológica juntamente com as restrições metodológicas sugerem uma fraca relação entre essas duas classes de moléculas biológicas. O gene *NEXN* possui papel essencial na manutenção da linha Z e integridade do sarcômero, estando diretamente envolvido com a via de organização do citoesqueleto e sinalização apoptótica (Hassel et al., 2009). Sabe-se que o processo de transformação de músculo em carne se dá pela combinação de fatores intrínsecos e extrínsecos. A degradação de proteínas constituintes da linha Z, provocada por enzimas proteolíticas, contribuem para o enfraquecimento da estrutura miofibrilar e, conseqüente, para a maciez da carne (Bhat et al., 2018). Dessa forma, a maior expressão desse gene parece contribuir para ação das enzimas responsáveis pela degradação das fibras musculares e conseqüente aumento da maciez.

A maciez da carne é considerada uma característica complexa que envolve uma rede intrínseca de proteínas estruturais, proteases além de proteínas de choque térmico (HSPs) (Guillemin et al., 2011). As HSPs são induzidas em resposta ao estresse térmico, indicado na rede gênica como um grupo funcional relevante para a característica. A regulação positiva de proteínas de choque térmico indicadas na rede (*HSPA6*, *HSPA5*, *HSPA1A*, *HSPQOAB1*, *HSPQOAA1*), provavelmente aconteça devido ao impedimento da agregação dessas proteínas e conseqüente inibição da apoptose. A agregação estaria supostamente alterando os sítios de reconhecimento das proteínas miofibrilares, diminuindo a suscetibilidade à degradação proteolítica e conseqüente maciez (Guillemin et al., 2011).

Foram identificados genes regulados positivamente em carne macia (*SIK1*, *KLH440*, *BTG2*, *MYL3*, *FOS*) relacionados ao termo GO “desenvolvimento da estrutura muscular”, indicando papel fundamental no crescimento e proliferação celular. Provavelmente, o aumento da fragmentação miofibrilar no *post mortem* e conseqüente maciez seja mais evidente em animais com alta taxa de crescimento. (Therkildsen et al., 2002)

Conclusão

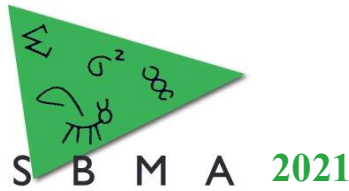
O estudo de vias biológicas que afetam a maciez da carne revelou genes e vias envolvidas no desenvolvimento muscular, resposta ao estresse térmico, apoptose e dobramento de proteína. Os resultados permitem um melhor entendimento da herança e interpretação funcional da maciez da carne e auxiliam no desenvolvimento de estratégias para a seleção.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo -FAPESP #2016/239376; #2017/10630-2 e #2018/20026-8.

Literatura citada

- Bhat, Z. F., Morton, J. D., Mason, S. L., & Bekhit, A. E. D. A. 2018. Role of calpain system in meat tenderness: A review. **Food Science and Human Wellness**, 7, 196-204.
- Guillemin, N., Bonnet, M., Jurie, C., & Picard, B. 2011. Functional analysis of beef tenderness. **Journal of Proteomics**, 75, 352-365.
- Hassel, D., Dahme, T., Erdmann, J., Meder, B., Hüge, A., Stoll, M., Rottbauer, W. 2009. Nexilin mutations destabilize cardiac Z-disks and lead to dilated cardiomyopathy. **Nature medicine**, 15, 1281-1288.
- Mennecke, B. E., Townsend, A. M., Hayes, D. J., & Lonergan, S. M. 2007. A study of the factors that influence consumer attitudes toward beef products using the conjoint Market. **Journal of animal science**, 85, 2639-2659.
- Therkildsen, M., Larsen, L. M., Bang, H. G., & Vestergaard, M. 2002. Effect of growth rate on tenderness development and final tenderness of meat from Friesian calves. **Animal Science**, 74, 253-264.



Genes hub associados ao perfil de ácidos graxos essenciais do músculo *Longissimus thoracis* em bovinos da raça Nelore terminados em confinamento

Gustavo Pimenta Schettini^{1*}, Alejandra Maria Toro Ospina², Wellington Bizarria dos Santos¹, Elisa Peripolli³, Pâmela Almeida Alexandre⁴, Fernando Baldi¹, Rogério Abdallah Curi⁵

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

²Universidad de la Amazonia, Florencia, Caquetá, Colômbia.

³Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade de São Paulo (USP), Pirassununga, SP, Brasil.

⁴Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO), Agriculture & Food, Brisbane, Queensland, Australia.

⁵Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: g.schettini@unesp.br

Resumo: A carne bovina é uma fonte de ácidos graxos (AG), unidades elementares da gordura, que impactam diretamente a saúde humana. Em especial, os ácidos graxos essenciais (AGE), os ácidos linoleico (LA) e alfa-linolênico (ALA) condicionam proteção a fatores de risco associados a doenças cardiovasculares. Embora estudos de associação genômica ampla (GWAS) e análises de genes diferencialmente expressos (GDE) tenham sido fundamentais acerca do perfil de AG na carne bovina, estes apresentam limitações. Desta maneira, surge a análise de co-expressão diferencial (DCO) capaz de identificar padrões nas redes gênicas de características complexas. Logo, o estudo objetivou identificar hub genes diferencialmente co-expressos no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento associados ao perfil de AGE. Foram amostrados 44 touros classificados em grupos altas e baixas concentrações para cada AGE, LA e ALA. Foram identificados, respectivamente, 5.649 e 5.559 genes hub diferenciais (DH) ao LA e ALA. Destaque aos genes *ASB5* e *ERLIN1* apontados nos grupos de alta concentração para ambos os AGE com maiores números de conexões. Genes estes que estão diretamente relacionados com o metabolismo lipídico, com capacidade de impactar processos adipogênicos e lipogênicos e consequentemente a síntese de AGE. Estes resultados auxiliam a melhor compreensão da arquitetura genética associada ao perfil de AGE de bovinos Nelore terminados em confinamento.

Palavras-chave: *Bos taurus indicus*, Co-expressão, *Longissimus thoracis*, PCIT, Qualidade da carne, RNA-seq.

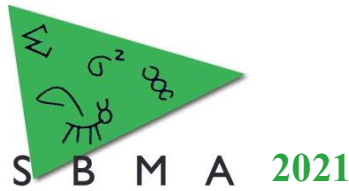
Hub genes associated with essential fatty acid profile of *Longissimus thoracis* in Nelore cattle finished in feedlot

Abstract: Beef is a source of fatty acids (FA), elemental units of fat, which directly impact human health. In particular, essential fatty acids (EFA), linoleic (LA) and alpha-linolenic acids (ALA) provide protection against risk factors associated with cardiovascular diseases. Although genomic wide association studies (GWAS) and differentially expressed gene analysis (DEG) have been critical to the FA profile in beef, they have limitations. Thus, the differential co-expression analysis (DCO) appears, capable of identifying patterns in gene networks with complex traits. Therefore, the study aimed to identify differentially co-expressed hub genes in the *Longissimus thoracis* of Nelore cattle terminated in feedlot associated with the EFA profile. Forty-four bulls classified into high and low concentrations groups for each EFA, LA and ALA were sampled. We identified, respectively, 5,649 and 5,559 hub differential genes (DH) at LA and ALA. Highlighting the *ASB5* and *ERLIN1* genes pointed out in the high concentration groups for both EFA with the highest number of connections. These genes are directly related to lipid metabolism, with the ability to impact adipogenic and lipogenic processes and, consequently, EFA synthesis. These results help to better understand the genetic architecture associated with the EFA profile of Nelore cattle finished in feedlot.

Keywords: *Bos taurus indicus*, Co-expression, *Longissimus thoracis*, Meat quality, PCIT, RNA-seq.

Introdução

A carne bovina é uma fonte de macro- e micronutrientes de importância a mecanismos regulatórios e vias metabólicas. Os ácidos graxos (AG) são unidades elementares da gordura que impactam diretamente



a saúde humana. Em especial, os ácidos graxos essenciais (AGE), os ácidos linoleico (LA, C18:2 ω -6) e alfa-linolênico (ALA, C18:3 ω -3) que condicionam proteção a enfermidades cardiovasculares, fatores de risco associados a obesidade e aterosclerose, bem como a doenças inflamatórias (Eilander et al., 2015). Os AGE não são sintetizados por mamíferos e desta forma faz-se necessário a ingestão de alimentos que os forneçam. Tal fenótipo ainda apresenta caráter poligênico e complexo. Desta forma, embora estudos de associação genômica amplas (GWAS) tenham fornecido informações acerca da arquitetura genética do perfil de AG em bovinos, esta metodologia apresenta limitações ao identificar regiões genômicas com capacidade de explicar grande parte da variância genética. Complementarmente, as análises transcriptômicas, em especial de genes diferencialmente expressos (GDE), trouxeram informações importantes sobre GDE com capacidade de moldar o fenótipo. Contudo, a sua avaliação isolada também apresenta limitações, visto que esta metodologia não é capaz de apontar genes hub que não são diferencialmente expressos (Hudson et al., 2012). Desta forma, a análise de co-expressão diferencial (DCO) é proposta, visto que é capaz de avaliar os padrões de redes genéticas e apontar hub genes melhor conectados ao fenótipo de interesse (Hudson et al., 2012). Contudo, estudos acerca da co-expressão diferencial de genes associados ao perfil de AGE ainda é incipiente. Logo, o presente estudo teve como objetivo identificar hub genes diferencialmente co-expressos no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento associados ao perfil de AGE por meio da análise de DCO.

Material e Métodos

Foram amostrados 44 touros jovens da raça Nelore terminados por um período de 90 dias em confinamento e abatidos com idade média de 24 meses e peso de 550kg. Amostras do músculo *Longissimus thoracis*, foram submetidas a extração e quantificação lipídica, bem como à determinação do perfil de AG. Em seguida realizou-se a extração de RNA total das amostras por meio do reagente TRIzol® (Life Technologies, Carlsbad, CA, USA) e sequenciadas, através do método *paired-end*, em equipamentos HiSeq 2500 (Illumina, San Diego, CA, USA). As *reads* passaram por etapas de controle de qualidade e em seguida foram alinhadas com o genoma de referência *Bos taurus taurus* (ARS-UCD 1.2) e posteriormente performaram a matriz de contagem gênica. Foram avaliados o perfil de AGE, ácido linoleico (LA, C18:2 ω -6) e alfa-linolenico (ALA, C18:3 ω -3). Para a Análise de DCO, os animais foram agrupados em quatro grupos de valores extremos para a concentração de cada AGE (LA-H e LA-L, ALA-H e ALA-L), 15 animais com os maiores valores fenotípicos nos grupos *high* e os 15 menores nos grupos *low*. As matrizes de correlações e adjacências entre os genes foi performada pelo pacote *Partial correlation and information theory* (PCIT) desenvolvido para o ambiente R (Watson-Haigh et al., 2010). Posteriormente foram selecionados somente as correlações com valores modulares $r \geq 0,9$ e destes foram listados somente os genes mais expressivos acerca da quantidade de genes fortemente correlacionados ($r \geq 0,9$) nos quatro grupos avaliados.

Resultados e Discussão

A análise de DCO identificou, 5.649 e 5.559 hubs genes diferenciais (DH), respectivamente, ao LA e ALA. Dentre os DH genes identificados, nós destacamos os genes *ankyrin repeat and SOCS box containing 5* (*ASB5*) e *ER lipid raft associated 1* (*ERLIN1*) com o maior número de correlações fortes ($r \geq 0,9$) em ambos os grupos LA-H e ALA-H (Tabela 1). O gene *ASB5* apresentou, respectivamente, 63 e 40 correlações a mais nos grupos LA-H e ALA-H frente aos LA-L e ALA-L (Tabela 1). O que é justificado por este gene atuar na diferenciação e proliferação celular no tecido muscular, processos estes que transcorrem anteriormente e em conjunto com a deposição de lipídios intracelular (Jensen et al., 2012). Aliado a isso, Fonseca et al. (2020) em análise de genes diferencialmente expressos entre bovinos da raça Nelore com taxas de marmoreio contrastantes, apontou o gene *ASB5* mais expresso nos animais com baixo gordura intramuscular, reiterando sua relação com o metabolismo lipídico e o perfil de AGE. O gene *ERLIN1*, por sua vez foi apontado, respectivamente, com 57 e 30 conexões a mais nos grupos de altas concentrações do ácido linoleico e alfa-linolênico frente aos de baixas concentrações. O gene *ERLIN1* possui função pivô, em ação coordenada com os genes *SREBP cleavage-activating protein* (*SCAP*) e *insulin induced gene 2* (*INSIG2*), na modulação da expressão do gene *sterol regulatory element binding transcription factor 1* (*SREBF1*). O gene *SREBF1* é responsável pela homeostase de colesterol e sinalização que promovem a expressão de genes relacionados a síntese de AG (Howe et al., 2016). O que corrobora

com os nossos resultados, em que o gene *ERLIN1* é apontado como um dos hubs genes de maior relevância aos grupos de alta concentração de ambos os AGE.

Tabela 1. Diferencial hub genes (DH) para os ácidos graxos linoleico (LA) e alfa-linolênico (ALA).

Grupo	Gene	DH ¹	Grupo	Gene	DH ¹
LA-H	<i>WDR43</i>	68	ALA-H	<i>ASB5</i>	40
	<i>ASB5</i>	63		<i>TRAFD1</i>	35
	<i>ORC4</i>	60		<i>WDR43</i>	31
	<i>ERLIN1</i>	57		<i>NAA15</i>	30
	<i>TRAFD1</i>	50		<i>ERLIN1</i>	30
LA-L	<i>FSTL1</i>	-70	ALA-L	<i>DEK</i>	-91
	<i>FNI</i>	-66		<i>PRPF38B</i>	-89
	<i>DAB2</i>	-63		<i>KMT2E</i>	-77
	<i>LRP1</i>	-62		<i>USP8</i>	-77
	<i>MMP14</i>	-60		<i>SEC62</i>	-75

¹DH: Representam a diferença entre o número de correlações do grupo *high* e do grupo *low*, valores positivos representam genes mais representativos no grupo *high* e os negativos nos grupos *low*.

Conclusão

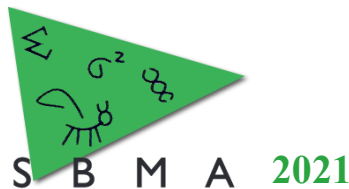
A identificação dos hubs genes, em especial, *ASB5* e *ERLIN1*, com funções de relevância ao metabolismo lipídico e síntese de ambos AGE avaliados, contribuem para o melhor entendimento da arquitetura genética subjacente ao perfil de AGE no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore terminados em confinamento. Estes resultados auxiliarão no desenvolvimento de estratégias com objetivo de selecionar animais que apresentem um perfil de AG mais saudável na carne bovina.

Agradecimentos

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Universidade Estadual Paulista (FCAV–UNESP) em conjunto com a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), que forneceram todo o apoio para realizar o projeto.

Literatura citada

- Eilander A., Harika R.K. & Zock P.L. 2015. Intake and sources of dietary fatty acids in Europe: Are current population intakes of fats aligned with dietary recommendations?. **European Journal of Lipid Science and Technology**, 117,1370-1377.
- Fonseca L.F.S., dos Santos Silva D.B., Gimenez, D.F.J., Baldi, F., Ferro, J.A., Chardulo, L.A.L. & de Albuquerque L.G. 2020. Gene expression profiling and identification of hub genes in Nelore cattle with different marbling score levels. **Genomics**, 112, 873-879.
- Howe V., Sharpe L.J., Alexopoulos S.J., Kunze S.V., Chua N.K., Lib D. & Brown A.J. Cholesterol homeostasis: How do cells sense sterol excess?. **Chemistry and Physics of Lipids**, 199, 170-178.
- Hudson N.J., Dalrymple B.P. & Reverter A. 2012. Beyond differential expression: the quest for causal mutations and effector molecules. **BMC Genomics**, 356, 13.
- Jensen J.H., Conley L.N., Hedegaard J., Nielsen M., Young J.F., Oksbjerg N., Hornshøj H., Bendixen C. & Thomsen B. 2012. Gene expression profiling of porcine skeletal muscle in the early recovery phase following acute physical activity. **Experimental Physiology**, 97, 833-848.
- Watson-Haigh N.S., Kadarmideen H.N. & Reverter, A. 2010. PCIT: an R package for weighted gene co-expression networks based on partial correlation and information theory approaches. **Bioinformatics**, 26, 411-413.



Análise de endogamia genômica na raça Criollo Caqueteño colombiana

Alejandra Maria Toro Ospina^{1*}, Viviana Helena Vallejo Aristizabal¹, Cesar Augusto Zapata Ortiz¹,
Gustavo Pimenta Schettini², Pablo Eduardo Ocampo Ortiz, Edna Gicela Ortiz Morea¹

¹Facultad de ciencias Agropecuarias, Universidad de la Amazonia, Florencia, Caqueta, Colombia.

²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Jaboticabal, São Paulo, Brasil

³Departamento de radiologia e reprodução animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia - Unesp, Botucatu, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: toroospina92@gmail.com

Resumo: O objetivo do presente estudo foi identificar o coeficiente de endogamia e parentesco idênticos por descendência usando informação genômica na população da raça criollo Caqueteño. Foram utilizadas as informações de 120 animais da raça criollo Caqueteño genotipado com chip Bovine HD 777K, pertencentes ao núcleo da Universidad de la Amazonia (Colômbia). A análise de coeficiente de endogamia e idênticos por descendência (IBD) foi realizada utilizando o programa PLINK. Nos resultados do coeficiente de endogamia (F) na população criollo Caqueteño se observou uma média de $F = 0,054$ nos 120 animais estudados e um máximo de $F = 0,261$ em alguns animais. Na análises de parentesco IBD, a média de pares de IBD para a população criollo Caqueteño foi de 0,071, tinham 27 animais com um par de pontuações IBD de 0,50 e um par de animais com uma pontuação IBD máxima de 0,63 e 0,65. A população criollo Caqueteño apresenta nível de parentesco e endogamia médio baixo, porem alguns animais apresentam alto coeficiente de endogamia, deve-se prestar atenção nos acasalamentos para manter a variabilidade genética da população criollo.

Palavras-chave: Acasalamentos, bovinos criollos, deriva genética, parentesco, seleção, tropico.

Analysis of genomic inbreeding in the Colombian Criollo Caqueteño breed

Abstract: The aim of the present study was to identify the coefficient of inbreeding and identity by descent (IBD) using genomic information in the population of the criollo Caqueteño breed. Information from 120 animals of the Caqueteño criollo breed genotyped with a Bovine HD 777K chip, belonging to the nucleus of the Universidad de la Amazonia (Colombia) were used. Coefficient of inbreeding and identical by descent (IBD) analysis was performed using the PLINK program. The results of the inbreeding coefficient (F) in the Caqueteño criollo population showed an average of $F = 0.054$ in the 120 studied animals and a maximum of $F = 0.261$ in some animals. In the IBD relatedness analyses, the mean of IBD pairs for the Caqueteño criollo population was 0.071, they had 27 animals with a pair of IBD scores of 0.50 and one pair of animals with a maximum IBD score of 0.63 and 0.65. The Caqueteño criollo population has a medium low level of kinship and inbreeding, but some animals have a high inbreeding coefficient.

Keywords: Criollo cattle, genetic drift, matings, relationship, selection, tropic.

Introdução

A raça criollo Caqueteño é uma das raças criollas da Colômbia e tem importância na região pelo potencial genético devido a sua rusticidade, resistência a doenças e tolerância ao calor. Porem existe poucos indivíduos da raça, sendo necessários programas de conservação e seleção dirigida. Assim, o 27 de novembro de 2012, o governo de Caquetá certificou pela portaria N036 patrimônio genético, cultural e econômico do departamento à raça Criollo Caqueteño. A raça apresenta uma população pequena aproximadamente 150 indivíduos, o que pode ocasionar cruzamentos entre parentes (endogamia) e perda

da variabilidade genética. Barrera et al. (2006) descreveu uma média de endogamia moderada a alta para a população de 88 animais de criollo Caqueteño.

Os efeitos presentes nas populações como a endogamia diminuem a heterozigosidade e aumenta a frequência de genes deletérios recessivos, reduzindo o rendimento e a viabilidade fenotípica dos animais. A endogamia é um parâmetro que explica a variabilidade genética e permite ter controle para preservar a diversidade genética da população, além de controlar eventos desfavoráveis, como perda da deriva genética e efeitos de gargalo na população (Toro Ospina, et al., 2019). Na atualidade é possível usar informação genômica que permite detectar melhor o nível de endogamia das populações e determinar o parentesco dos animais com maior precisão. Assim, o objetivo do presente estudo foi identificar o coeficiente de endogamia e parentesco Idênticos por descendência usando informação genômica na população da raça criollo Caqueteño.

Material e Métodos

Foram utilizadas as informações de 120 animais da raça criollo Caqueteño genotipado com chip Bovine HD 777K, pertencentes ao núcleo da Universidad de la Amazonia. Foi realizado o controle de qualidade dos genótipos utilizando filtros via programa Plink (Purcell et al., 2014), sendo descartados marcadores call rate menor que 0,90, frequência alélica menor (MAF) a 0,02, diferença máxima entre a frequência observada e a esperada (equilíbrio de Hardy-Weinberg) maior que 0.15.

A análise de coeficiente de endogamia e idênticos por descendência (IBD) foi realizada utilizando o programa Plink. Os resultados analisados e gráficos foram feitos pelo programa Rstudio.



Foto 1. Raça criollo Caqueteño (Colômbia)

Resultados e Discussão

Nos resultados do coeficiente de endogamia (F) na população criollo Caqueteño se observou uma média de $F = 0,054$ nos 120 animais estudados, com um máximo de $F = 0,261$ em alguns animais (Figura 2). Barrera et al. (2006) descreveram um valor médio de endogamia de 0,14 para a população de 80 animais criollos Caqueteño colombianos. Estudos em outras raças criollas colombianas descrevem coeficientes de endogamia semelhantes, como a raça Romosinuano com $F = 0,051$ (Bejarano et al., 2012) e a raça Casanareño com $F = 0,08$ (Martínez e Pérez, 2006). O resultado do presente estudo pode demonstrar que o coeficiente de endogamia na população criollo Caqueteño diminuiu consideravelmente, comparada com a população de criollo estudada no ano 2006. Possivelmente os criadores da raça começaram a ter um maior controle dos acasalamentos das próximas gerações, o que permitiu que a população atual apresentasse um coeficiente de endogamia menor.

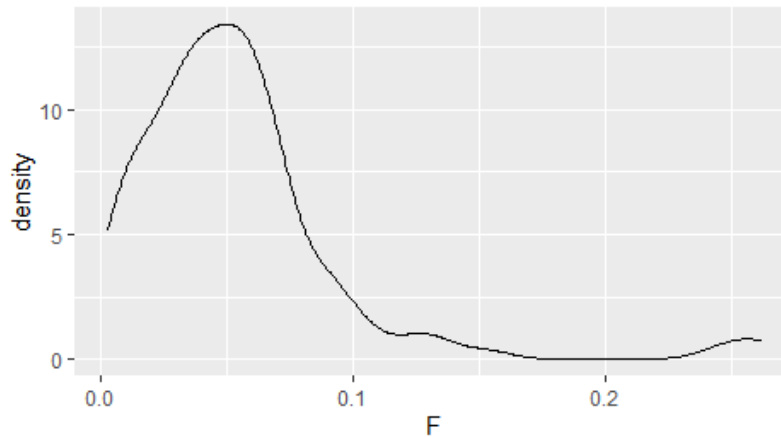


Figure 1. Densidade do coeficiente de endogamia da população criollo Caqueteño

A análise de parentesco idêntico por descendência (IBD) foi realizada para confirmar o coeficiente de endogamia da população criollo de Caqueteño. Os cálculos de IBD de pares individuais não identificaram nenhuma duplicação das amostras (pares de IBD > 0,95). No entanto, indivíduos com similaridade genética maior que 50% foram identificados na população de acordo com os marcadores analisados, o que sugere uma relação de primeiro grau entre pares específicos de indivíduos. A média de pares de IBD para a população criollo Caqueteño foi de 0,071, tinham 27 animais com um par de pontuações IBD de 0,50 e um par de animais com uma pontuação IBD máxima de 0,63 e 0,65. Estes resultados evidenciam que o nível de parentesco e endogamia da população é baixo, sendo possível estabelecer estratégias de acasalamentos para aumentar a população de criollo Caqueteño sem aumentar a endogamia, e começar um programa de melhoramento eficiente onde a raça seja produtiva e uma opção na pecuária comercial.

Conclusão

A população criollo Caqueteño apresenta nível de parentesco e endogamia médio baixo, porem alguns animais apresentam alto coeficiente de endogamia, deve-se prestar atenção nos acasalamentos para manter a variabilidade genética da população criollo Caqueteño.

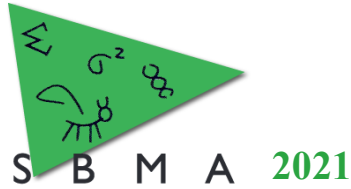
Agradecimentos

Ao projeto de pesquisa “Desarrollo experimental en genómica animal, para el mejoramiento de las características productivas del ganado bovino en el departamento del Caqueta”, código BPIN 2018100120, pelo apoio financiero. A Universidad de la Amazonia (Colômbia) pelos animais e dados usados no estudo.

Literatura citada

Bejarano G., Diego; Pedraza L., Andrés; M.-Rocha, Juan Felipe; Martínez S., Rodrigo Variabilidad genética en subpoblaciones comerciales de la raza criolla colombiana Romosinuano. Corpoica. **Ciencia y Tecnología Agropecuaria**, vol. 13, núm. 1, enero-junio, 2012, pp. 97-107.

Barrera, G. P., Martínez, R., Torrijos, R., & Ramón, F. (2006). Caracterización molecular de una población de ganado Caqueteño y su relación filogenética con razas bovinas criollas colombianas. **Ciencia y Tecnología Agropecuaria**, 7(1), 33-41.

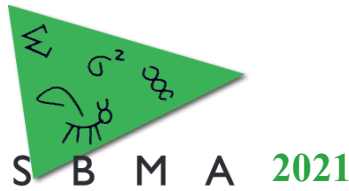


XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

Martínez RA, Pérez JE. (2006). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en el ganado criollo colombiano Romosinuano, **Rev Corpoica** 7(1):25- 32.

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., ... Sham, P. C. (2014). PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **The American Journal of Human Genetics**, 81(3), 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>

Toro Ospina AM, Maiorano AM, Curi, RA, et al. Linkage disequilibrium and effective population size in Gir cattle selected for yearling weight. **Reprod Dom Anim.** 2019;00:1–8. <https://doi.org/10.1111/rda.13559>



Análise de estrutura populacional na raça colombiana Criollo Caqueteño usando informação genômica

Alejandra Maria Toro Ospina^{1*}, Viviana Helena Vallejo Aristizabal¹, Cesar Augusto Zapata¹, Gustavo Pimenta Schettini², Pablo Eduardo Ocampo Ortiz, Edna Gicela Ortiz morea¹

¹Facultad de ciencias Agropecuarias, Universidad de la Amazonia, Florencia, Caqueta, Colombia.

²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Jaboticabal, São Paulo, Brasil

³Departamento de radiologia e reprodução animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia - Unesp, Botucatu, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: toroospina92@gmail.com

Resumo: O objetivo do trabalho foi analisar a estrutura da população por método de componentes principais (PC) com informação genômica na raça colombiana criollo Caqueteño. Foram utilizadas as informações de 120 animais da raça criollo Caqueteño genotipado com chip Bovine HD 777K, pertencentes ao núcleo da Universidad de la Amazonia. A análise da estrutura populacional foi realizada pelo método de componentes principais (PC), utilizando o programa PLINK. As análises de componentes principais (PC) da raça criollo Caqueteño, descreveu uma pequena estratificação da população CAQ, formando três clusters. Em geral, ambos os PC apresentam variabilidade genética e estratificação da população da raça criollo caqueteño. Possivelmente os animais estudados tenham sofrido introgressão recente de animais mestiços com Caqueteño, o que permitiu maior variabilidade genética na população atual, pois os animais usados no presente estudo conforma a população total existente da raça.

Palavras-chave: Bovinos, componentes principais, Colômbia, genômica, tropical, variabilidade genética.

Population structure analyses of the Colombian Criollo Caqueteño breed using genomic information

Abstract: The objective of this work was to analyze the population structure by the principal component method (PC) with genomic information in the Colombian criollo Caqueteño breed. Information from 120 animals of the criollo Caqueteño breed genotyped with a Bovine HD 777K chip, belonging to the nucleus of the Universidad de la Amazonia, was used. The analysis of the population structure was performed using the principal component method (PC), using the PLINK program. Principal component (PC) analysis of the Caqueteño criollo breed described a small stratification of the population, forming three clusters. In general, both PCs show genetic variability and population stratification of the criollo caqueteño breed. Possibly the studied animals have suffered recent introgression of crossbred animals with Caqueteño, which allowed greater genetic variability in the current population, as the animals used in this study conform to the total existing population of the breed.

Keywords: Cattle, Colombia, genetic variability, genomics, principal components, tropical.

Introdução

Os cruzamentos entre raças taurinas e zebuínas predominam nos países tropicais como alternativa para produção de carne e leite. Colômbia é um dos países da América latina com mais raças criollas adaptadas aos trópicos úmidos, às raças apresentam rusticidade e boas habilidades reprodutivas para o médio colombiano. A raça criollo Caqueteño pertencente ao departamento do Caquetá, Colômbia, esta adaptada em condições de tropico úmido e principalmente usada em pastoreio extensivo; porem só se tem informação de estudos de caracterização genética por microssatélites e avaliações morfométrias (Barrera et al, 2006). Na atualidade a raça apresenta poucos indivíduos, sendo uma preocupação para as associações das raças criollas, por estes motivos estão desenvolvendo projetos de conservação e restauração da raça na região. As análises populacionais são necessários para detectar mudanças substanciais na frequência de alelos que contribuem formação de grupos dentro das populações, dessa forma determinar linhagens ou diferenças dentro da população. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi

analisar a estrutura da população por método de componentes principais (PC) com informação genômica na raça colombiana criollo Caqueteño.

Material e Métodos

Foram utilizadas as informações de 120 animais da raça criollo Caqueteño genotipado com chip Bovine HD 777K, pertencentes ao núcleo da Universidad de la Amazonia. Foi realizado o controle de qualidade dos genótipos utilizando filtros via programa preGSf90 (Aguilar et al., 2010), sendo descartados marcadores call rate menor que 0,90, frequência alélica menor (MAF) a 0,02, diferença máxima entre a frequência observada e a esperada (equilíbrio de Hardy-Weinberg) maior que 0.15.

A análise da estrutura populacional foi realizada pelo método de componentes principais (PC), utilizando o programa Plink (Purcell et al., 2014) , utilizando a linha de comando “plink option --pca”. Os resultados analisados e gráficos foram feitos pelo programa Rstudio usando o pacote ggplot.

Resultados e Discussão

Na análise de componentes principais (PC) da raça criollo Caqueteño Crioulo (figura 1), podemos identificar que o PC1 explica uma variação de 12% e observa-se uma pequena estratificação da população CAQ, formando dois clusters. Para PC2, um cluster maior é observado, explicando 24% da variância. Em geral, ambos os PC apresentam variabilidade genética e estratificação da população da raça criollo caqueteño. Possivelmente os animais estudados tenham sofrido introgressão recentes de animais mestiços com Caqueteño, o que permitiu maior variabilidade genética na população atual. A estrutura populacional é uma importante ferramenta por permitir maior compreensão sobre o histórico da população como animais que contribuem na variabilidade genética da população, introdução de novo material genético, identificar subgrupos genéticos. Segundo Price et al. (2006) estudos da estratificação populacional ajudam a identificar possíveis linhagens, que são subestruturas genéticas, permite considerar esses efeitos para se obter maior acurácia nas análises utilizando informações genômicas.

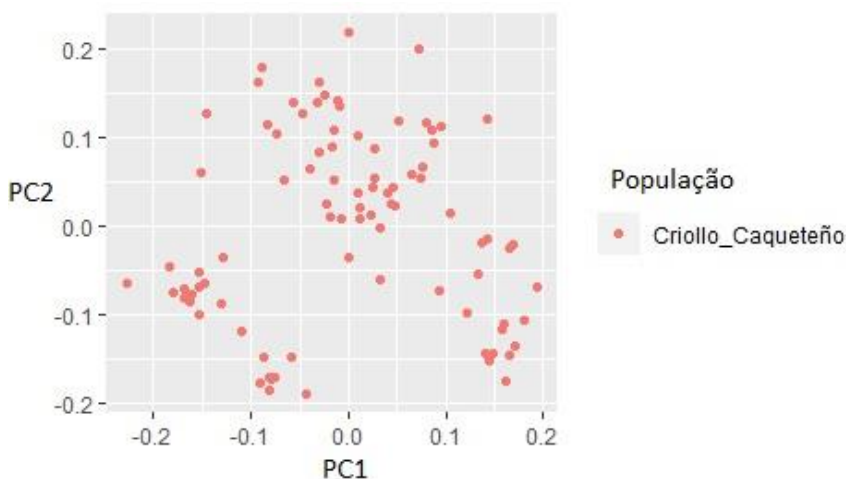
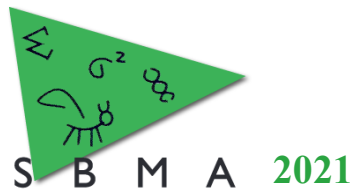


Figura 1. Análises de componentes principais (PC) da população de criollo Caqueteño.

Um estudo de caracterização molecular utilizando microssatélites na população criollo Caqueteño, identificou variabilidade genética na população apesar de apresentar um pequeno tamanho efetivo (Barrera et al, 2006). Porém, a população existente da raça criollo caqueteño, apresenta aproximadamente 125 exemplares, sendo 6 reprodutores utilizados nos acasalamentos da população, o PC sugere diferentes linhagens possivelmente tenham diferença importantes entre os reprodutores sendo necessário estudos de



parentesco, heterozidade que permitam compreender melhor a separação da população do criollo Caqueteño.

Conclusão

As análises de PC na população de criollo Caqueteño evidenciam que a população apresenta estratificação, possivelmente pelo uso de animais misturado com a raça criollo, contribuindo a diversificar a população recente, porém, mais estudos populacionais são necessários para compreender a estrutura da raça colombiana criollo Caqueteño.

Agradecimentos

Ao projeto de pesquisa “Desarrollo experimental en genómica animal, para el mejoramiento de las características productivas del ganado bovino en el departamento del Caqueta”, código BPIN 2018100120, pelo apoio financeiro. A Universidad de la Amazonia pelos dados usados no estudo.

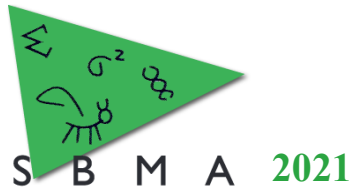
Literatura citada

Aguilar, I., I. Misztal, D. L. Johnson, A. Legarra, S. Tsuruta, and T. J. Lawlor. 2010. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.* 93:743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>.

Barrera, G. P., Martínez, R., Torrijos, R., & Ramón, F. (2006). Caracterización molecular de una población de ganado Caqueteño y su relación filogenética con razas bovinas criollas colombianas. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7(1), 33-41.

Price, A. L.; Patterson, N. J.; Plenge, R. M.; Weinblatt, M. E.; Shadick, N. A.; Reich, D. 2006. Principal components analysis corrects for stratification in genome-wide association studies. **Nature Genetics**, 8, p. 904-909.

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., Sham, P. C. (2014). PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*, 81(3), 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>



Modelos de normas de reação para ganho de peso do nascimento à desmama em bovinos Nelore

Ivan Carvalho Filho^{1*}, Delvan Alves da Silva¹, Caio de Souza Teixeira¹, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}, Fabyano Fonseca e Silva^{2,3}, Roberto Carneiro^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

³Pesquisador do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: *ivanf08@gmail.com*

Resumo: Informações fenotípicas de 551,930 animais provenientes da base de dados Aliança Nelore foram utilizados para estimar a variância genética aditiva direta e materna, e de ambiente permanente materno para ganho de peso do nascimento à desmama (GND). Inicialmente, ajustou-se um modelo animal para estimar o gradiente ambiental (definido como as estimativas dos efeitos de grupos de contemporâneos). Posteriormente, foram comparados três modelos de normas de reação, os quais se diferenciaram conforme as presenças dos efeitos genéticos materno e de ambiente permanente. O melhor modelo, conforme os critérios AIC e BIC, contemplou somente o efeito genético aditivo direto, reduzindo assim a parametrização e conseqüentemente a demanda computacional exigida para o ajuste do mesmo. Em resumo, a estratégia proposta caracteriza-se como uma alternativa viável para acomodar a interação genótipo x ambiente em avaliações genéticas para GND em bovinos Nelore.

Palavras-chave: efeitos maternos, herdabilidade, Nelore, normas de reação.

Reaction norm models for birth-to-weaning weight gain in Nelore cattle

Abstract: Phenotypic data from 551,930 Nelore animals from Alliance Nelore database were used to estimate the additive direct and maternal genetic, as well as, the maternal permanent environmental variance to birth from weaning weight gain (BWG). Initially, an animal model was used to estimate the environmental gradient (defined here as the estimated effect of contemporary group). Posteriorly, three reaction norm models were compared, being these models considering or not the maternal genetic and permanent environmental effects. The best model, according to the AIC and BIC criteria, was the one in which the adjustment of the reaction norm was considered only for the direct additive genetic effect; thus reducing the parameterization and consequently the computational demand. In summary, the proposed strategy can be characterized as a suitable alternative to take into account the genotype by environment interaction in genetic evaluations of BWG in Nelore cattle.

Keywords: heritability, maternal effects, Nelore, reaction norm.

Introdução

Pesos medidos do nascimento até a desmama não são determinados apenas pelo potencial genético dos animais, mas também pela contribuição genética e de ambiente permanente da mãe (Meyer, 1992). Vargas et al. (2014) reportaram que os efeitos maternos são de grande importância para características visuais e de crescimento em bovinos da raça Nelore, principalmente à desmama, e que esses efeitos deveriam ser considerados nos modelos de avaliação genética.

Modelos de normas de reação são utilizados para modelar a interação genótipo ambiente (GxA), objetivando estimar os valores genéticos em diferentes condições ambientais (Knap & Su, 2008). Porém, estes modelos tendem a ser altamente parametrizados e de difícil interpretação prática, além de reportarem problemas computacionais e de convergência dos algoritmos empregados. Para características que consideram efeitos aleatórios adicionais ao genético direto, tais como os efeitos genéticos maternos e de ambiente permanente materno, os problemas relatados anteriormente tendem a se destacar ainda mais. Além disso, com o melhor de nosso conhecimento, não foram encontrados estudos prévios de interação GxA evidenciando a necessidade de contemplar tal interação para os efeitos maternos. Portanto, objetivou-se avaliar a necessidade de modelar a interação GxA para os efeitos genéticos maternos e de ambiente

permanente materno em função do ambiente (AxA) em avaliações genéticas para ganho de peso do nascimento à desmama em bovinos Nelore.

Material e Métodos

Dados fenotípicos de ganho de peso do nascimento à desmama (GND) foram obtidos do banco de dados Aliança Nelore. Após os critérios utilizados de manter apenas animais com pais conhecidos, de grupo de contemporâneo (GC) com no mínimo 20 animais e GND entre 70 e 226 kg. Desta forma, foram considerados para as análises 551,930 animais distribuídos em 11,616 GC (animais nascidos no mesmo rebanho, ano e estação, do mesmo sexo e criados no mesmo grupo de manejo do nascimento à desmama) Os efeitos de GC (gradiente ambiental) foram normalizados assumindo distribuição normal (N (0,1)).

Foram testados três modelos de normas de reação. O primeiro (M1) é descrito pela equação: $y_{ijk} = x'_j\beta + \emptyset\widehat{GA}_i + a_j + b_j\widehat{GA}_i + m_j + bm_j\widehat{GA}_i + mpe_k + bmpe_k\widehat{GA}_i + e_{ijk}$, em que: y_{ij} é a observação fenotípica do animal j no GA i ; x'_j é o vetor de incidência dos efeitos fixos, β é o vetor de efeitos fixos, incluindo GC e as seguintes covariáveis: idade do animal, idade da vaca ao parto e idade da vaca ao parto ao quadrado; \emptyset é o coeficiente de regressão linear de y_{ij} no \widehat{GA}_i , sendo este o efeito estimado do gradiente ambiental, a_j é o valor genético aditivo direto do intercepto (ou nível da norma de reação do animal j); b_j é o coeficiente de regressão aleatório, ou parâmetro de inclinação do animal j no ambiente representado por \widehat{GA}_i , m_j é o valor genético materno do intercepto ou nível da norma de reação do animal j ; $bm_j\widehat{GA}_i$ é o coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da reta do animal j no ambiente representado por \widehat{GA}_i ; mpe_k é o valor genético de ambiente permanente materno do intercepto ou nível da norma de reação do animal k ; $bmpe_k\widehat{GA}_i$ é o coeficiente de regressão aleatório (ou inclinação da reta) do animal k no ambiente representado por \widehat{GA}_i ; e e_{ij} é o termo residual. No M2, a norma de reação foi ajustada para efeitos genéticos direto e materno; ao passo que no M3, a norma de reação foi ajustada apenas para o efeito genético aditivo direto.

As estimativas dos componentes de (co)variância de todos os modelos foram obtidas por máxima verossimilhança restrita usando o software REMLF90. Os diferentes modelos foram comparados com base nos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC).

Resultados e Discussão

Com base nos critérios AIC e BIC, o modelo M3, que ajustou uma norma de reação apenas para o efeito genético aditivo direto, superou os outros modelos (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de variância e covariância entre os coeficientes das normas de reação para cada modelo para ganho de peso do nascimento à desmama, juntamente com estimativas de variância residual e critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC).

Modelo ¹ \ Coeficiente ²	σ^2_{b0}	σ^2_{b1}	σ_{b0b1}	σ^2_{b0m}	σ^2_{b1m}	σ_{b0mb1m}	σ^2_{b0pe}	σ^2_{b1pe}	$\sigma_{b0peb1pe}$	σ^2_e	np	AIC	BIC
M1	69,17	1,75	0,23	51,13	2,22	-0,76	60,07	2,54	-1,81	187,4	10	4.712. 279	4.712. 316
M2	69,21	2,3	-0,47	51,08	3,83	-1,8	60,1	-	-	187,8	8	4.712. 296	4.712. 326
M3	69,35	2,96	-1,88	51,26	-	-	60,06	-	-	190,2	6	3.171. 962	3.171. 984

¹M1: modelo ajustando norma de reação (NR) para os efeitos genético aditivo direto (a) e materno (m) e de ambiente permanente materno (mpe); M2: modelo ajustando NR para os efeitos a e m ; M3: modelo ajustando NR apenas para o efeito a .

² σ^2_{b0} : variância genética do intercepto; σ^2_{b1} : variância genética da inclinação; σ_{b0b1} : covariância genética entre intercepto e inclinação; σ^2_{b0m} : variância genética materna do intercepto; σ^2_{b1m} : variância genética materna da inclinação; σ_{b0mb1m} : covariância genética materna entre intercepto e inclinação; σ^2_{b0pe} : variância de ambiente permanente materno do intercepto; σ^2_{b1pe} : variância de ambiente permanente materno da inclinação; $\sigma_{b0peb1pe}$: covariância de ambiente permanente materno entre intercepto e inclinação; σ^2_e : variância residual; np: número de parâmetros.

Pode-se observar que as estimativas de variância pouco diferiram entre os modelos, sugerindo que independentemente da utilização ou não de normas de reação para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, a estimação do efeito genético direto não é afetada, possibilitando a estimação da interação GxA para o efeito genético aditivo direto.

As estimativas de herdabilidade direta (h^2_d) variaram de 0,19 a 0,21 para o M1 e M2 e de 0,18 a 0,26 entre os modelos, havendo maior amplitude para o M3 (Figura 1A). Já, as estimativas de herdabilidade materna (h^2_m) foram de 0,14 a 0,17 para o M1, de 0,14 a 0,22 para o M2 e de 0,13 a 0,14 para o M3 (Figura 1B). As estimativas da proporção da variância de ambiente permanente pela variância fenotípica (c^2) foi de 0,17 a 0,21 para o M1, 0,14 a 0,16 para M2 e 0,15 a 0,16 para M3 (Figura 1C). Mesmo nos modelos que não ajustaram a norma de reação para os efeitos genético materno e/ou de ambiente permanente materno, foi possível observar variação da h^2_m e c^2 ao longo do gradiente ambiental, pois no denominador da fórmula destes parâmetros está a variância fenotípica, que contém a variância genética aditiva a qual foi modelada utilizando uma norma de reação.

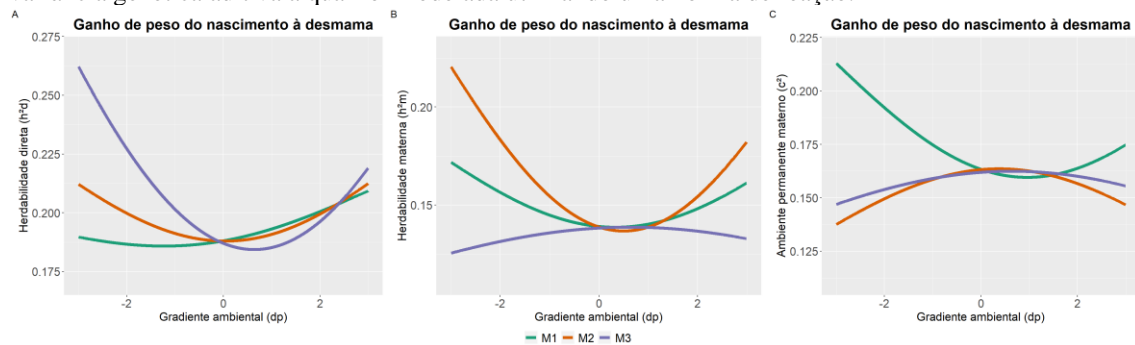


Figura 1. Estimativas de herdabilidade direta (A) e materna (B) e proporção de ambiente permanente materno (C) ao longo do gradiente ambiental, para ganho de peso do nascimento à desmama em bovinos Nelore.

Resultados semelhantes ao M2 também foram observados por Ambrosini et al. (2014), que estudou somente as normas de reação considerando efeitos genéticos direto e materno para peso à desmama em bovinos Nelore. Porém, conforme evidenciado nesse estudo pelo M3, os resultados obtidos indicam que não há necessidade de modelar GxA para o efeito genético materno e AxA para o efeito de ambiente permanente materno.

Conclusão

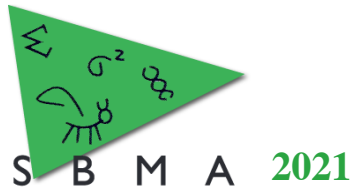
Os resultados indicam a importância de modelar a interação GxA para o efeito genético aditivo direto do ganho de peso do nascimento à desmama em bovinos da raça Nelore, não sendo necessário utilizar normas de reação para os efeitos maternos genético aditivo e de ambiente permanente.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, código de financiamento 001), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP #17/18415-3, #17/10630-2, #18/20026-8 e #19/06361-1) pelo auxílio financeiro e aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore (www.gensys.com.br) por disponibilizarem os dados.

Literatura citada

- Ambrosini, D. P., Malhado, C. H. M., Braccini Neto, J., Martins Filho, R., Affonso, P. R. A. de M., & Luiz, P. S. C. (2014). Reaction norms of direct and maternal effects for weight at 205 days in Polled Nelore cattle in north-eastern Brazil. *Archiv Tierzucht*, 57, 1–11. <https://doi.org/10.7482/0003-9438-57-032>
- Knap, P. W., & Su, G. (2008). Genotype by environment interaction for litter size in pigs as quantified by reaction norms analysis. *Animal*, 2(12), 1742–1747. <https://doi.org/10.1017/S1751731108003145>
- Meyer, K. (1992). Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 31(3–4), 179–204. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(92\)90017-X](https://doi.org/10.1016/0301-6226(92)90017-X)
- Vargas, G., Buzanskas, M. E., Guidolin, D. G. F., Grossi, D. do A., Bonifácio, A. da S., Lôbo, R. B., da Fonseca, R., de Oliveira, J. A., & Munari, D. P. (2014). Genetic parameter estimation for pre- and post-weaning traits in Brahman cattle in Brazil. *Tropical Animal Health and Production*, 46(7), 1271–1278. <https://doi.org/10.1007/s11250-014-0640-3>



Parâmetros genéticos para habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos na raça Canchim

Rodrigo Junqueira Pereira^{a*}, Diogo Osmar Silva^a, Mario Luiz Santana Júnior^a, Denise Rocha Ayres^a, Annaiza Braga Bignardi^a, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes^b, Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior^b, Andréa Gondo^b

^a Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Universidade Federal de Rondonópolis, MT-270, Km 06, Rondonópolis, MT

^b Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa/CNPGC), Av. Rádio Maia, 830, Zona Rural, Campo Grande, MS

*Autor correspondente: rodrigo.pereira@ufr.edu.br

Resumo: A habilidade de permanência no rebanho (HPR) é uma medida de longevidade funcional da vaca, característica de grande impacto econômico nos rebanhos. Portanto, o objetivo com este estudo foi a estimação de parâmetros genéticos para HPR em partos consecutivos na raça Canchim. O fenótipo foi atribuído observando se a fêmea teve o respectivo parto ou não, dada a oportunidade para expressá-lo. Um modelo linear de regressão aleatória foi adotado para a análise dos dados. As estimativas de herdabilidade encontradas variaram de 0,01 a 0,05, sendo de magnitude crescente ao longo dos partos. As estimativas de correlação genética entre a HPR nos diferentes partos indicam que partos adjacentes compartilham a maior parte dos genes na expressão da característica. Para os partos mais distantes (partos 2 e 8), a estimativa de correlação genética foi de 0,77. As altas correlações genéticas entre a HPR nos diferentes partos indicam que a seleção poderia ser baseada no potencial genético para a característica no segundo ou terceiro parto, reduzindo o intervalo de gerações.

Palavras-chave: correlação genética, longevidade, taurinos

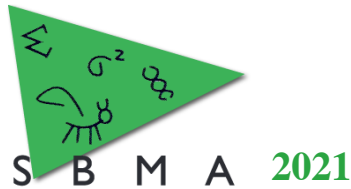
Genetic parameters for stayability to consecutive calvings in Canchim cattle

Abstract: The stayability (STAY) measures the functional longevity of the cow, a trait of significant economic impact on the herds. Therefore, this study aimed to estimate genetic parameters for STAY in consecutive calvings in the Canchim breed. The phenotype was assigned by observing whether the female calves or not, given the opportunity to calve. A linear random regression model was adopted for data analysis. The heritability estimates ranged from 0.01 to 0.05, with increasing magnitude along the calvings. Estimates of genetic correlation between STAY in different calvings indicate that adjacent calvings share most of the genes in the expression of the trait. For more distant calvings (2 and 8), the genetic correlation estimate was 0.77. The high genetic correlations between STAY in different calvings indicate that selection could be based on the genetic potential for the trait in the second or third calving, reducing the generation interval.

Keywords: genetic correlation, longevity, taurine

Introdução

A habilidade de permanência no rebanho (HPR) é uma medida de longevidade funcional da vaca e tem recebido bastante atenção dos programas de melhoramento genético atualmente, dada sua relevância econômica para os sistemas de produção de carne. Tradicionalmente, esta característica é definida como a probabilidade de que uma vaca permaneça no rebanho até os 6 anos de idade dado que ela pariu pelo menos uma vez anteriormente. O principal problema com esta definição de HPR é que a vaca deve atingir os 6 anos para que tenha um fenótipo para a característica. O pai deste animal, conseqüentemente, terá no mínimo 8 anos de idade, resultando em baixa acurácia na avaliação de touros jovens e reduzindo o ganho genético por unidade de tempo. Uma abordagem alternativa para a solução de tal problema é a habilidade de permanência no rebanho mensurada em cada parto na vida da fêmea (Jamrozik et al., 2013; Silva et al., 2018; 2021). Assim, o objetivo com este estudo foi a estimação de parâmetros genéticos para HPR em partos consecutivos na raça Canchim.



Material e Métodos

O banco de dados utilizado é proveniente do Programa de Melhoramento Genético Geneplus-Embrapa, conduzido pela Embrapa Gado de Corte. Foi realizado o controle de qualidade para a exclusão de possíveis informações incorretas e atendimento de restrições específicas para a inclusão dos fenótipos das vacas no estudo. Foram consideradas somente fêmeas que tiveram seu primeiro parto entre 20 e 42 meses. A característica estudada foi a HPR em partos consecutivos. O fenótipo foi atribuído se a fêmea teve o respectivo parto ou não, dado que teve oportunidade para expressá-lo. Cada vaca poderia ter até sete observações repetidas (habilidade de permanência ou não ao parto 2, 3, ... e 8). O valor fenotípico 1 (sucesso) foi atribuído às vacas que tiveram o respectivo parto e 0 (fracasso) àquelas que tiveram a oportunidade, mas não pariram. Mais detalhes sobre a geração dos fenótipos podem ser acessados em Silva et al. (2018). Os números de fenótipos utilizados na estimação de parâmetros genéticos foram de 41.981, 41.640, 41.293, 41.025, 40.815, 40.629 e 40.500 registros para a HPR até o segundo, terceiro, quarto, quinto, sexto, sétimo e oitavo parto, respectivamente.

Um modelo linear de regressão aleatória foi adotado conforme recomendado por Jamrozik et al. (2013). Jamrozik et al. (2013) e Silva et al. (2018, 2021) recomendaram o uso de polinômios ortogonais de Legendre (LEG) com 4 coeficientes (regressão cúbica) para cada efeito aleatório do modelo (exceto resíduo). Na raça Canchim, um estudo prévio (dados não publicados) também indicou LEG com 4 coeficientes como mais adequados. No modelo estatístico, foram considerados os efeitos fixos de: classes de idade ao primeiro parto (sendo sete classes de idade ao primeiro parto entre 20 e 42 meses); ano-estação de nascimento da vaca; classes de composição genética (sendo sete composições genéticas). Todos os efeitos fixos foram associados ao número do parto, de forma que tais efeitos pudessem variar ao longo da vida da fêmea. Os efeitos aleatórios de grupo contemporâneo (definido como fazenda, ano e estação de nascimento), ambiente permanente e genético aditivo foram modelados por LEG com 4 coeficientes. Para o resíduo, foi considerada uma estrutura de variâncias heterogênea, sendo uma variância residual para cada parto.

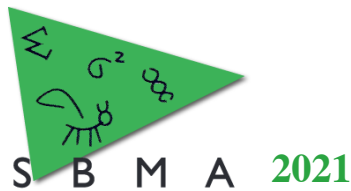
A análise foi feita utilizando-se o método Bayesiano por meio do software GIBBS3F90 (Misztal et al., 2002). Foi gerada uma cadeia de 600.000 amostras, com descarte das 100.000 primeiras amostras e um intervalo de descarte amostral igual a 10. A convergência foi verificada por meio da inspeção dos gráficos dos parâmetros \times amostras, bem como pelos critérios de Geweke e Raftery & Lewis, e então foram calculados os parâmetros genéticos de interesse.

Resultados e Discussão

As médias fenotípicas observadas foram de 64%, 44%, 31%, 21%, 14%, 9% e 5% para a HPR até o segundo, terceiro, quarto, quinto, sexto, sétimo e oitavo parto, respectivamente. Estes valores apontam para um descarte de vacas um pouco mais intenso nos partos iniciais. As médias e tendência da HPR ao longo dos partos foram semelhantes às observadas para raças taurinas e zebuínas em estudos anteriores (Jamrozik et al., 2013; Silva et al., 2018, 2021).

As estimativas de herdabilidade encontradas variaram de 0,01 a 0,05, com magnitude crescente ao longo dos partos (Tabela 1). Estes valores são inferiores aos reportados na literatura para raças taurinas e zebuínas (Jamrozik et al., 2013; Silva et al., 2018, 2021). Tal diferença possivelmente possa ser atribuída às diferenças genéticas entre raças, mas também à forma com que cada criador aplica seus respectivos critérios de descarte voluntário. Mesmo apresentando baixos valores de herdabilidade, a característica poderia receber atenção por parte dos melhoristas pela importância econômica da mesma para o sistema de produção.

As estimativas de correlação genética entre a HPR nos diferentes partos (Tabela 1) indicam que partos adjacentes compartilham a maior parte dos genes na expressão da característica. Para a HPR nos partos mais distantes entre si (partos 2 e 8), a estimativa de correlação genética foi de 0,77, sendo ligeiramente superior às reportadas por Jamrozik et al. (2013) e Silva et al. (2021) para raças taurinas e semelhante às reportadas por Silva et al. (2018) para as raças zebuínas. Os valores de correlação genética estimados apontam que o potencial genético dos animais para a HPR em partos iniciais é um bom indicador de tal potencial em partos que ocorrem nas idades mais avançadas das matrizes. Este fato indica a viabilidade do uso desta abordagem na seleção para longevidade funcional.



As estimativas de correlação fenotípica variaram de 0,18 a 0,62, indicando que o fenótipo HPR em partos iniciais não é um bom indicador do desempenho das matrizes nos demais partos. Valores ligeiramente superiores foram reportados na literatura para zebuínos (Silva et al., 2018) e taurinos (Jamrozik et al., 2013; Silva et al., 2021).

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade (diagonal em negrito) e correlações genéticas e fenotípicas (acima e abaixo da diagonal, respectivamente) para habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos na raça Canchim.

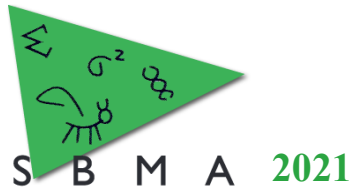
Parto	2	3	4	5	6	7	8
2	0,01 (0,002)	0,91 (0,048)	0,90 (0,060)	0,92 (0,053)	0,92 (0,052)	0,88 (0,070)	0,77 (0,105)
3	0,62 (0,003)	0,02 (0,003)	0,99 (0,002)	0,98 (0,007)	0,92 (0,023)	0,84 (0,048)	0,79 (0,058)
4	0,48 (0,003)	0,72 (0,002)	0,04 (0,004)	0,99 (0,003)	0,94 (0,017)	0,86 (0,039)	0,82 (0,044)
5	0,37 (0,004)	0,63 (0,002)	0,78 (0,001)	0,04 (0,005)	0,98 (0,006)	0,92 (0,021)	0,88 (0,029)
6	0,28 (0,004)	0,49 (0,003)	0,65 (0,002)	0,76 (0,001)	0,05 (0,005)	0,98 (0,005)	0,93 (0,019)
7	0,21 (0,004)	0,32 (0,004)	0,47 (0,003)	0,62 (0,002)	0,78 (0,001)	0,05 (0,005)	0,97 (0,012)
8	0,18 (0,005)	0,27 (0,004)	0,37 (0,004)	0,48 (0,003)	0,61 (0,003)	0,76 (0,002)	0,05 (0,005)

Conclusão

A característica HPR em partos consecutivos na raça Canchim apresenta variabilidade genética ao longo dos partos estudados, no entanto, dadas as baixas herdabilidades, os ganhos genéticos por seleção serão relativamente lentos. As altas correlações genéticas entre a HPR nos diferentes partos indicam que a seleção poderia ser baseada no potencial genético para a característica no segundo ou terceiro parto, reduzindo o intervalo de gerações. Tal seleção poderia, ainda, ser realizada por meio do valor genético predito para o coeficiente de regressão intercepto, dada a aplicação de regressão aleatória na avaliação genética.

Literatura citada

- JAMROZIK, J.; MCGRATH, S.; KEMP, R.A.; MILLER, S.P. Estimates of genetic parameters for stayability to consecutive calvings of Canadian Simmentals by random regression models. **Journal of Animal Science**, 91(8), 3634-3643, 2013.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2002, Montpellier. **Proceeding...**, 2002.
- SILVA, D. O.; SANTANA, M.L.; AYRES, D.R.; MENEZES, G.R.O.; SILVA, L.O.C.; NOBRE, P.R.C.; PEREIRA, R.J. Genetic parameters for stayability to consecutive calvings in Zebu cattle. **Animal**, 12(9), 1807-1814, 2018.
- SILVA, D.O.; MORALES, D.S.; SANTANA JR, M.L.; AYRES, D.R.; BIGNARDI, A.B.; CARVALHEIRO, R.; PICOLI, M.L.; ROSO, V.M.; PEREIRA, R.J. Genetic analyses of stayability to consecutive calvings in taurine and crossbred (*Bos indicus* x *Bos taurus*) cattle. **Livestock Science**, 244, 104331, 2021.



Efeitos genéticos e não-genéticos sobre dias para o parto em bovinos da raça Nelore

Diogo Osmar Silva^{a*}, Débora da Silva Morales^a, Denise Rocha Ayres^a, Annaiza Braga Bignardi^a, Mário Luiz Santana Júnior^a, Roberto Carneiro^b, Lucia Galvão de Albuquerque^b, Rodrigo Junqueira Pereira^a

^a Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Universidade Federal de Rondonópolis, MT-270, Km 06, Rondonópolis, MT, Brazil, CEP 78735-000

^b Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: diogoosmarsilva@gmail.com

Resumo: Foram analisados dados de um rebanho comercial da raça Nelore com o objetivo de avaliar a influência de fatores não-genéticos e estimar parâmetros genéticos para a característica dias para o parto (DPP), verificando-se assim a possibilidade de utilizá-la como critério de seleção. Utilizando como critério de comparação de modelos o DIC, foi utilizado o método “*Backward Elimination*” para selecionar quais efeitos não-genéticos deveriam permanecer no modelo estatístico final. As herdabilidades estimadas variaram entre 0,008 e 0,03, evidenciando que a característica DPP sofre grande influência dos fatores não-genéticos. Foi concluído que a DPP é uma importante característica reprodutiva que deveria ser incluída como critério de seleção, pois mesmo que a resposta a seleção individual seja pequena a longo prazo, poderá promover impacto positivo na produtividade. Um modelo estatístico que incluía, além dos efeitos aleatórios tradicionais, os efeitos fixos de grupo contemporâneo (composto por fazenda, ano, estação e grupo de manejo do parto anterior); mês do parto anterior; tipo de serviço combinado ao ano da estação de monta; precocidade; sexos dos bezerros no parto anterior e no parto atual; pesos dos bezerros ao parto anterior e ao parto atual (efeito linear) e idade ao parto (efeitos linear e quadrático), seria recomendado para a avaliação genética da DPP em bovinos de corte.

Palavras-chave: *backward elimination*, regularidade reprodutiva, parâmetros genéticos

Genetics and Non-Genetics effects on days to calving in Nelore cattle

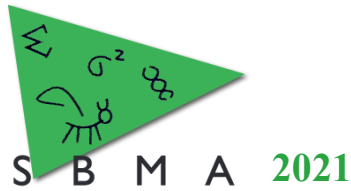
Abstract: Data from a commercial Nelore herd were analyzed to evaluate the influence of non-genetic factors and estimate genetic parameters for days to calving (DC), thus verifying the possibility of using it as a selection criterion. Using the DIC as a criterion for comparing models, the Backward Elimination method was used to select which non-genetic effects should remain in the final statistical model. The estimated heritability ranged between 0.008 and 0.03, showing that non-genetic factors greatly influence DC. It was concluded that DC is an important reproductive trait and should be included as a selection criterion, as even if the response to individual selection is small in the long run, it can positively impact productivity. A statistical model recommended for the genetic evaluation of DC in beef cattle, in addition to the traditional random effects, should include the following fixed effects: contemporary group (composed by farm, year, season, and management group of the previous calving); month of the previous calving; type of service combined with the year of the breeding season; precocity; sex of calves in the previous calving and current calving; birth weight of the calves at previous calving and current calving (linear effect) and age at calving (linear and quadratic effects).

Keywords: backward elimination, genetic parameters, reproductive regularity

Introdução

A característica DPP é definida como o intervalo, em dias, entre o início da estação de monta e a data do parto subsequente. Forni e Albuquerque (2006) destacaram algumas vantagens do seu uso, como a identificação do número de serviços requeridos para a prenhez, a duração da gestação, a provável data do parto e ainda a identificação dos animais com maior fertilidade dentro do rebanho.

Foi observado na literatura certa incoerência entre os efeitos não-genéticos incluídos nos modelos estatísticos de avaliação genética de DPP, particularmente quando comparados os estudos nacionais com os internacionais. Diante desse contexto, e levando em consideração a importância de se avaliar a fertilidade das fêmeas bovinas de corte, objetivou-se verificar a influência de fatores não-genéticos e estimar parâmetros genéticos para a característica DPP em bovinos da raça Nelore.



Material e Métodos

O banco de dados estudado foi concedido pela Agropecuária Jacarezinho Ltda. Esta companhia trabalha com bovinos da raça Nelore, tanto para seleção como para abate. Os fenótipos para DPP foram calculados como a diferença, em dias, entre a data do parto e o primeiro dia da estação de monta anterior. Foram consideradas somente informações de DPP entre 297 e 405 dias. A característica foi estudada em 4 análises distintas: DPP2, DPP3, DPP4 e DPP5m, onde foram consideradas somente as vacas de segundo, terceiro, quarto e quinto ao décimo parto. Para estudar os efeitos não-genéticos sobre a característica DPP, para cada uma das 4 análises citadas acima, foram avaliados os seguintes efeitos fixos: GC: grupo contemporâneo (composto por fazenda, ano, estação e grupo de manejo ao parto anterior); MPA: mês do parto anterior; GCP: grupo contemporâneo pré-puberdade (composto por fazenda, ano, estação e grupo de manejo ao nascimento + fazenda e grupo de manejo ao sobreano); TSA: tipo de serviço (inseminação artificial, monta controlada ou reprodutores múltiplos) combinado ao ano da estação de monta; PRE: precocidade (se a fêmea teve sua primeira concepção na estação de monta antecipada ou não); SBA: sexo do bezerro no parto anterior, SB: sexo do bezerro no parto atual (que gerou a respectiva informação de DPP); PBA: peso do bezerro ao parto anterior, efeito linear; PB: peso do bezerro ao parto atual, efeito linear; idade ao parto, efeitos linear (ID) e quadrático (ID²). Como aleatórios, foram considerados os efeitos genético-aditivo, de ambiente permanente (somente para a análise DPP5m) e o resíduo. As estações foram definidas como: fevereiro, março e abril; maio, junho e julho; agosto, setembro e outubro; novembro, dezembro e janeiro.

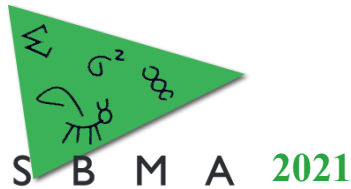
O método utilizado para avaliar se o efeito não-genético deveria ou não ser considerado no modelo estatístico de avaliação genética da característica em cada uma das 4 análises foi o “*Backward Elimination*”. Neste método, o modelo incorpora inicialmente todos os efeitos, e depois, por etapas, cada um pode ser ou não eliminado. Na primeira etapa, avaliaram-se 11 modelos, ou seja, o modelo completo (incluindo todos os efeitos) e mais 10 modelos, cada um sem um dos efeitos não-genéticos. O efeito fixo de grupo contemporâneo e os efeitos aleatórios genético-aditivo, de ambiente permanente (somente para a análise DPP5m) e residual foram sempre mantidos em todos os modelos. Ao final da primeira etapa, os 11 modelos foram comparados pelo Critério de Informação da Deviance (DIC), e aquele com menor valor de DIC foi escolhido como o modelo mais adequado. Se o modelo completo fosse o de menor DIC, todos os efeitos incluídos nele seriam considerados “significativos” e deveriam ser mantidos em um modelo final de avaliação genética. Nenhuma etapa adicional seria necessária neste caso. Por outro lado, se o modelo de menor DIC fosse um dos 10 modelos onde um dos efeitos foi removido, tal efeito era considerado como “não-significativo”, este modelo passava a ser o “novo modelo completo” e uma nova etapa se iniciava, criando-se mais 9 modelos ao remover cada um dos demais efeitos deste “novo modelo completo”. Tal procedimento foi repetido até que o modelo completo da respectiva etapa fosse o de menor DIC.

As estimações de parâmetros dos modelos foram feitas pelo método Bayesiano. Para a estimação de parâmetros de cada modelo, foi gerada uma cadeia com 300.000 amostras, utilizando o software GIBBS2F90 (MISZTAL et al., 2002). O burn-in utilizado foi de 30.000 amostras e o intervalo de descarte amostral foi igual a 10. A convergência foi verificada conforme os critérios de Geweke e Raftery & Lewis e pela inspeção gráfica dos parâmetros \times interações. Ao serem escolhidos os melhores modelos para cada análise (DPP2, DPP3, DPP4 ou DPP5m), as soluções de cada nível dos respectivos efeitos dos modelos foram obtidas. Utilizaram-se as médias de cada solução. Adicionalmente, as herdabilidades de DPP foram obtidas utilizando-se as médias dos componentes de variância.

Resultados e Discussão

De acordo com os valores de DIC, na primeira etapa e para todas as análises, o melhor modelo não incluiu o grupo contemporâneo pré-puberdade (GCP), indicando que as condições de manejo das fêmeas até a puberdade não afetaram de forma significativa a DPP do segundo parto em diante.

Na segunda etapa, o modelo completo (sem o GCP) foi o de menor DIC, exceto para DPP4. O resultado divergente de DPP4 quando comparado aos outros partos, ao indicar que o efeito de SB deveria ser desconsiderado, parece não ter um significado biológico. Portanto, observando-se ainda o pequeno incremento no valor de DIC ao considerar o SB, igual a 2,67 (0,003%), optou-se por utilizar este modelo (com o efeito de SB) na estimação das soluções dos níveis dos efeitos não-genéticos.



O mês do parto anterior influenciou significativamente a característica DPP, de modo que os animais que tiveram seu parto no início da estação de nascimento apresentaram menores valores de DPP. O tipo de serviço apresentou efeito significativo para todos os partos estudados. As fêmeas que conceberam por monta controlada ou por esquema de reprodutores múltiplos apresentaram, em média, DPP 19,7 e 25,6 dias superior, respectivamente, àquelas que conceberam por inseminação artificial. Tal fato pode estar relacionado ao manejo reprodutivo, ao menos em parte dessas fêmeas, onde primeiramente as vacas passariam por tentativa de inseminação artificial e somente aquelas que não emprenhassem seriam direcionadas à monta controlada ou ao esquema de reprodutores múltiplos. Este pode ser um indicativo de que o tipo de serviço deva ser anexado à definição do grupo de contemporâneas.

Em geral, foi possível observar que o bezerro macho provocou acréscimo nos valores de DPP de 0,4 dia. Adicionalmente, O sexo do bezerro anterior também influenciou a DPP, com um acréscimo médio de 0,7 dia quando o bezerro era macho. Este fato poderia estar relacionado a uma maior demanda de leite materno por bezerros machos, que em geral se desenvolvem mais rapidamente que as fêmeas, causando assim um maior desgaste da vaca.

Para cada quilograma a mais no peso ao nascer do bezerro houve um aumento, em média, de 0,7 dia no DPP da vaca. Por outro lado, o peso do bezerro no parto anterior teve efeito consideravelmente menor (0,09 dia/kg de peso do bezerro). Isto poderia estar relacionado à possibilidade de que bezerros mais pesados causem um maior desgaste da vaca ao parto, fazendo com que ela demore um pouco mais para se recuperar.

Para a idade da vaca ao parto, as soluções apontam para uma diminuição nos valores de DPP até idade próxima aos 12 anos. A partir deste ponto, houve um aumento de DPP com o avançar da idade. Fato semelhante foi encontrado por Pereira et al. (2001), observando que com o aumento da idade dos animais, a partir dos sete anos, houve um acréscimo no tempo de gestação.

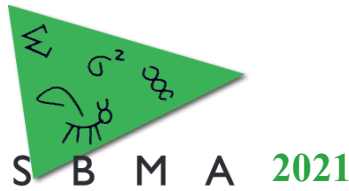
No presente estudo, as estimativas de herdabilidade obtidas para DPP no 2º, 3º, 4º e 5º-10º partos, respectivamente, foram de 0,03, 0,03, 0,02 e 0,008. Esses valores são um pouco inferiores aos encontrados na literatura. Boligon et al. (2007) ressaltaram que as baixas estimativas de herdabilidade sugerem pequeno ganho genético para a característica DPP por seleção, mas citaram que a inclusão dessas características como critério de seleção possibilitaria o aumento da vida reprodutiva das fêmeas, quando há seleção em matrizes jovens.

Conclusão

Ao contrário do que geralmente é utilizado nos trabalhos com DPP desenvolvidos no Brasil, o efeito do grupo contemporâneo pré-adolescência, o qual reflete as condições de manejo no início da vida do animal, não parece influenciar a DPP do segundo parto em diante. De acordo com nosso estudo, um modelo estatístico que inclua, além dos efeitos aleatórios tradicionais, os efeitos fixos de GC, MPA, TSA, PRE, SBA, SB, PBA (efeito linear), PB (efeito linear) e idade ao parto (efeitos linear e quadrático, seria recomendado para a avaliação genética da DPP em bovinos de corte.

Literatura citada

- BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; ALBUQUERQUE, L. G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n.3, p. 565-571, 2007.
- PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 53, n. 6, p. 720-727, 2001.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: **WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 2002, Montpellier. **Proceeding...** Montpellier, 2002.
- FORNI, S.; ALBUQUERQUE, L. G. Avaliação de fatores de ambiente e estimativas de parâmetros genéticos para a característica dias para o parto na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 4, p. 1239-1335, 2006.



Modelos de regressão aleatória ou multicaracterística na avaliação genética para peso corporal da raça Nelore em um estudo de simulação

Diogo Osmar Silva^a, Denise Rocha Ayres^a, Annaiza Braga Bignardi^a, Mario Luiz Santana Júnior^a, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes^b, Carlos Henrique Cavalari Machado^c, Luiz Antônio Josahkian^c, Rodrigo Junqueira Pereira^{a*}

^a Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Universidade Federal de Rondonópolis, MT-270, Km 06, Rondonópolis, MT

^b Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa/CNPGC), Av. Rádio Maia, 830, Zona Rural, Campo Grande, MS

^c Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), Praça Vicentino Rodrigues da Cunha, 110, Parque Fernando Costa, Uberaba, MG

*Autor correspondente: *rodrigo.pereira@ufr.edu.br*

Resumo: Com o objetivo de comparar análise multicaracterística (MT) e de Regressão Aleatória (RA) para avaliação genética do peso corporal na raça Nelore no Brasil, um estudo de simulação foi realizado. Ao serem avaliados os ganhos em acurácia dos valores genéticos preditos (VGP) utilizando RA em detrimento da análise MT, observaram-se VGP consistentemente mais acurados para RA em todas as idades-padrão. Os ganhos médios em acurácia para os VGP para pesos aos 205, 365 e 550 dias foram ao redor de 2,5%. Para o peso ao nascimento, onde a disponibilidade de registros fenotípicos é bem inferior às dos pesos em outras idades-padrão, o incremento médio na acurácia foi bem elevado (92%), o que poderia sugerir que a RA seria ainda mais efetiva/robusta. No quesito consumo de memória computacional, o uso da metodologia RA aumentou em 57%. Ao observar o tempo médio gasto por avaliação genética, MT gastou em média 1.018 iterações para a convergência, enquanto RA gastou, em média, 443 iterações. A implementação da regressão aleatória nas avaliações genéticas de rotina dos programas de melhoramento genético de bovinos de corte não acarretaria maior custo pois não haveria a necessidade de substituição de recursos computacionais e traria vantagens com a obtenção de VGP mais acurados.

Palavras-chave: acurácia, demanda computacional, splines lineares

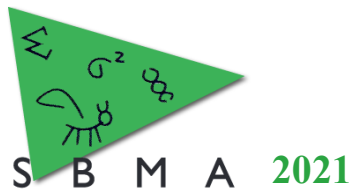
Random regression or multiple-trait models for genetic evaluation of body weight of Nelore breed in a simulation study

Abstract: To compare multiple-trait (MT) and random regression (RA) analyses for genetic evaluation for body weights in Nelore cattle in Brazil, a simulation study was conducted. In the evaluation of gains in accuracy of EBV predicted using RA at the expense of MT analyses, EBV were consistently more accurate for RA in all standards ages. The average gains in accuracy for EBV for weight at 205, 365, and 550 days were close to 2.5%. For birth weight, where phenotypic records available is less than other standard ages, the increase in average accuracy was high (92%), suggesting that RA is more effective/robust. Using RA increases 57% the computational memory consumption when compared to MT. However, in the time of genetic evaluation, MT expend, on average, 1,018 iterations for convergence, while RA expend 443 iterations. Implementing RA in routine genetic evaluation of beef cattle breeding programs would not entail higher costs as there would be no need to replace computational resources and bring advantages with more accurate EBV.

Keywords: accuracy, computational demand, linear splines

Introdução

Nas avaliações genéticas dos pesos por meio de análises multicaracterística, ao serem escolhidas as idades padrão (as quais definirão cada característica), somente um registro por idade é utilizado. Adicionalmente, caso o animal tenha um registro de peso a uma idade que não esteja dentro do intervalo de idade aceitável estabelecido para aquela característica, esse registro é desconsiderado. O principal problema decorrente de tais práticas é a perda de informações para a avaliação genética. Os modelos de regressão aleatória (RA) apresentam uma série de vantagens em relação às análises multicaracterística (MT), dentre as quais se destaca o incremento da acurácia na avaliação dos indivíduos, já que toda a informação disponível para cada animal é utilizada (Meyer, 2004). No Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ), as pesagens são realizadas, predominantemente, em intervalos de 90 dias, o que proporciona um considerável incremento na quantidade de informações por animal e, portanto, uma



estrutura de dados distinta do usual. Uma hipótese seria a de que sobre esta estrutura de dados, seja obtido incremento das acurácias dos valores genéticos preditos ainda maior com o uso do modelo RA. Portanto, o objetivo com este estudo foi comparar, por meio de simulação, as análises MT e RA para a avaliação genética da raça Nelore no Brasil, para a característica peso corporal em diferentes idades.

Material e Métodos

O banco de dados utilizado foi disponibilizado pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e incluiu todos os registros de peso e genealógicos da raça Nelore coletados entre os anos de 1919 e 2012. Os registros genealógicos e fenótipos passaram por controle de qualidade tendo em vista a eliminação de possíveis erros. Foram utilizados pesos do nascimento aos 630 dias de idade. Utilizando-se os componentes de variância estimados para a população em um estudo anterior (Pereira et al, 2015), foi realizada uma simulação de um banco de dados que mimetizasse as estruturas do banco de dados fenotípicos e arquivo de genealogia originais (reais) da raça Nelore. A simulação do banco de dados foi repetida 100 vezes e a cada repetição foi gerada uma instância do banco de dados simulado. Para cada instância (repetição) do banco de dados simulado, foi feita a avaliação genética dos animais. O banco de dados possuía 2.974.551 registros de pesos para 966.931 animais. O pedigree continha informações de 1.765.305 animais.

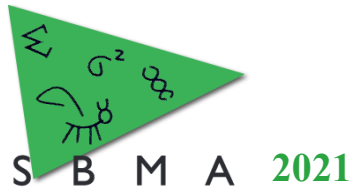
Na análise por RA foi utilizado um modelo com *splines* lineares com nós localizados nas idades 0, 205, 450 e 630 dias. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais heterogênea com 16 classes, sendo um componente de variância residual para cada classe de idade: 0-29, 30-59, ..., 300-359, 360-419, ..., 600-630. Maiores detalhes sobre este modelo podem ser obtidos em Pereira et al. (2015). Na análise MT, os pesos em cada uma das idades padrão (nascimento, desmama - 205 dias, ano - 365 dias, e sobreano - 550 dias) foram considerados como 4 características diferentes analisadas simultaneamente.

As comparações entre os métodos foram feitas através de: acurácia dos valores genéticos preditos (correlação entre os valores genéticos simulados e preditos); consumo de memória computacional; e tempo de processamento da avaliação genética. As avaliações genéticas foram realizadas e a resolução das equações de modelos mistos foi feita por meio do método de iteração nos dados, com o uso do software BLUPF90 (Misztal et al., 2002).

Resultados e Discussão

Ao serem avaliados os ganhos em acurácia dos valores genéticos preditos (VGP) utilizando RA em detrimento da análise MT, observaram-se VGP consistentemente mais acurados para RA em todas as idades-padrão escolhidas (Tabela 1). Tais ganhos são decorrentes de, possivelmente, a RA utilizar uma maior quantidade de registros de peso (ao utilizar MT, aproximadamente 55% dos registros de peso são descartados, sendo 31,1%, 5,85%, 8,8%, 7,5% para o peso ao nascimento, 210 dias, 365 dias e 550 dias, respectivamente). De acordo com Meyer (2004), com a inclusão de toda informação disponível na análise, o aumento de número de observações na avaliação utilizando RA provoca continuamente um aumento nos valores de acurácias. A maior razão de descarte de fenótipo é atribuída a mensuração realizada fora de um intervalo adequado de idades. Adicionalmente, de acordo com Meyer (2004), tais ganhos podem ser atribuídos à melhor modelagem de variâncias e parâmetros genéticos pela RA. Para o peso ao nascimento, o incremento médio na acurácia foi bem elevado (92%), o que poderia sugerir que a RA seria ainda mais efetiva/robusta para a avaliação genética em que há grande quantidade de dados perdidos/ausentes para determinada idade. Este resultado possivelmente poderia ser explicado pela imposição de determinada estrutura para a curva de valores genéticos em função da idade pela RA, o que não ocorre em MT. Para o VGP para o efeito genético-aditivo materno do peso aos 205 dias de idade, o ganho médio em acurácia foi ao redor de 14%, resultado importante visto que os VGP para efeitos maternos têm, em geral, menores acurácias, como um reflexo da herdabilidade mais baixa e também do pequeno número de vacas com grande quantidade de filhos com peso conhecido.

No quesito consumo de memória computacional (memória RAM), o uso da metodologia RA aumentou o uso de memória em 57%, em média. Tal incremento se deve ao maior número de parâmetros (RA: 40 x MT: 30) e ao maior volume de registros de peso utilizado. No entanto, é importante ressaltar que o consumo de memória RAM na RA, para essa população, foi de apenas 1,2 gigabyte, permitindo que qualquer computador pessoal pudesse realizar tal avaliação genética. Ao observar o tempo médio gasto por iteração no processo de avaliação genética, o incremento foi de 103%. No entanto, MT gastou em média



1.018 iterações para a convergência, enquanto RA gastou, em média, 443 iterações. Assim, o tempo total gasto por avaliação genética ainda foi superior para MT, com um incremento de 13%. Apesar do maior uso de memória, o tempo gasto na avaliação genética foi menor com a RA. Tal fato colabora para a implementação destes modelos na rotina de avaliação genética.

Tabela 1. Acurácia dos valores genéticos para peso em diferentes idades, preditos utilizando-se o modelo de Regressão Aleatória (RA) ou análise multivariada (MT), e ganhos em acurácia ao utilizar RA em substituição a MT.

Idade	Acurácia				Ganho (em %)			
	Média	D.P.	Mín.	Máx.	Média	D.P.	Mín.	Máx.
<i>Nascimento</i>								
RA	0,490	0,029	0,400	0,596	92,0	28,7	43,8	182,5
MT	0,262	0,049	0,142	0,396				
<i>205 dias</i>								
RA	0,542	0,024	0,500	0,653	2,4	0,9	0,3	4,9
MT	0,530	0,023	0,492	0,635				
<i>365 dias</i>								
RA	0,561	0,021	0,524	0,639	2,4	0,9	0,3	4,4
MT	0,548	0,020	0,513	0,619				
<i>550 dias</i>								
RA	0,559	0,020	0,523	0,619	2,5	0,8	0,6	4,2
MT	0,546	0,019	0,512	0,599				
<i>205 dias (efeito materno)</i>								
RA	0,513	0,027	0,464	0,594	13,7	3,2	7,9	23,0
MT	0,452	0,031	0,390	0,548				

Tradicionalmente, os produtores estão adaptados a trabalharem com as idades-padrão de peso. Esse padrão pode ser mantido mesmo usando modelos de regressão aleatória e estimando os valores genéticos para os pontos comumente usados. Fica ainda facilitada a mudança de determinada idade padrão de interesse, sem que os fenótipos para peso na idade padrão anterior sejam perdidos. Com a evolução tecnológica, tanto em memória como em capacidade de processamento dos computadores, fica mais acessível o uso de modelos de RA em avaliações genéticas de rotina em grandes populações.

Conclusão

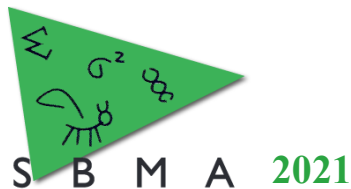
A implementação da regressão aleatória nas avaliações genéticas de rotina para os diferentes pesos, nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte do Brasil, proporcionaria a predição de valores genéticos mais acurados e não acarretaria maior custo, pois não haveria a necessidade de substituição de recursos computacionais. Assim, recomenda-se o uso desta metodologia para a avaliação genética de pesos e ganhos em peso de bovinos zebuínos de corte no Brasil.

Agradecimentos

Os autores agradecem o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo auxílio financeiro disponibilizado, processo 471409/2013-8.

Literatura citada

- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2002, Montpellier. **Proceedings...**, 2002.
- PEREIRA, R. J.; SANTANA JÚNIOR, Mário Luiz; AYRES, D. R.; BIGNARDI, A. B.; MENEZES, G. R. O.; JOSAHKIAN, L. A. Modelos de regressão aleatória utilizando *splines* lineares para o ajuste de pesos de bovinos Nelore. In: XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2015, Santa Maria - RS. **Anais...**, 2015.



Perfil de proteínas diferencialmente expressas em bovinos com fenótipos divergentes para marmoreio

Bruna Maria Salatta^{1*}, Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹, Gabriela Bonfá Frezarim¹, Natália Andrea Marín Garzón¹, Marta Serna Garcia¹, Fernando Sebastián Baldi Rey^{1,2}, Luis Artur Loyola Chardulo³, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,2}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

³Departamento de Nutrição e Melhoramento Animal, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Botucatu, SP, Brasil

*Autor correspondente: bruna_salatta@hotmail.com

Resumo: O escore de marmoreio, por ser uma característica avaliada tardiamente, não costuma ser usada como critério de seleção, apesar de ser um fator importante para melhorar a qualidade da carne das próximas gerações. Neste contexto, investigamos proteínas associadas ao escore de marmoreio no músculo *Longissimus dorsi*, em bovinos Nelore, afim de buscar potenciais biomarcadores, que poderão ser utilizados para melhorar a qualidade da carne. As análises proteômicas foram realizadas por meio LC-MS/MS. Para isso, foram selecionados, em um rebanho comercial, 24 animais divergentes para marmoreio. Os resultados obtidos revelaram 81 proteínas diferencialmente expressas. As proteínas *FASN*, *FHL1*, *ACCA2* e *DOCK7* revelaram exercer papel importante no processo de deposição de gordura intramuscular podendo ser possíveis biomarcadores moleculares para o melhoramento dessa característica.

Palavras-chave: Gordura Intramuscular, LC-MS/MS, Nelore.

Differentially Expressed Protein Profile in bovine with divergent marbling phenotypes

Abstract: Marbling score is a trait evaluated late in animal life and it is not usually a selection criterion in beef cattle, despite being an important factor to improve next generations meat quality. In this context, we investigated proteins associated with marbling score in the *Longissimus dorsi* muscle, for Nelore cattle, in order to search for potential biomarkers that could be used to improve meat quality. Proteomic analyzes were performed using LC-MS/MS. For this, 24 animals with divergent marbling score were selected from a commercial herd. The results obtained showed 81 differentially expressed proteins. *FASN*, *FHL1*, *ACCA2* e *DOCK7* revealed to play an important role in the process of intramuscular fat deposition and may be possible biomarkers for the improvement of this trait.

Keywords: Intramuscular Fat, LC-MS/MS, Nelore

Introdução

Na maioria dos sistemas de classificação de qualidade, animais com alto marmoreio recebem um grau de qualidade maior que aqueles com baixo marmoreio. Alguns nichos de mercado têm preferência por carcaças que apresentem alto índice de marmorização, uma vez que essa característica está associada à suculência e sabor. Além disso, a gordura de marmoreio é enriquecida de ácido oleico, o que afeta não apenas a palatabilidade da carne, mas também tem um aspecto positivo para a saúde.

O produto final do processo traducional é responsável pela expressão dos fenótipos, sendo assim, o uso de informações proteômicas podem favorecer o entendimento dos processos metabólicos envolvidos com a expressão dessa característica, e consequentemente, ajudar no melhoramento genético dos rebanhos Nelore, auxiliando na identificação de possíveis biomarcadores.

A proteômica é uma área de pesquisa que envolve a análise global de proteínas celulares usando várias tecnologias, como espectrometria de massa e bioinformática. Neste contexto, o objetivo do presente estudo é identificar proteínas e vias biológicas associadas ao marmoreio no músculo *Longissimus dorsi* em bovinos Nelore por meio da técnica LC-MS/MS.



Material e Métodos

Foram abatidos 189 animais provenientes da fazenda São Marcelo, localizada no município de Tangará da Serra, MS. Os bovinos da raça Nelore eram pertencentes ao programa de Melhoramento Genético animal *Cia de Melhoramento*. Após o abate foram coletadas amostras do tecido muscular para análise por LC-MS/MS e para as análises de marmoreio, de acordo com o método *Quality and Yield Grade* (2000) do USDA. Após as análises da carne, foram selecionadas 24 amostras de tecido muscular de bovinos Nelores divergentes para marmoreio ($p < 0,05$) e para análise proteômica.

Resumidamente, para análise por LC-MS/MS, a extração das proteínas foi realizada pela adição de tampão contendo uréia 8M, Tris-HCl 0,15M pH 8,8, detergente O.G. 0,5% e coquetel de inibidores de proteases 5%. Para a quantificação de proteínas foi utilizado o método de Bradford com o reagente Protein Assay Dye Reagent Concentrate. Após a extração das proteínas, as amostras foram submetidas à redução das pontes de dissulfeto das proteínas pela adição de ditioneitol na proporção 1mg/mg proteína e incubação por 2 horas em temperatura ambiente seguida da alquilação pela adição de iodoacetamida na proporção 3 mg/mg proteína e incubação por 1 hora em temperatura ambiente, no escuro. As amostras foram então incubadas com 1 µg de tripsina à 37°C durante a noite. Previamente à aplicação das amostras no espectrômetro de massas foi realizado o “clean-up”/ desalting”. A coluna foi equilibrada com solução acetonitrila 5% contendo ácido fórmico 0,1% e a eluição do material de interesse foi realizada com acetonitrila 80%. As amostras foram em seguida secas em *speed vac* e aplicadas em espectrômetro de massas OrbiTrap Fusion (ThermoScientific). Esta tecnologia combina analisadores de massa de quadrupolo, OrbiTrap e íon trap em um único instrumento, oferecendo o máximo em flexibilidade e utilidade na aquisição de dados. Cerca de 1 µg de cada amostra foram injetados para análise. Os dados adquiridos foram automaticamente processados pelo “Computational Proteomics Analysis System – CPAS” (Rauch et al, 2006).

Os peptídeos identificados que atingiram o critério mínimo de qualidade foram então agrupados em proteínas, utilizando-se o algoritmo “Protein Prophet” e foi gerada uma lista de identificações com taxa de erro inferior a 2,0%. Como referência, foi utilizado o banco de dados BOVINE PROTEOME UNIPROT. As estatísticas utilizadas para inferir expressão diferencial entre grupos, foram realizadas com o pacote de análise de expressão diferencial *msmsTests*, implementado em R e disponível no Bioconductor, por meio do modelo de distribuição binomial negativo derivado do edgeR. A correção de teste múltiplo via estimativa da taxa de falsa descoberta (false discovery rate - FDR) foi usada considerando $FDR < 0,05$. Para a análise de enriquecimento funcional utilizou-se o *plug-in Clue-GO* implementado no *software* Cytoscape versão 3.2 com kappa score $> 0,4$.

Resultados e Discussão

Com a análise proteômica diferencial realizada entre os grupos alto e baixo marmoreio foram identificadas 81 proteínas diferencialmente expressas, sendo 49 induzidas e 32 reprimidas em relação ao grupo de alto marmoreio. As principais vias e proteínas envolvidas no processo de marmorização da carne podem ser observadas na Figura 1. As proteínas envolvidas na atividade da síntese de ácidos graxos (*FASN*, *ACAA2*), na formação de axônios e polarização neuronal (*DOCK7*), no desenvolvimento muscular (*MYL2*) e na regulação do metabolismo (*FHL1*) foram reguladas positivamente para marmoreio.

O marmoreio é uma característica poligênica complexa, regulada por diversos mecanismos envolvidos direta ou indiretamente na adipogênese e no metabolismo de gordura. As enzimas *FASN* e *ACAA2* têm sido relatadas como importantes no aumento da deposição de gordura, sendo *FASN* considerado um marcador potencial para aumentar a deposição de gordura intramuscular devido ao seu papel na adipogênese em mamíferos (Hillgartner et al., 1995).

A proteína *DOCK7*, desempenha um papel importante na formação de axônios, polarização neuronal e pigmentação. Pouco se sabe sobre essa proteína e como ela atua nas características de qualidade da carne, no entanto estudo de associação relatou o *DOCK7* como um gene candidato à espessura de toucinho e peso corporal em suínos (Yang et al., 2019).

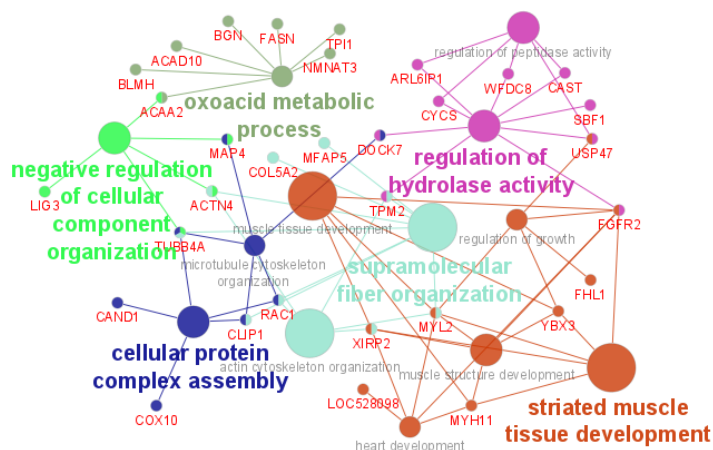


Figura 1. Processos biológicos identificados para proteínas diferencialmente expressas para a característica de marmoreio da carne.

A proteína *FHL1* é conhecida como uma proteína multifuncional que pode regular o metabolismo, proliferação celular, transcrição gênica e apoptose. Além disso, pode interagir com enzimas metabólicas em resposta ao estresse oxidativo no músculo e também à hipóxia. A *FHL1* tem sido recentemente relatada como um biomarcador para marmoreio no músculo *Longissimus dorsi* em bovinos, que através de vias de sinalização promove o comprometimento e a diferenciação de linhas de células mesenquimais multipotentes na linhagem adipogênica (Bonnet et al., 2020).

As proteínas (*XIRP2*, *RAC1*, *MYH4*, *TUBB4A*) relacionadas ao termo GO “Organização da fibra supramolecular e desenvolvimento de tecido muscular estriado” foram reprimidas em relação ao grupo de alto marmoreio. A ação destas proteínas, relacionadas ao desenvolvimento muscular, provavelmente pode estar ocasionando a um aumento na proporção de carne na carcaça e consequentemente, redução da deposição de tecido adiposo.

Conclusão

As proteínas diferencialmente expressas *FASN*, *ACAA2*, *DOCK7* e *FHL1* parecem desempenhar papel importante na deposição de marmoreio, podendo atuar como potenciais biorreguladores e auxiliar em novas estratégias de seleção nos programas de melhoramento genético de bovinos Nelore.

Agradecimentos

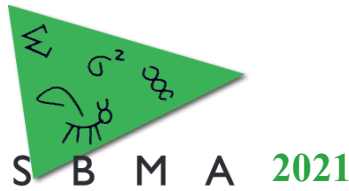
O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) #2016/239376; #2017/10630-2 e #2018/20026-8.

Literatura citada

Bonnet, M.; Soulat, J.; Bons, J.; Léger, S.; De Koning, L.; Carapito, C.; Picard, B. 2020 Quantification of biomarkers for beef meat qualities using a combination of Parallel Reaction Monitoring- and antibody-based proteomics. **Food Chemistry**, 317, 126376.

YANG, P., Wang, K., Chen, D., Zhou, J., Ma, J., Li, M., Xiao, W., Jiang, A., Jiang, A., Bai, L., Zhu, L., Li, W., Tang, G. 2019. SNPs associated with body weight and backfat thickness in two pig breeds identified by a genome-wide association study. **Genomics**, 111(6), 1583-1589.

Hillgartner, F. B.; Salati, L. M.; Goodridge, A. G. 1995. Physiological and molecular mechanisms involved in nutritional regulation of fatty acid synthesis. **Physiological Reviews**, 75, 47–76.



Avaliação do estresse térmico por termografia infravermelha em bovinos Caracu

Natalya Gardezani Abduch¹; Bianca Vilela Pires²; Rogério Ribeiro Vicentini³; Luana Lelis Souza⁴;
Claudia Cristina Paro de Paz¹; Nedenia Bonvino Stafuzza¹

¹Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, SP, Brasil.

²Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil.

³Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil.

⁴Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: natalyaveterinaria@gmail.com

Resumo: A termografia infravermelha (TIV) vem sendo utilizada na avaliação de características de produção, reprodução e adaptabilidade de bovinos. O objetivo deste trabalho foi identificar a temperatura interna de bovinos Caracu por TIV, a partir de quatro regiões (lado esquerdo, focinho, lombo e olho esquerdo), mensuradas em dois períodos: ausência de sol (manhã) e após 8 horas de exposição ao sol (tarde). Foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson para as características analisadas e foi realizada análise de variância. Todas as regiões mensuradas apresentaram correlações positivas, altas e significativas com a TR ($P < 0,0001$). O globo ocular e o lado esquerdo inferior (LEI) apresentaram a menor e a maior correlação com a TR, respectivamente. A análise de variância revelou interação entre sexo e período para LEI ($P < 0,0001$), onde a maior e menor média foram identificadas nas fêmeas no período da tarde ($39,59^{\circ}\text{C}$) e manhã ($33,73^{\circ}\text{C}$), respectivamente. Estudos mostram que animais com peso inferior apresentam maior superfície corporal por unidade de peso, o que pode explicar as maiores médias de LEI observadas nas fêmeas no período da tarde em relação aos machos no mesmo período. Além disso, vários fatores podem influenciar a TIV como condições ambientais e diferenças na metodologia utilizada. Em conclusão, a região LEI é a mais indicada para detectar a temperatura interna dos animais Caracu por TIV, minimizando o estresse do manejo e contribuindo para o bem-estar animal.

Palavras-chave: adaptabilidade, *Bos taurus taurus*, temperatura retal, termotolerância.

Evaluation of thermal stress using infrared thermography in Caracu beef cattle

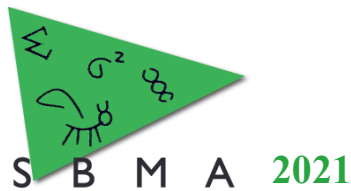
Abstract: Infrared thermography (IT) has been used to evaluate production, reproduction and adaptability traits of cattle. The aim of this study was to identify the internal temperature of Caracu cattle by IT, from four regions (left side, muzzle, loin and left eye), measured in two periods: absence of sun (morning) and after 8 hours of sun exposure (afternoon). Pearson's correlation coefficients were estimated and analysis of variance was performed. All measured regions showed positive, high and significant correlations with RT ($P < 0,0001$). The eye globe and lower left side (LLS) had the lowest and highest correlation with RT, respectively. The analysis of variance showed interaction between sex and period for LLS ($P < 0,0001$), where the highest and lowest mean were identified in females in the afternoon ($39,59^{\circ}\text{C}$) and morning ($33,73^{\circ}\text{C}$), respectively. Studies described that animal with lower weight have greater body surface per unit of weight, which may explain the higher LLS averages observed in females in the afternoon compared to males in the same period. Furthermore, several factors can influence IT such as environmental conditions and differences in the methodology used. In conclusion, the LLS region is the most suitable for detecting the internal temperature of Caracu animals by IT, minimizing the stress of handling and contributing to animal welfare.

Keywords: adaptability, *Bos taurus taurus*, rectal temperature, thermotolerance.

Introdução

O Caracu (*Bos taurus taurus*) é uma raça crioula formada por cruzamentos não controlados entre bovinos europeus, que passou por mais de 500 anos de intenso processo de seleção natural, levando ao desenvolvimento de características de adaptação ao clima brasileiro (McManus et al., 2010).

O estresse térmico resulta do desequilíbrio na homeostase e pode prejudicar o desempenho dos animais, principalmente em bovinos de corte, devido à natureza extensiva dos sistemas de produção utilizado nos países com clima tropical. Devido à dificuldade em aumentar a produtividade animal e



promover o bem-estar em um clima tropical, a utilização de raças crioulas, tanto em cruzamentos quanto em rebanhos puros, é importante pois o material genético dessas raças pode se tornar mais produtivo em seus próprios ambientes do que raças exóticas.

Diversas ferramentas têm surgido como alternativas para avaliar o impacto de fatores ambientais no estresse calórico em animais, como a termografia infravermelha. Essa ferramenta permite identificar a radiação termal emitida pela superfície de um animal, convertendo em imagens com escala de cores que retrata as temperaturas irradiadas. Por se tratar de uma técnica não invasiva que não necessita de contato físico direto com o animal, ela contribui para o bem-estar pois permite identificar o estresse térmico evitando o estresse do manejo (McManus et al., 2016). Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi avaliar qual é a melhor região do corpo do animal para a detecção de estresse térmico em bovinos Caracu por meio da termografia infravermelha.

Material e Métodos

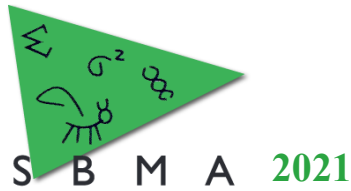
Foram utilizados 48 machos e 43 fêmeas Caracu, com 17 meses de idade. A coleta de fenótipos foi realizada no período da manhã (entre as 4:00 e 6:00) e à tarde (entre 13:00 e 15:00). A temperatura retal (TR) foi obtida por termômetro clínico veterinário. A câmera termográfica FLIR TB420X foi utilizada para obtenção das medidas de temperatura da superfície corporal, a partir de quatro regiões escolhidas para representar uma visão completa do corpo do animal: lado esquerdo do corpo, focinho, lombo e olho esquerdo. As temperaturas máximas de cada região foram obtidas com o software Research IR 4 (FLIR Systems), onde foram traçados os seguintes campos de medição (subregiões): 1) lado esquerdo: superior (LES) e inferior (LEI); 2) focinho: espelho nasal (EN) e superior (FS); 3) lombo: esquerdo (LE), superior (LS) e direito (LD); 4) olho esquerdo: globo ocular (GO) e carúncula lacrimal (CL). Foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson (PROC CORR do SAS®) para avaliar a relação entre os campos traçados por termografia infravermelha e a TR ($P < 0,05$). Foi realizada análise de variância (PROC MIXED do SAS®) da TR e da subregião que apresentou maior correlação com a TR, cujo modelo incluiu os efeitos fixos do período (manhã e tarde) e sexo, bem como a interação entre os efeitos ($P < 0,05$).

Resultados e Discussão

Todas as nove subregiões avaliadas por termografia infravermelha exibiram correlações positivas, altas e significativas com a TR e, portanto, podem ser utilizadas para identificar os animais sob estresse térmico. A subregião GE apresentou a menor correlação com a TR tanto em machos (0,740) quanto em fêmeas (0,719), porém os valores de correlação encontrados são muito superiores aos descritos na literatura em diversas raças de bovinos.

A subregião LEI apresentou a maior correlação com a TR em ambos os sexos (0,911 para machos e 0,898 para fêmeas) e períodos avaliados, o que pode ser atribuído à influência da atividade ruminal. Além do rumem ocupar uma grande área do lado esquerdo da cavidade abdominal de bovinos, o calor é um dos produtos da fermentação ruminal e a temperatura dessa região está intimamente relacionada à temperatura corporal interna (Idris et al., 2021). Além disso, a radiação infravermelha total capturada por meio de imagens termográficas infravermelhas representa a soma da radiação emitida, transmitida e refletida (Maloney e Dawson, 1995), o que pode explicar a maior correlação observada entre LEI e TR em relação a outras regiões localizadas na parte superior do corpo do animal como LES, LE, LS e LD, onde ocorre maior incidência de radiação solar e, portanto, a temperatura é maior que a TR, o que resulta em menores correlações com a mesma.

A análise de variância permitiu identificar interação entre sexo e período para LEI ($P < 0,0001$), onde a maior média estimada foi identificada nas fêmeas no período da tarde ($39,59^{\circ}\text{C}$) e a menor no período da manhã ($33,73^{\circ}\text{C}$) também nas fêmeas. As diferenças observadas entre os sexos podem ser decorrentes de particularidades fisiológicas e anatômicas. Além disso, estudos mostram que há correlação negativa entre a área da superfície corporal e o peso de um indivíduo, ou seja, animais com peso inferior apresentam maior superfície corporal por unidade de peso em comparação aos animais com peso superior (McMahon, 1975). As fêmeas Caracu utilizadas no presente estudo apresentaram média de peso corporal ($335 \pm 35,15$ kg) muito inferior em relação aos machos ($421 \pm 45,07$ kg), o que pode explicar as maiores médias de LEI observadas nas fêmeas no período da tarde em comparação aos machos no mesmo período, uma vez que as fêmeas apresentam maior superfície corporal por unidade de peso. Deste modo, as fêmeas podem apresentar



maior dissipação de calor e, conseqüentemente, maiores temperaturas captadas pela termografia, resultando em maiores correlações.

Embora a termografia infravermelha tenha sido utilizado em diversos estudos abrangendo várias raças, muitos fatores podem influenciar as leituras térmicas deste dispositivo como características fisiológicas e anatômicas de cada raça, condições ambientais e distância do equipamento ao objeto a ser avaliado (McManus et al., 2016).

Conclusão

A termografia infravermelha se mostrou uma ferramenta eficaz para detectar a temperatura interna dos animais, sendo que a subregião do lado esquerdo inferior do corpo do animal é a mais precisa para detectar a temperatura interna de animais Caracu de acordo com a metodologia proposta neste estudo e seu uso poderá reduzir o estresse causado pelo manejo e contribuir para o bem-estar animal.

Agradecimentos

À FAPESP pelo auxílio JP (#2018/19216-7) e bolsas (#2019/10438-0, #2019/17251-2, #2020/03699-9).

Literatura citada

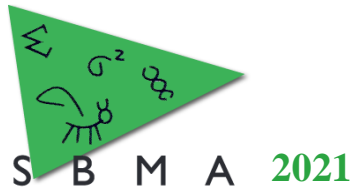
Idris, M., Uddin, J. Sullivan, M., McNeill, D. M., Phillips, C. J. C., 2021. Non-invasive physiological indicators of heat stress in cattle. **Animals**, 11, 71.

Maloney, S. K., Dawson, T. J., 1995. The heat load from solar radiation on a large, diurnally active bird, the emu (*Dromaius novaehollandiae*). **Journal of Thermal Biology**, 20, 381–387.

McMahon, T. A., 1975. Using body size to understand the structural design of animals: quadrupedal locomotion. **Journal of Applied Physiology**, 39, 619-627.

McManus, C., Ribeiro, R., Seixas, L., Melo, C., 2010. **A Raça Caracu**. Disponível em: http://inctpecuaria.com.br/images/informacoes-tecnicas/serie_tecnica_raca_caracu.pdf. Acesso em: 10 de Agosto de 2021.

McManus, C., Tanure, C. B., Peripolli, V., Seixas, L., Fischer, V., Gabbi, A. M., Menegassi, S. R. O., Stumpf, M. T., Kolling, G. J., Dias, E., Costa, J. B. G., 2016. Infrared thermography in animal production: An overview. **Computers and Electronics in Agriculture**, 123, 10–16.



Identificação de assinaturas de seleção no cromossomo X da raça Nelore

Miller de Jesus Teodoro^{1*}, Amanda Marchi Maiorano¹, Wellington Bizarria dos Santos¹, José Eduardo da Silva Lopes¹, Lucia Galvão de Albuquerque¹, Henrique Nunes de Oliveira¹

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: miller.teodoro@unesp.br

Resumo: O objetivo deste estudo foi usar dados de sequência do genoma completo e uma estatística baseada na diferenciação das frequências alélicas para detectar assinaturas de seleção (Sigs) no cromossomo X de touros Nelore pertencentes a duas subpopulações diferentes. Foram usados dados de sequenciamento de 150 touros da raça Nelore. O estimador de frequências alélicas de Weir e Cockerham (wcFst) foi usado nas análises, e a função “segmentFst” do software GPAT++ foi usada para identificar regiões de Sigs. O pacote biomaRt do R foi utilizado para identificar genes candidatos nas Sigs. Valores de wcFst foram calculados para 1.332 SNPs. Os resultados indicaram 63 Sigs ao todo. Seis genes candidatos foram identificados dentro das regiões de Sigs do cromossomo X (*SEPT6*, *LOC613515*, *ARMCX4*, *COL4A6*, *DIPK2B* e *ENSBTAG00000050068*). O gene *COL4A6* foi documentado na literatura por desempenhar função importante na formação de gordura intramuscular em bovinos, podendo ser um resultado importante na raça Nelore. O gene *SEPT6* está relacionado com crescimento celular em mamíferos. As Sigs e os genes candidatos aqui identificados devem contribuir para nosso conhecimento a respeito dos processos biológicos envolvidos nas características selecionadas na raça Nelore.

Palavras-chave: alossomo, gado de corte, genes, melhoramento animal

Identification of selection signatures in the X chromosome in Nelore breed

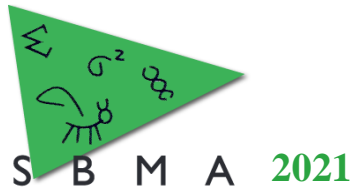
Abstract: The aim of this study was to use whole-genome sequencing data and a statistic based on allelic frequency differentiation to detect selection signatures (Sigs) on the X chromosome of Nelore bulls belonging to two different subpopulations. Sequencing data from 150 Nelore bulls were used. The Weir and Cockerham’s allelic frequency estimator (wcFst) was used in the analyses, and the “segmentFst” function of the GPAT++ software was used to identify regions of Sigs. The biomaRt R package was used to identify candidate genes in Sigs. Values of wcFst were computed for 1,332 SNPs. The results indicated 63 Sigs. Six candidate genes were identified within the Sigs regions on the X chromosome (*SEPT6*, *LOC613515*, *ARMCX4*, *COL4A6*, *DIPK2B* and *ENSBTAG00000050068*). The *COL4A6* gene was documented in the literature to play an important role in the formation of intramuscular fat in cattle, and it may be an important result in the Nelore breed. The *SEPT6* gene is related to cell growth in mammals. The Sigs and candidate genes identified here should contribute to our knowledge on the biological processes involved with traits that were selected in Nelore breed.

Keywords: allosome, animal breeding, beef cattle, genes

Introdução

A raça Nelore possui boa rusticidade e adaptabilidade ao clima tropical, sendo uma raça amplamente utilizada na pecuária de corte brasileira. Além disso, os programas de melhoramento genético priorizaram a seleção de animais Nelore mais produtivos e eficientes ao longo dos anos, influenciando na mudança das frequências alélicas de regiões específicas do genoma, as quais podem ser identificadas na busca por assinaturas de seleção (Sigs). A detecção de Sigs pode melhorar a compreensão da evolução e da biologia subjacente de fenótipos complexos selecionados nesta raça e pode fornecer informações importantes para melhorar a eficiência da seleção (Stella et al., 2010).

O cromossomo X (ChrX) é o segundo maior cromossomo no genoma bovino, com 1.128 genes anotados, e seus marcadores podem contribuir para a acurácia das predições genômicas (Su et al., 2014). A identificação de Sigs no ChrX permite o entendimento de como os processos evolutivos e a seleção contribuíram para os fenótipos desejados. Desta forma, o objetivo deste estudo foi usar dados de sequência do genoma completo e uma estatística baseada na diferença das frequências alélicas para



detectar assinaturas de seleção no cromossomo X de touros Nelore pertencentes a duas subpopulações diferentes.

Material e Métodos

Neste experimento, 150 touros da raça Nelore foram sequenciados. Alguns touros pertenciam a categoria puro de origem (PO), os quais devem seguir padrões raciais estabelecidos pela associação e ter genealogia completa até 3 gerações ancestrais para serem reconhecidos como PO, enquanto os outros eram touros que receberam o Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP), ou seja, animais que foram selecionados e avaliados para características de importância econômica e foram classificados como até 30% dos melhores animais dentro dos seus grupos contemporâneos.

Análise de agrupamento hierárquico foi realizada para manter animais menos aparentados, em que 16 animais PO e 40 animais CEIP foram escolhidos. Informações de 1.168.421 nucleotídeos de polimorfismos únicos (SNPs) estavam disponíveis no ChrX. Os SNPs localizados na região pseudoautossômica, que compreende a posição 133.300.518-139.009.144 pares de base (pb) (Johnson et al., 2019), foram removidos. O parâmetro usado no controle de qualidade dos dados de sequência foi a frequência do alelo menor (MAF) inferior a 1%, resultando em 793.074 SNPs remanescentes para análise.

O estimador de índice de fixação de Weir e Cockerham ($wcFst$) foi usado para calcular as diferenças nas frequências alélicas entre as duas subpopulações, e a função “segmentFst” do software GPAT++ foi usada para agrupar SNPs em regiões de Sigs. Os valores de $wcFst$ foram calculados apenas para SNPs onde a diferença nas frequências alélicas entre as duas subpopulações era superior a 0,1. O limiar (-s) foi definido com base no percentil 99,50 dos valores de $wcFst$, sendo igual a 0,41. As regiões de Sigs que apresentaram maiores médias de $wcFst$ foram detectadas e descritas (Tabela 1). A versão do genoma bovino ARS-UCD1.2 juntamente com o pacote biomaRt do R foram usados na anotação de genes nas regiões de Sigs. No caso de não sobreposição com genes, as regiões foram ampliadas em 100kpb para cada lado (janela_100), com intuito de identificar regiões próximas de genes.

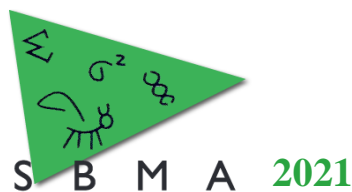
Resultados e Discussão

Valores de $wcFst$ foram calculados para 1.332 SNPs do ChrX. Os resultados indicaram 63 regiões de Sigs, identificadas pela função “segmentFst”. Regiões que apresentaram maior média de $wcFst$ considerando SNPs com valores acima do limiar ($>0,41$) foram apresentadas na Tabela 1. Apesar de serem regiões que contêm SNPs com valores altos de $wcFst$, algumas destas regiões sobrepueram regiões intergênicas do genoma, e outras foram identificadas próximas de genes quando as janelas foram amplificadas em ± 100 kpb. Além disso, 14 regiões resultaram na detecção de 6 genes (*SEPT6*, *LOC613515*, *ARMCX4*, *COL4A6*, *DIPK2B*, *ENSBTAG00000050068*), sem necessidade de amplificação das janelas. É provável que estas regiões próximas a genes (Tabela 1) exerçam funções regulatórias.

Uma assinatura de seleção com posição 50.682.780–50.726.721 pb sobrepôs três genes localizados muito próximos, *LOC613515*, *ARMCX4* e *ENSBTAG00000050068*, sendo os dois primeiros codificadores de proteínas, enquanto o *ENSBTAG00000050068* é classificado como um gene codificador de RNA de cadeia longa, não-codificante de proteína. Outras cinco Sigs (3.970.165-3.977.615, 3.979.345–3.984.136, 3.892.009–3.986.805, 3.990.742–4.001.241 e 3.991.424–4.012.268 pb) coincidiram com o gene *SEPT6*, o qual está envolvido com citocinese e formação de proteínas Septin6. De acordo com Fan et al. (2019), proteínas da família Septin são cruciais em mamíferos em diversos processos, como a citocinese, organização do citoesqueleto, controle do ciclo celular, apoptoses e migração, sendo expressa em todos os tecidos, especialmente em tecidos linfoides e neuronais.

Dois Sigs com posições 56.859.094–56.865.121 pb e 56.864.165–56.867.357 pb foram compatíveis com o gene *COL4A6*. Este gene foi relacionado com mecanismos de formação de gordura em um estudo de expressão gênica em bovinos (Ueda et al., 2021). Este gene é altamente expresso na formação de gordura intramuscular (Ueda et al., 2021). As Sigs encontradas podem estar relacionadas com qualidade da carne em Nelore uma vez que qualidade de carne é alvo de seleção na subpopulação CEIP.

O gene *LOC613515* também foi encontrado em sobreposição com outras duas Sigs (50.682.885–50.695.905 pb e 50.686.977–50.703.849 pb). Por fim, outro gene candidato foi identificado, o *DIPK2B*, compatível com duas Sigs (98.567.750–98.572.275 pb e 98.574.681–98.586.015 pb). Mais estudos são



necessários para elucidar a relação das Sigs com os genes candidatos encontrados no ChrX de bovinos Nelore bem como para fornecer mais informações sobre as funções destes genes.

Tabela 1. Assinaturas de seleção com SNPs de maior valor estatístico para *wcFst* em bovinos Nelore.

Início	Fim	<i>wcFst</i> ¹	Nº SNPs ²	Comp ³	Genes próximos (janela_100)
250.947	327.711	0,62	151	76.764	<i>ENSBTAG00000053288</i> , <i>ENSBTAG00000050901</i>
1.584.442	1.648.162	0,46	110	63.720	-
101.609.918	10.1672.541	0,48	61	62.623	<i>CASK</i> , <i>U6</i>
116.988.098	117.005.717	0,47	43	17.619	<i>UI</i>
50.682.780	50.726.721	0,48	25	43.941	<i>ENSBTAG00000050068</i> , <i>ENSBTAG00000050056</i> , <i>ENSBTAG00000038204</i> , <i>RPL36A</i> , <i>GLA</i> , <i>HNRNPH2</i> , <i>ARMCX1</i> , <i>ARMCX2</i> , <i>ARMCX3</i> , <i>ARMCX4</i>
268.951	279.320	0,54	19	10.369	-
52.993.962	53.015.848	0,46	18	21.886	<i>ESX1</i>
3.991.424	4.012.268	0,41	17	20.844	<i>STEEP1</i> , <i>UBE2A</i> , <i>NKRF</i> , <i>SEPT6</i>
53.120.709	53.130.420	0,51	15	9.711	-
101.355.267	101.361.734	0,43	14	6.467	-

¹Média dos valores de *wcFst* dos SNPs significativos, com valores de *wcFst*>0,41, na região de assinatura de seleção; ²número de SNPs significativos na região; ³comprimento da região em pb.

Conclusão

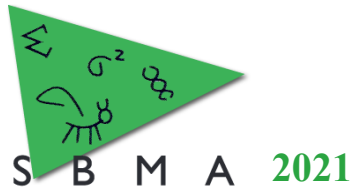
As regiões de assinaturas de seleção e os genes candidatos identificados no cromossomo X devem contribuir para o maior conhecimento a respeito dos processos biológicos que desempenham papel importante nas características complexas selecionadas na raça Nelore. A assinatura de seleção identificada na região do gene *COL4A6* está possivelmente relacionada à deposição de gordura intramuscular, no entanto mais investigações são necessárias para validar este achado.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processos nº2009/16118-5, 2017/10630-2 e 2019/15397-0, e pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), processo nº 88887.512524/2020-00.

Literatura citada

- Fan Y.; Du Z.; Steib C.J.; Ding Q.; Lu P.; Tian D.; Liu M. 2019. Effect of SEPT6 on the biological behavior of hepatic stellate cells and liver fibrosis in rats and its mechanism. **Laboratory Investigation**, 99:17–36.
- Johnson T.; Keehan M.; Harland C.; Lopdell T.; Spelman R.J.; Davis S.R.; Rosen B.D.; Smith T.P.L.; Couldrey C. 2019. Short communication: identification of the pseudoautosomal region in the Hereford bovine reference genome assembly ARS-UCD1.2. **Journal of Dairy Science**, 102(4):3254–8.
- Stella A.; Ajmone-Marsan P.; Lazarri B.; Boettcher P. 2010. Identification of selection signatures in cattle breeds selected for dairy production. **Genetics**, 185, 1451–146.
- Su G.; Guldbransten B.; Aamand G.P.; Strandén I.; Lund M.S. 2014. Genomic relationships based on X chromosome markers and accuracy of genomic predictions with and without X chromosome markers. **Genetics Selection Evolution**, 46:47.
- Ueda S.; Hosoda M.; Yoshino K.; Yamanoue M.; Shirai Y. 2021. Gene expression analysis provides new insights into the mechanism of intramuscular fat formation in Japanese Black cattle. **Genes**, 12, 1107.



Estudo de associação genômica ampla para despigmentação em bovinos da raça Nelore

Giovana Vargas¹, Haroldo H. R. Neves², Natalia Andrea Marín Garzón¹, Gerardo Alves Fernandes Júnior¹, Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}, Roberto Carneiro^{1,3*}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²GenSys Consultores Associados, Porto Alegre, RS, Brasil.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, Brasília – DF, Brasil.

*Autor correspondente: roberto.carvalho@unesp.br

Resumo: O objetivo deste estudo foi identificar regiões genômicas que abrigam genes candidatos associados com a expressão de despigmentação da pele (DP) em bovinos da raça Nelore, por meio de estudo de associação genômica ampla (GWAS) com base em painéis comerciais de marcadores. Além disto, visando futuras análises de associação entre variantes estruturais (SVs) e a característica DP, foi realizada a caracterização das variações estruturais no Nelore a partir de dados de sequenciamento completo do genoma de 81 touros influentes da raça. Foram considerados 340.220 registros fenotípicos oriundos da base de dados Aliança Nelore e 17.558 animais genotipados com painéis de média ou alta densidade. O método *weighted single-step genomic BLUP* foi usado para estimar os efeitos dos marcadores SNP sobre a característica DP. Janelas de 20 SNPs adjacentes foram definidas para identificar as 10 regiões genômicas que contribuem com a maior proporção da variância genética aditiva da característica (top-10). As top-10 regiões genômicas explicaram 9,68% da variância genética aditiva total e abrigaram um total de 50 genes, localizados no BTA1, BTA2, BTA5, BTA6, BTA8, BTA10, BTA13, BTA20 e BTA22. Os principais genes candidatos identificados são o *KIT* e o *MITF*, ambos associados a diferenciação de melanócitos e pigmentação da pele e pelo em bovinos. Foram identificados quatro tipos de SVs a partir dos dados sequenciados, sendo 52.421 deleções, 19.182 duplicações, 10.453 inserções e 28.726 inversões.

Palavras-chave: genes candidatos, genoma sequenciado, variantes genéticas, WssGBLUP.

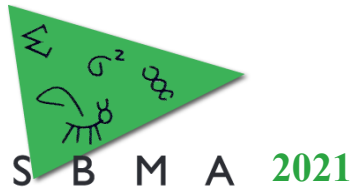
Genome-wide association study for depigmentation in Nelore cattle

Abstract: The aim of this study was to identify genomic regions harboring candidate genes associated with skin depigmentation (DP) in Nelore cattle by performing a genome-wide association study (GWAS) based on commercial marker panels. In addition, aiming at future association analyses between structural variants (SVs) and DP, the characterization of SVs in Nelore was carried by using complete genome sequencing data of 81 Nelore bulls. The dataset considered in analyses comprised 340,220 phenotypic records belonging to the Nelore Alliance database and genotypes of 17,558 animals (medium or high density panels). The *weighted single-step genomic BLUP* method was used to estimate marker effects. Windows of 20 adjacent SNPs were defined to identify the 10 genomic regions that contribute to the largest proportion of the additive genetic variance of the trait (top-10). The top-10 genomic regions explained 9.68% of the total additive genetic variance and harbored a total of 50 genes, located on BTA1, BTA2, BTA5, BTA6, BTA8, BTA10, BTA13, BTA20 and BTA22. The main candidate genes are *KIT* and *MITF*, both associated with melanocyte differentiation and skin and coat pigmentation in cattle. Four types of SVs were identified from the sequencing data, being 52,421 deletions, 19,182 duplications, 10,453 insertions and 28,726 inversions.

Keywords: Candidate genes, genetic variants, whole-genome sequence, WssGBLUP

Introdução

O progresso genético alcançado por diversos programas de melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil pode ser atribuído, em parte, à implementação do CEIP (Certificado Especial de Identificação e Produção), um certificado de superioridade genética emitido para os 20-30% melhores animais avaliados ao desmame e ao sobreano, dentro de cada programa de melhoramento genético. Além



de geneticamente superiores, os animais potencialmente elegíveis para receber o CEIP não devem apresentar defeitos morfológicos e funcionais graves, tais como despigmentação da pele (DP). No gado Nelore, DP em regiões do corpo expostas a radiação solar é uma característica que pode contribuir para o aparecimento de lesões cutâneas e outras patologias que prejudicam o desempenho dos animais e ocasionam perdas econômicas.

Metodologias de associação genômica ampla (GWAS) tem permitido a identificação de regiões genômicas contendo QTLs que afetam características de interesse. Contudo, considerar exclusivamente a informação de marcadores SNP pode não ser suficiente para mapear variantes causais de características complexas. Neste sentido, dados de sequência do genoma podem aumentar a precisão e o poder do GWAS. As variantes estruturais (SV) são a principal fonte de variação do genoma dos organismos complexos, e contribuem com uma maior proporção das diferenças entre indivíduos que os SNPs. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar regiões genômicas que abrigam genes candidatos associados com a expressão de despigmentação em bovinos da raça Nelore e explorar dados de sequenciamento de 81 touros para realizar a caracterização de variantes estruturais.

Material e Métodos

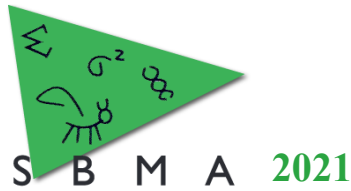
Foram avaliadas informações fenotípicas de 340.220 bovinos da raça Nelore, pertencentes a base de dados Aliança Nelore e coletados em rebanhos que sistematicamente realizam avaliação para características desclassificantes. Foram definidos grupos de contemporâneos (GC) por meio da concatenação das informações de safra e estação de nascimento, sexo do animal, fazenda e grupo de manejo ao desmame e ao sobreano, e data de avaliação da despigmentação. Verificou-se a conectabilidade entre GCs por meio do software AMC (Roso & Schenkel, 2006). Após edição dos dados, foram mantidos na análise registros de 8.995 GCs. A taxa de incidência de despigmentação foi de 4,35%. Arquivo de pedigree com 642.024 animais, e informações genotípicas de 17.614 animais, genotipados com o Illumina BovineHD Genotyping BeadChip (HD; Illumina, Inc., San Diego, CA, USA, ~ 777K SNPs) ou painel de menor densidade (com 28K ou 74K SNPs) estavam disponíveis. Após controle de qualidade dos genótipos, foram mantidos nas análises 505.252 SNPs e 17.558 animais genotipados.

Os efeitos dos SNPs foram estimados usando a metodologia *weighted single-step genomic* BLUP, com base nos valores genéticos preditos dos animais genotipados, conforme proposto por Wang et al. (2012): $\hat{u} = DZ'[ZDZ']^{-1}\hat{a}_g$, onde D é a uma matriz diagonal de ponderadores associados às variâncias estimadas dos efeitos dos SNPs; Z é uma matriz de incidência dos genótipos em cada locus; e \hat{a}_g é o vetor de valores genéticos preditos dos animais genotipados. Foram definidas janelas não sobrepostas de 20 SNPs adjacentes para identificar regiões genômicas que contribuem com uma proporção da variabilidade genética para DP. O banco de dados do NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) foi usado para identificar os genes candidatos presentes nas top-10 janelas principais de SNPs, considerando o mapa do genoma bovino ARS-UCD1.2.

O sequenciamento de 81 touros Nelore foi realizado usando a técnica de extremidades emparelhadas, a qual produz leituras de 150 pares de bases (2x150pb) com uma cobertura média de 15x. O programa SAMtools (Li et al., 2009) foi usado para indexar as sequencias, e o alinhamento ao genoma de referência ARS-UCD1.2 foi realizado usando HiSat (Kim, Langmead, & Salzberg, 2015). A detecção de SVs para 81 amostras foi realizada usando o Software Parliament2 (Zarate et al., 2020). A caracterização das SVs foi realizada com auxílio do pacote tidyverse e ggplot2 do software R.

Resultados e Discussão

As top-10 regiões genômicas (20 SNPs adjacentes) explicaram no total 9,68% da variância genética aditiva de DP. Foram identificados 50 genes candidatos para as top-10 janelas, distribuídos nos cromossomos BTA1, BTA2, BTA5, BTA6, BTA8, BTA10, BTA13, BTA20 e BTA22. Os principais genes candidatos são o *v-kit Hardy-Zuckerman 4 feline sarcoma viral oncogene homolog (KIT)* localizado no BTA 6 e o *melanocyte inducing transcription factor (MITF)* localizado no BTA 22. Ambos os genes foram previamente associados a diferenciação de melanócitos e pigmentação da pele e pelo, sendo o *MITF* também associado a condições como albinismo e melanoma. Mutações no gene *KIT* foram associadas com a formação de manchas na pelagem de diferentes espécies de interesse doméstico. Em bovinos, os genes *KIT* e *MITF* foram previamente associados a pigmentação circum-ocular na raça



Fleckvieh (Pausch et al., 2012). O gene *KIT* também foi descrito na literatura como associado a cor da pelagem em cruzados Nelore x Angus (Hulsman Hanna et al., 2014).

Foram identificados quatro tipos de SVs a partir dos dados sequenciados de 81 touros da raça Nelore, sendo 52.421 deleções, 19.182 duplicações, 10.453 inserções e 28.726 inversões. Neste conjunto de dados não foram detectadas translocações. De modo geral, o número de deleções detectadas para cada cromossomo foi maior do que o número de duplicações, inserções e inversões. O tamanho médio das deleções, duplicações, inversões e inserções foi de 548.816 bp, 2.134.001 bp, 1.881.901 bp e 48 bp, respectivamente. A distribuição em cada cromossomo para os diferentes tipos de variações estruturais é bastante uniforme. Os resultados obtidos a partir da identificação das diferentes variantes serão usados em estudos futuros para investigar a associação das SVs com a característica DP.

Conclusão

Foram identificadas regiões genômicas em diferentes cromossomos com contribuição na variabilidade genética de despigmentação da pele em bovinos da raça Nelore. A identificação destas regiões permitiu a localização de dois principais genes candidatos, o *KIT* e o *MITF*, associados a diferenciação de melanócitos e pigmentação da pele e pelo em diversas espécies.

Quatro tipos de variantes estruturais foram identificados a partir dos dados de sequenciamento. Tais variantes podem contribuir para uma melhor compreensão dos mecanismos genéticos e fisiológicos associados à despigmentação em bovinos da raça Nelore.

Agradecimentos

Agradecemos o apoio financeiro da FAPESP (Processos nº 18/20026-8 e 17/10630-2), da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) (Processo nº 88887.571090/2020-00) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) (Processo nº 422863/2018-1).

Literatura citada

Hulsman H., Sanders L.L., Riley J.O., Abbey D.G. & Gill C.A. 2014. Identification of a major locus interacting with MC1R and modifying black coat color in an F2 Nelore-Angus population. **Genetics, Selection, Evolution**, 46(1).

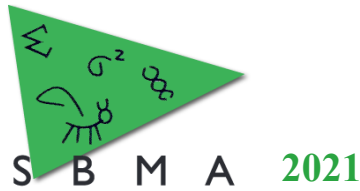
Kim D., Langmead B. & Salzberg S. 2015. HISAT: a fast spliced aligner with low memory requirements. **Nat Methods**, 12, 357–360.

Li H., Handsaker B., Wysoker A., Fennell T., Ruan J., Homer N., Marth G., Abecasis G. & Durbin R.; 1000 Genome Project Data Processing Subgroup. 2009. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. **Bioinformatics**, 25(16), 2078–2079.

Pausch H., Wang X., Jung S., Krogmeier D., Edel C., Emmerling R., Götz K-U. & Fries R. 2012. Identification of QTL for UV-protective eye area pigmentation in cattle by progeny phenotyping and genome-wide association analysis. **PLoS ONE**, 7(5): e36346.

Roso V.M. & Schenkel F.S. 2006. A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. Proceeding of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production; 2006. August 13–18; Belo Horizonte, Brazil.

Zarate S., Carroll A., Mahmoud M., Krasheninina O., Jun G., Salerno W.J., Schatz M.C., Boerwinkle E., Gibbs R.A. & Sedlazeck F.J. 2020. Parliament2: Accurate structural variant calling at scale. **GigaScience**, 9(2), giaa145.



Análise genética para conformação de pernas e pés em bovinos da raça Nelore

Thales de Lima Silva^{1*}, Delvan Alves da Silva¹, Giovana Vargas¹, Haroldo Henrique de Rezende Neves²,
Caio de Souza Teixeira¹ e Roberto Carvalheiro^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Gensys Consultores Associados, Porto Alegre, RS, Brasil.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, Brasília, DF, Brasil.

*Autor correspondente: tl.silva@unesp.br

Resumo: Dados categóricos de conformação de pernas e pés de 302.485 bovinos da raça Nelore foram utilizados para estimar componentes de variância via inferência Bayesiana. Com o objetivo de avaliar uma possível resposta correlacionada para conformação de pernas e pés como resultado da seleção para peso ao sobreano, um modelo animal linear-limiar foi ajustado numa análise bi-característica. A estimativa da herdabilidade para conformação de pernas e pés foi de 0,19 (0,16; 0,23) e a correlação genética com peso ao sobreano foi negativa, porém de baixa magnitude (-0,24). Os resultados sugerem que a incidência de problemas de aprumos na população em estudo pode ser reduzida por meio da seleção. Também foram estimadas as tendências genéticas por regressão linear das médias *a posteriori* dos valores genéticos preditos pelo ano de nascimento dos animais. A tendência genética estimada (-0,24 unidades de desvio padrão/ano) para conformação de pernas e pés, indica que a estratégia de descartar animais acometidos vem promovendo uma mudança genética favorável na população estudada.

Palavras-chave: *Bos indicus*, bem-estar, característica funcional, locomoção, tendência genética.

Genetic analysis of feet and leg conformation in Nellore cattle

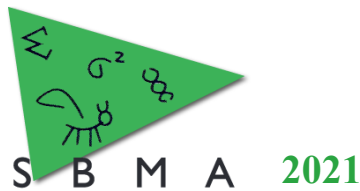
Abstract: Categorical data on feet and legs conformation of 302,485 Nellore cattle were used to estimate variance components by Bayesian inference. In order to evaluate a possible correlated response for the conformation of legs and feet because of selection for yearling weight, a linear-threshold animal model was fitted in a bi-trait analysis. The estimated heritability of the feet and legs conformation was 0.19 (0.16; 0.23) and the genetic correlation with yearling weight was negative, but of low magnitude (-0.24). These results suggest that the incidence of this problem in the studied population can be reduced through selection. Genetic trends were also estimated by linear regression of the *posterior* means of the predicted genetic values by the year of birth of the animals. The estimated genetic trend (-0.24 standard deviation units/year) for the feet and legs conformation indicates that the strategy of discarding affected animals has promoted a favorable genetic change in the studied population.

Keywords: *Bos indicus*, functional trait, genetic trend, locomotion, welfare.

Introdução

A ocorrência de perdas econômicas consideráveis em programas de melhoramento genético pode estar relacionada às características funcionais, dado que animais com alguma disfunção geralmente são incapazes de desempenhar satisfatoriamente suas funções produtivas e reprodutivas sendo descartados (Vargas et al., 2017). Uma característica funcional de elevada importância é a conformação de pernas e pés (AP), relacionada à qualidade dos aprumos, que têm a função de sustentar solidamente o corpo do animal e permitir seu fácil deslocamento. Sua má formação pode comprometer o bem-estar, desempenho e longevidade dos animais. Na questão reprodutiva, a conformação das pernas e pés são de fundamental importância tanto no macho, para efetuar a monta, quanto na fêmea, para suportar o reprodutor. Dadas as condições extensivas de produção da maioria dos rebanhos brasileiros, animais que apresentam melhor conformação de pernas e pés são favorecidos.

A conformação de pernas e pés pode ser avaliada como característica binária, ou seja, apresentar ou não defeito (Vargas et al., 2017). O diagnóstico se dá pela observação de falhas de locomoção e as avaliações devem ser realizadas por técnicos treinados que atribuem pontuações visuais à estrutura geral dos pés e das pernas em dois momentos diferentes (ex.: à desmama e ao sobreano), e recomenda-se que o mesmo técnico seja responsável pelas avaliações e registro de todos os animais de determinado grupo de



manejo. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar componentes de variância para AP utilizando dados oriundos de diferentes programas que compõem a base de dados Aliança Nelore (GenSys, 2019).

Material e Métodos

Dados fenotípicos de 302.485 animais, nascidos entre 2001 e 2017, e avaliados para AP, foram obtidos junto à base de dados da Aliança Nelore (GenSys, 2019). As medidas foram realizadas ao sobreano (cerca de 18 meses de idade) e atribuídas em escala binária (1 para animal acometido e 0 para não acometido), por técnicos treinados para tal avaliação. Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos concatenando os efeitos de safra e estação de nascimento, sexo, fazenda ao desmame e sobreano, grupo de manejo ao desmame e sobreano e data da avaliação a sobreano. Dados de GC com menos de 10 registros e/ou sem variabilidade para a característica foram removidos das análises posteriores.

Após verificações de consistência e edição dos dados, estimativas de componentes de variância foram obtidas por inferência Bayesiana através do software Thrgibbs1f90 (Misztal, 2020). Dados de peso ao sobreano (PS) foram utilizados em análises bi-característica com AP, ajustando um modelo animal linear-limiar (PS-AP), com o objetivo de avaliar uma possível resposta correlacionada sobre AP decorrente da seleção para PS.

Na análise bi-característica PS-AP foram geradas cadeias de Markov de 500.000 ciclos com um período de descarte de 18.000 ciclos iniciais e um intervalo de amostragem de 2 ciclos. Verificou-se a convergência das cadeias por meio de inspeção gráfica e pelos testes de Geweke e de Heidelberger & Welch utilizando o pacote BOA (Smith, 2007) em linguagem R (R Development Core Team, 2017).

Foram estimadas tendências genéticas por regressão linear das médias *a posteriori* dos valores genéticos preditos (VGs) para ambas as características sobre o ano de nascimento dos animais. Em tal regressão, as médias *a posteriori* dos VGs de cada característica foram padronizadas com base na média *a posteriori* estimada para o respectivo desvio padrão genético.

Resultados e Discussão

Após a edição dos dados a incidência observada para a característica AP foi de 5,37%. Além disso, verificou-se que, na população estudada, os machos tendem a ser mais acometidos por defeitos de aprumos, 5,5% contra 5,1% das fêmeas. Acredita-se que esta diferença esteja relacionada à desigualdade das curvas de crescimento entre os sexos.

A magnitude da herdabilidade estimada para AP depende da pontuação atribuída ao animal no momento da avaliação e pode estar diretamente relacionada à qualidade da coleta dos registros mensurados para classificação desta característica. A média *a posteriori* da estimativa de herdabilidade para AP, em escala binária, foi de média magnitude (Tabela 1). Em análise uni-característica, realizada para efeito de comparação, a estimativa de herdabilidade média obtida foi de 0,13 (0,11; 0,16). A utilização do PS como “âncora”, em análise bi-característica, pode ter contribuído para capturar maior proporção da variabilidade aditiva.

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância e herdabilidade obtidas em análise bi-característica de bovinos da raça Nelore.

Característica ²	Variância Aditiva ¹			Variância Residual ¹			Herdabilidade ¹		
	L95%	Média	U95%	L95%	Média	U95%	L95%	Média	U95%
PS	392,00	405,05	418,50	355,10	364,24	373,30	0,5125	0,5265	0,5408
AP	0,1858	0,2384	0,2941	1,0000	1,0076	1,0150	0,1556	0,1910	0,2259

¹ Média *a posteriori* e respectivos limites inferior (L95%) e superior (U95%) para o intervalo de credibilidade de 95%.

² PS = peso ao sobreano; AP = conformação de pernas e pés.

O PS e AP apresentaram uma correlação genética negativa porém de baixa magnitude (-0,24). O sentido desta estimativa de correlação genética é considerado favorável dado que, para AP, o menor escore de classificação (escore 0) sugere que o animal não possui defeitos de conformação de pernas e pés, enquanto que para PS são desejados animais com maior expressão da característica. Assim, na população estudada, animais com dificuldades de locomoção por má conformação congênita de pernas e pés tendem a ganhar menos peso.

Os coeficientes de determinação dos modelos usados para regredir os VGs médios para PS e AP por ano de nascimento do animal indicam que houve um bom ajuste da regressão linear (Figura 1). Foram

estimadas tendências genéticas de 0,23 para PS e -0,24 para AP, expressas como desvios padrão das médias *a posteriori* dos VGs estimados por ano de nascimento.

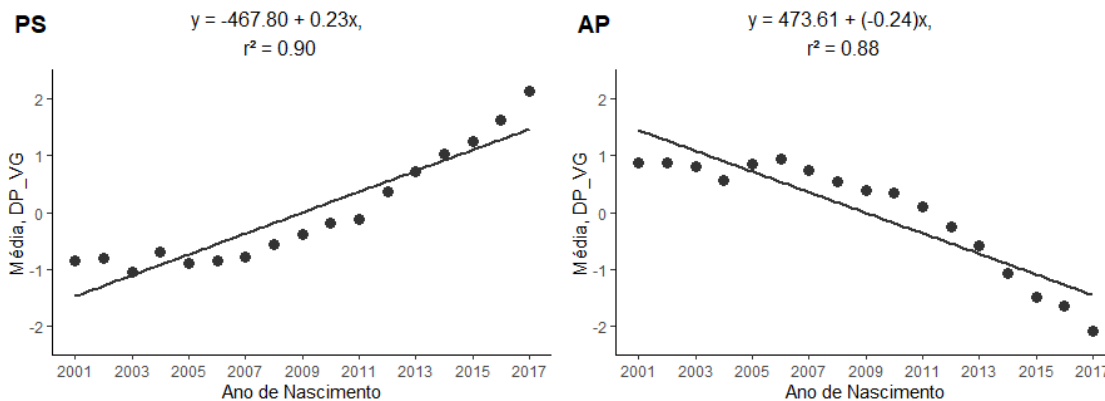


Figura 1. Tendências genéticas das médias *a posteriori* dos valores genéticos padronizados pelo ano de nascimento para PS e AP avaliadas ao sobreano numa população de gado Nelore. PS = peso ao sobreano; AP = conformação de pernas e pés; Média, DP_VG = média *a posteriori* do valor genético estimado expressa em unidades de desvio padrão genético.

A tendência genética estimada para AP indica que a estratégia de descarte dos animais com defeitos de pernas e pés vem promovendo uma mudança genética favorável na população estudada, o que contribuiu para o progresso genético da característica.

Conclusão

As estimativas de variabilidade genética aditiva e herdabilidade obtidas para conformação de pernas e pés sugerem que a incidência deste problema na população em estudo pode ser reduzida por meio da seleção. A característica linear peso ao sobreano apresentou uma correlação genética de baixa magnitude com a conformação de pernas e pés. A tendência genética estimada para conformação de pernas e pés indica um ganho genético favorável e de magnitude considerável no período avaliado, o que reforça a importância de intensificar a seleção para esta característica.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - processo nº 422863/2018-1. Os autores gostariam de agradecer ainda à empresa GenSys® pelos dados cedidos.

Literatura citada

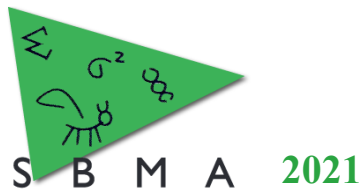
Misztal I. 2020. **BLUPF90 - a flexible mixed model program in Fortran 90**. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90.pdf>. Acesso em: 20 de abril de 2020.

GenSys 2019. **Sumário de touros Aliança Nelore 2019/2020**. Porto Alegre: GenSys. Disponível em: <http://gensys.com.br>. Acesso em: 04 de setembro de 2019.

R Development Core Team 2017. **R: A language and environment for statistical computing**. Disponível em: < <https://cran.r-project.org/> >. Acesso em: 27 de abril de 2021.

Smith B.J. 2007. boa : An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software**, 21, 1–37.

Vargas G., Neves H.H.R., Cardoso V., Munari D.P. & Carvalheiro R. 2017. Genetic analysis of feet and leg conformation traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, 95, 2379–2384.



Análise genética para hipoplasia testicular em bovinos da raça Nelore

Thales de Lima Silva^{1*}, Delvan Alves da Silva¹, Giovana Vargas¹, Haroldo Henrique de Rezende Neves²,
Caio de Souza Teixeira¹ e Roberto Carneiro^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²GenSys Consultores Associados, Porto Alegre, RS, Brasil.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, Brasília, DF, Brasil.

*Autor correspondente: tl.silva@unesp.br

Resumo: Caracterizada pelo desenvolvimento incompleto do epitélio germinativo dos túbulos seminíferos, a hipoplasia testicular leva à diminuição da concentração espermática, aumento das alterações morfológicas dos espermatozoides e azoospermia. Perdas econômicas resultantes do descarte de animais acometidos por hipoplasia testicular podem contribuir para diminuir a eficiência de sistemas de produção de carne. Dados fenotípicos de 218.211 touros Nelore avaliados para esta característica foram utilizados com o objetivo de estimar componentes de variância por inferência Bayesiana. A herdabilidade estimada de 0,16 (0,14; 0,20) indica que efeitos genéticos aditivos influenciam a variabilidade da hipoplasia testicular. A tendência genética estimada (-0,17 unidades de desvio padrão/ano) indica resposta expressiva na direção desejada. Embora oneroso, o descarte de animais acometidos parece ser uma boa estratégia para reduzir a incidência da hipoplasia testicular na população estudada.

Palavras-chave: *Bos indicus*, característica funcional, reprodução, tendência genética.

Genetic analysis of testicular hypoplasia in Nelore cattle

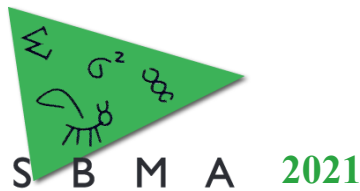
Abstract: Characterized by the incomplete development of the germinal epithelium of the seminiferous tubules, testicular hypoplasia leads to decreased sperm concentration, increased morphological changes in sperm and azoospermia. Economic losses resulting from the disposal of animals affected by testicular hypoplasia may contribute to reduce the efficiency of meat production systems. Phenotypic data from 218,211 Nelore bulls evaluated for this trait were used to estimate variance components by Bayesian inference. The estimated heritability of 0.16 (0.14; 0.20) indicates that additive genetic effects influence the variability of testicular hypoplasia. The estimated genetic trend (-0.17 standard deviation units/year) indicates an expressive response in the desired direction. Although costly, the disposal of affected animals seems to be a good strategy to reduce the incidence of testicular hypoplasia in the studied population.

Keywords: *Bos indicus*, functional trait, genetic trend, reproduction.

Introdução

A hipoplasia testicular (HT) é uma alteração genética caracterizada pelo desenvolvimento incompleto do epitélio germinativo dos túbulos seminíferos devido ao número inadequado de células germinativas no testículo, levando à diminuição da concentração espermática e aumento das alterações morfológicas dos espermatozoides, bem como da azoospermia. Touros com hipoplasia unilateral parcial ou total, ou bilateral parcial apresentam libido, capacidade de fecundar e habilidade de serviço normal. Devido à maior frequência de HT ser do tipo unilateral parcial, a maioria dos touros apresenta-se subfértil, transmitindo a condição indesejável aos seus descendentes (Bicudo et al., 2007). Os testículos também podem ter seu tamanho reduzido devido à má-nutrição, trauma, inflamação crônica e lesão térmica. Por isso, a hipoplasia deve ser diferenciada da atrofia e degeneração adquiridas. O diagnóstico diferencial pode ser feito por exames de biometria testicular e espermogramas periódicos com a confecção da curva de produção gamética nos touros a partir dos 7 meses de idade, o que é importante para a seleção precoce de reprodutores (Bicudo et al., 2007; Neves et al., 2019).

Além dos problemas funcionais, as perdas econômicas resultantes do descarte de animais por esta característica desclassificante podem contribuir para a diminuição da eficiência em sistemas de produção de carne. Deste modo, mensurações do perímetro escrotal ao sobreano, estimação da concentração espermática e do volume ejaculado são fundamentais na seleção dos reprodutores e um padrão mínimo



aceitável destes parâmetros deve ser estabelecido e adotado para a redução dos casos de hipoplasia nos rebanhos. Utilizando dados de diferentes programas que compõem a base de dados Aliança Nelore (GenSys, 2019) objetivou-se estimar componentes de variância para HT bem como a tendência genética para esta característica na população.

Material e Métodos

Dados fenotípicos de 218.211 animais, nascidos entre 2001 e 2017, e avaliados para HT, foram obtidos junto à base de dados da Aliança Nelore (GenSys, 2019). As medidas foram realizadas ao sobreano (cerca de 18 meses de idade) por técnicos treinados e atribuídas em escala binária (1 para animal acometido e 0 para não acometido). Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos concatenando os efeitos de safra de nascimento, estação de nascimento, fazenda ao desmame e sobreano, grupo de manejo ao desmame e sobreano e data da avaliação ao sobreano. Dados de GC com menos de 10 registros e/ou sem variabilidade para a característica foram removidos das análises posteriores.

Após verificações de consistência e edição dos dados, estimativas de componentes de variância foram obtidos por inferência Bayesiana através do software Thrgibbs1f90 (Misztal, 2020). Dados da característica perímetro escrotal (PE), rotineiramente avaliada nos programas de melhoramento genético que fazem parte da base de dados da Aliança Nelore (GenSys, 2019), foram utilizados em análises bi-característica com HT. Um modelo animal linear-limiar (PE-HT) foi ajustado com o objetivo de avaliar uma possível resposta correlacionada na seleção para HT.

Foram geradas cadeias de Markov de 300.000 ciclos para a análise bi-característica. Verificou-se a convergência das cadeias com um período de descarte de 60.000 ciclos iniciais e um intervalo de amostragem de 29 ciclos, utilizando-se os testes de Geweke e de Heidelberger & Welch do pacote BOA (Smith, 2007) em linguagem R (R Development Core Team, 2017).

Tendências genéticas foram estimadas por regressão linear das médias *a posteriori* dos valores genéticos preditos (VGs) para ambas as características sobre o de nascimento dos animais. As médias dos VGs de cada característica foram padronizadas com base na média *a posteriori* estimada para o respectivo padrão genético.

Resultados e Discussão

Após verificações de consistência e edição preliminar dos dados observou-se uma incidência de aproximadamente 5% para HT, o que pode ser considerado um número preocupante sob o ponto de vista econômico dado que animais acometidos devem ser descartados.

A característica linear (PE) apresentou uma alta herdabilidade (Tabela 1). Já para HT, a média a posteriori da estimativa de herdabilidade foi de média magnitude, indicando que a variabilidade nesta característica seria influenciada, em alguma medida, por efeitos genéticos aditivos. Numa análise uni-característica, realizada para efeito de comparação, a estimativa de herdabilidade para HT foi semelhante à obtida na análise bi-característica (0,1598).

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância e herdabilidade obtidas em análise bi-característica de bovinos da raça Nelore.

Característica ²	Variância Aditiva ¹			Variância Residual ¹			Herdabilidade ¹		
	L95%	Média	U95%	L95%	Média	U95%	L95%	Média	U95%
PE	3,0360	3,2017	3,3700	3,7770	3,8997	4,0212	0,4305	0,4508	0,4714
HT	0,1571	0,1939	0,2488	0,9996	1,0079	1,0160	0,1349	0,1610	0,1980

¹ Média a posteriori e respectivos limites inferior (L95%) e superior (U95%) para o intervalo de credibilidade de 95%.

² PE = perímetro escrotal; HT = hipoplasia testicular.

Neves et al. (2019) estimaram uma correlação genética negativa (-0,53) entre as características HT e PE analisando dados de 46.256 animais da raça Nelore. Entretanto, com um número de animais aproximadamente 5 vezes maior, o valor de -0,049 estimado no presente estudo sugere não haver correlação genética entre estas características.

Foram estimadas tendências genéticas de 0,22 para PE e -0,17 para HT, expressas como unidades de desvio padrão das médias *a posteriori* dos VGs estimados por ano de nascimento.

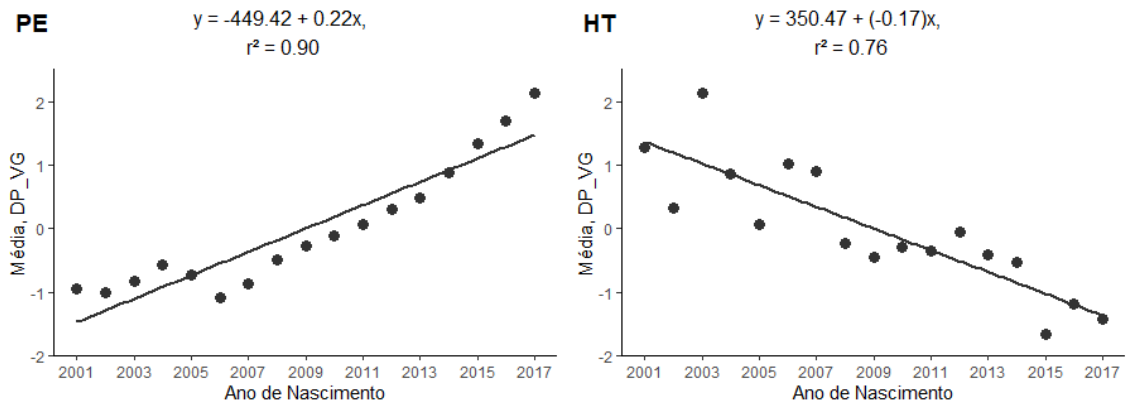


Figura 1. Tendências genéticas das médias *a posteriori* de valores genéticos pelo ano de nascimento para PE e HT avaliadas ao sobreano numa população de gado Nelore. PE = perímetro escrotal; HT = hipoplasia testicular; Média, DP_VG = média *a posteriori* do valor genético estimado expressa em unidades de desvio padrão genético.

Conclusão

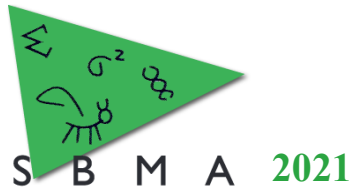
A incidência da hipoplasia testicular na população em estudo pode ser reduzida por meio da seleção dos touros. A tendência genética para esta característica indica uma resposta favorável e bastante expressiva no período avaliado, o que reforça a importância da estratégia de descarte de animais acometidos. A característica perímetro escrotal apresentou correlação genética nula com hipoplasia testicular na população avaliada.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - processo nº 422863/2018-1. Os autores gostariam de agradecer ainda à GenSys, pelos dados cedidos.

Literatura citada

- Bicudo S., Siqueira J. & Meira C. 2007. Patologias do sistema reprodutor de touros. **Biológico**, 69:43–48.
- Misztal I. 2020. **BLUPF90 - a flexible mixed model program in Fortran 90**. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90.pdf>. Acesso em: 20 de abril de 2020.
- GenSys 2019. **Sumário de touros Aliança Nelore 2019/2020**. Porto Alegre: GenSys. Disponível em: <http://gensys.com.br>. Acesso em: 04 de setembro de 2019.
- Neves H.H.R., Vargas G., Brito L.F., Schenkel F.S., Albuquerque L.G. & Carneiro R. 2019. Genetic and genomic analyses of testicular hypoplasia in Nelore cattle. **Plos One**, 14(1): e0211159.
- R Development Core Team 2017. **R: A language and environment for statistical computing**. Disponível em: < <https://cran.r-project.org/>>. Acesso em: 27 de abril de 2021.
- Smith B.J. 2007. boa : An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference. **Journal of Statistical Software** 21, 1–37.



Deteção de variantes funcionais baseada em biologia de sistemas: O caso da eficiência alimentar em bovinos de corte

Gabriela Ribeiro¹, Fernando Baldi², Aline Silva Melo Cesar³, Pâmela Almeida Alexandre⁴, José Bento Stermann Ferraz⁵, Heidge Fukumasu^{6*}

^{1,2,5}Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

²Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

⁴CSIRO Agriculture & Food, 306 Carmody Rd., St. Lucia, Brisbane, QLD 4067, Australia.

*Autor correspondente: *email do autor correspondente*

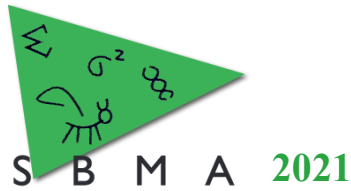
Resumo: Potenciais Variantes Funcionais (PVFs), são marcadores de DNA que os pesquisadores procuram encontrar para a seleção de animais, especialmente para fenótipos complexos. Aqui, propomos uma estratégia para identificar PVFs para fenótipos complexos (Eficiência alimentar (EA) em bovinos de corte) usando uma abordagem orientada por biologia de sistemas. Foram utilizados dados de RNA-seq de 5 tecidos diferentes de animais divergentes para EA avaliados por Consumo Alimentar Residual (CAR), seguido pela chamada de variantes com a ferramenta GATK, análise estatística por Plink, identificação das consequências e impacto das variantes pelo Ensembl VEP, seleção de PVFs relevante e validação por GWAS single step (ssGWAS) ponderado. Para a análise das vias biológicas foi utilizado a ferramenta DAVID. Nossa abordagem determinou 169 PVFs expressivos em todos os órgãos, uma análise mais aprofundada foi realizada para entender o impacto e a consequência das variantes, na função das proteínas, foi demonstrado que 20,4% têm impacto moderado. A adição de informações de PVFs melhorou a capacidade de predição de CAR e predições menos inflacionadas foram obtidas usando PVFs de fígado e músculo, principalmente aqueles envolvidos com a via biológica do MHC, que é o principal sistema biológico de imunidade. Essas informações têm grande potencial para serem utilizadas em programas de predição genética, principalmente por facilitar a identificação de animais jovens sem registros.

Palavras-chave: eficiência alimentar, gado, gwas, rna-seq, variantes funcionais.

Detection of functional variants based on systems biology: The case of feed efficiency in beef cattle

Abstract: Potential Functional Variants (PFVs) are the DNA markers that livestock researchers are looking to find for selection of animals, especially for complex phenotypes. Here, we propose a strategy to identify PFVs for complex phenotypes (Feed Efficiency (FE) in beef cattle) using a systems biology-oriented approach. RNA-seq data from 5 different animal tissues divergent for EA adopted by Residual Feed Intake (RFI) were used, followed by the call of variants with the GATK tool, statistical analysis by Plink, identification of consequences and impact of variants by Ensembl VEP, selection of relevant PFVs and validation by weighted single step GWAS (ssGWAS). For an analysis of the biological pathways the DAVID tool was used. Our approach determined 169 expressive PFVs in all organs, further analysis was performed to understand the impact and a consequence of the variants, on protein function, it was caused that 20.4% have moderate impact. The addition of information from PFVs improved the ability to predict RFI and less inflated predictions were eliminated using PFVs from liver and muscle, mainly affected with the MHC biological pathway, which is the main biological system of immunity. This information has great potential to be used in genetic prediction programs, mainly because it facilitates the identification of young animals without records.

Keywords: cattle, feed efficiency, functional variants, gwas, rna-seq.



Introdução

Potenciais Variantes Funcionais (PVFs), também conhecidas como variantes causais, podem ser definidas como variantes genéticas responsáveis por um determinado fenótipo. Sendo úteis para a seleção de animais de criação que possuem fenótipos poligênicos complexos. Para a identificação dessas variantes causais, podem ser utilizadas algumas metodologias, mas que geralmente são custosas ou que não fornecem informações relevantes. Portanto uma abordagem de biologia de sistemas em nível de órgão deve ser considerada, uma vez que apontará variantes de DNA específicas associadas a processos biológicos relevantes para fenótipos específicos. Em eficiência alimentar (EA), essas variantes causais possibilitam a seleção de animais eficientes, que aumentam a produtividade e a sustentabilidade, refletindo na redução dos custos de produção e na diminuição da produção de metano, um dos gases de efeito estufa. No entanto, identificar animais com EA elevada não é uma tarefa fácil. Sendo necessário compreender a base biológica da EA para definir futuros programas de melhoramento animal. Portanto, propomos uma estratégia de biologia do sistema para superar essas limitações com base na identificação de variantes genéticas a partir de dados de sequenciamento de RNA (RNA-seq) de órgãos fisiologicamente relacionados ao fenótipo, seguida por uma classificação das PVFs, seguida de uma validação (GWAS) e predição uma população diferente não relacionada.

Material e Métodos

Foram utilizados 98 bovinos (*Bos indicus*) (16 a 20 meses de idade e 376 ± 29 kg de peso vivo) avaliados em um ensaio alimentar. A eficiência alimentar foi estimada pelo consumo de ração residual (CAR). Amostras de 9 animais de cada grupo EA (alto e baixo) foram selecionadas para RNA-seq usando CAR. Foram utilizados múltiplos tecidos (fígado, músculo, adrenal, pituitária e hipotálamo) para a análise de PVFs. O software GATK versão 3.7.11.0 foi usado para chamar as variantes. As PVFs foram analisadas na ferramenta online Variant Effect Predictor (VEP) versão 98 que prevê os efeitos funcionais das variantes. A análise de enriquecimento funcional foi realizada usando DAVID versão 6.8 para identificar vias biológicas sobre-representadas no conjunto de genes com variantes funcionais potenciais. Para a validação foi utilizado registros de CAR de uma população independente deste estudo, com informações fenotípicas e genotípicas de 4.653 e 5.117 animais, respectivamente, na qual, foi realizado análises GWAs single-step e estipulado predição genética com base no modelo de Wang et al., (2014).

Resultados e Discussão

Neste experimento, foram identificadas 2.000.936 variantes únicas para a sobreposição em diferentes órgãos. Depois de filtrar as variantes por MAF e taxa de chamada, um total de 11,35% de variantes únicas foram usados para a análise estatística, onde 4,39% foram significativamente associados com EA. A seguir, classificamos os PVFs de acordo com o impacto na função proteica, onde, 20,0% foram classificados com impacto moderado e apenas 0,78% foram classificados com alto impacto na função proteica. Realizando o enriquecimento funcional dessas variantes, os termos enriquecidos estão relacionados ao processamento e apresentação de antígenos mediados por MHC classe I e MHC classe II (complexo de histocompatibilidade principal), que são uma parte importante da resposta imune adaptativa e do sistema imune inato. Esse complexo da imunidade já foi relatado em outros estudos de raças bovinas e sua relação com inflamação bacteriana em gado leiteiro.

Para a validação e previsões genômicas das PVFs foram utilizados marcadores SNPs apresentados no BovineHD (Illumina). Esses marcadores foram diferencialmente ponderados com base nos resultados obtidos com ssGWAS usando o conjunto de treinamento (Tabela 1).

Tabela 1. Capacidade de previsão (Acc) e coeficiente de regressão (b) para CAR no conjunto de validação

Validação sem PVFs ¹	Acc	b (SE)
ssGBLUP	0.10	0.48 (0.02)
ssGBLUP+wG	0.15	0.85 (0.03)
ssGBLUP+registros	0.23	1.00 (0.03)
ssGBLUP+wG+registros	0.29	1.10 (0.02)

wG: matriz G; ¹ssGBLUP: ssGBLUP usando matriz G não ponderada; ssGBLUP + wG: ssGBLUP usando a matriz G ponderada; ssGBLUP + registros: ssGBLUP usando matriz G não ponderada e registros; ssGBLUP + wG + registros: ssGBLUP usando matriz G ponderada e registros.

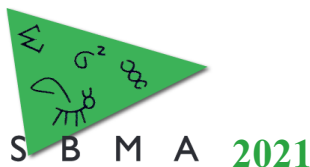
Como esperado, a maior precisão de predição no conjunto de validação foi obtida quando todas as informações disponíveis foram consideradas e a matriz G foi ponderada (ssGBLUP + wG + registros), no entanto, previsões mais inflacionadas para CAR foram obtidas. Adicionando as informações de PVFs para os cinco órgãos com pesos diferenciais, a capacidade de predição melhorou em comparação com ssGBLUP + wG, passando de 31,03% para 40%, ou seja, adicionar informações externas de PVFs identificadas por meio de análise de RNA-seq e incluir informações de ssGWAS contribuiu para reduzir o risco de seleção, melhorando as precisões de GEBV, no entanto, previsões mais inflacionadas foram obtidas conforme o peso para informações genômicas e PVFs aumentaram. A capacidade de predição para CAR foi próxima àquelas obtidas em estudos anteriores usando raças taurinas (LU et al., 2018) e raças indicinas (BRUNES et al., 2020). Foi possível detectar que os tecidos com previsões menos inflacionadas foram fígado e músculo em comparação com os demais tecidos, indicando que o PVFs presente no fígado e músculo contribuiu para SNPs mais informativos. Assim, os resultados obtidos em nosso estudo de validação apontaram para uma maior probabilidade de pegar um marcador genético em forte desequilíbrio de ligação com mutações causais, proporcionando maior contribuição desses marcadores SNP para a variância genética aditiva para CAR.

Conclusão

A estratégia de usar biologia de sistemas para detectar e selecionar PFVs para modelos de predição genômica aumentou a precisão da predição para animais jovens sem registros fenotípicos. Foi possível detectar que variantes presentes no fígado e no músculo têm maior impacto nas previsões genômicas de animais jovens. Os PFVs identificados estão principalmente envolvidos com o processamento e apresentação de antígenos mediados por MHC de classes I e II, parte do sistema imune inato. Constatamos que a estratégia utilizada em nosso estudo de detecção de PFVs para seleção genética, pode ser utilizada para outras espécies.

Literatura citada

- Brunes, L. C.; Baldi, F.; Lopes, F. B.; Narciso, M. G.; Lobo, R. B.; Espigolan, R.; Costa, M. F. O. M. 2020. Genomic prediction ability for feed efficiency traits using different models and pseudo-phenotypes under several validation strategies in Nelore cattle. **Animal (in press)**.
- Lu, D.; Akanno, E. C.; Crowley, J. J.; Schenkel, F.; Li, H.; Pauw, M. De; Moore, S. S.; Wang, Z.; Li, C.; Stothard, P.; Plastow, G.; Miller, S. P.; Basarab, J. A. 2018. Accuracy of genomic predictions for feed efficiency traits of beef cattle using 50K and imputed HD genotypes 1. **Journal of Animal Science**. 1342–1353.
- Wang, H.; Misztal, I.; Aguilar, I.; Legarra, A.; Fernando, R. L.; Vitezica, Z.; Okimoto, R.; Wing, T.; Hawken, R.; Muir, W. M. 2014. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens. **Frontiers in genetics**, 134.



Avaliação da duração do período de teste de eficiência alimentar na raça Brahman

Thaynara Kellyn Teixeira¹, Marielle Moura Baena^{2*}, Luma Maria Souza Machado¹, Jaime Urdapilleta Tarouco³, Sarah Laguna Conceição Meirelles¹

¹Departamento de Zootecnia da Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, UFLA, Lavras, MG, Brasil.

²Departamento de Zootecnia da Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, UFV, Viçosa, MG, Brasil.

³Departamento de Zootecnia da Faculdade de Agronomia da UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

*Autor correspondente: marielle.mbaena@gmail.com

Resumo: Estudos sobre identificar animais eficientes vem sendo desenvolvidos com o objetivo de reduzir a duração dos testes de eficiência alimentar. O consumo alimentar residual (CAR) é uma característica que pode auxiliar a identificar esses animais. O objetivo do trabalho foi determinar o menor período de teste necessário para avaliar características que compõem a eficiência alimentar utilizando equipamento eletrônico de mensuração do consumo alimentar individual (Intergado®). Foram utilizados dados de 107 touros nascidos entre 2018 e 2020, que participaram de quatro testes de eficiência alimentar. Cada teste teve duração de 70 dias e um período de adaptação de 15 dias. O CAR foi obtido pela regressão múltipla corrigida para espessura de gordura subcutânea (EGS) realizado no software R. Os testes foram avaliados em três períodos de duração: 42, 56 e 70 dias, sendo realizado os ajustes para as variáveis para o cálculo do CAR de acordo com cada período de duração. Para avaliação da possível redução da duração do teste, foi realizado a correlação de Spearman utilizando o software R. As correlações entre 70 e 56 dias (0,82) e 70 e 42 dias (0,78) foram altas, possibilitando dessa forma a redução do período de teste de eficiência alimentar de 70 dias para 42 dias, otimizando a utilização dos equipamentos e reduzindo o custo da avaliação da eficiência alimentar.

Palavras-chave: consumo alimentar residual, correlação de Spearman, espessura de gordura subcutânea, zebuínos.

Evaluation of the length of the testing period for feed efficiency in the Brahman breed

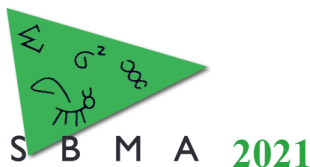
Abstract: Studies on identifying feed-efficient animals are being developed with the aim of reducing the length of feed efficiency tests. The residual feed intake (RFI) is a characteristic that can assist in identifying these animals. The aim of this study was to determine the shortest testing period necessary for evaluation of characteristics that compose feed efficiency using an electronic device for measuring individual feed intake (Intergado®). Data were evaluated from 107 bulls born in 2018 to 2020 that were subjected to four feed efficiency tests. Each test lasted for 70 days plus a 15-day adaptation period. The RFI was obtained by multiple regression corrected for subcutaneous fat thickness (SFT) performed on the R software. The tests were evaluated in three lengths of time: 42, 56, and 70 days, and adjustments were made for the variables for calculation of the RFI according to each length of time. For evaluation of possible reduction in the length of the test, Spearman correlation was performed using the R software. Correlations between 70 and 56 days (0.82) and 70 and 42 days (0.78) were high, thus allowing reduction in the period of feed efficiency testing from 70 to 42 days, optimizing the use of equipment and reducing the cost of evaluation of feed efficiency.

Keywords: residual feed intake, Spearman correlation, subcutaneous fat thickness, zebu cattle.

Introdução

A eficiência alimentar em bovinos de corte é compreendida como a capacidade que o animal tem de converter o alimento ingerido em produto de origem animal, sendo ele em carne ou carcaça. Identificar animais eficientes podem influenciar o sistema de produção, reduzindo principalmente o custo com alimentação que é considerado como sendo o maior gasto dentro da produção, podendo comprometer 2/3 dos custos operacionais (Anderson et al., 2005).

Um dos parâmetros de indicadores de eficiência alimentar é o consumo alimentar residual (CAR), na qual sua mensuração traz rentabilidade para todos os sistemas. Segundo Koch et al. (1963), a avaliação



do CAR resulta do resíduo da diferença entre o consumo alimentar observado e o consumo alimentar predito, e calculado pela equação de regressão linear do consumo de matéria seca (CMS, kg/dia) em função do peso vivo metabólico (PVM, kg) e ganho de peso diário (GPD, kg/dia).

Estudos sobre identificar animais eficientes vem sendo desenvolvidos com o objetivo de reduzir a duração dos testes de eficiência alimentar que são utilizados para avaliar esse tipo de característica. Segundo o manual “Procedimentos para mensuração de consumo individual de alimentos em bovinos de corte” (2020), desenvolvido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) e a Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), a necessidade de duração mínima de teste é de 42 dias válidos, exigindo no mínimo 35 dias de consumos válidos, desde que a pesagem seja automatizada, utilizando equipamentos como: Intergado (Intergado®); GrowSafe System (GrowSafe Systems Ltd.); Calan Gate (American Calan Inc.); entre outros.

O objetivo do trabalho foi determinar o menor período de teste necessário para avaliar características que compõem a eficiência alimentar utilizando equipamento eletrônico de mensuração do consumo alimentar individual (Intergado®).

Material e Métodos

O banco de dados utilizados foi composto de informações de animais oriundos da Fazenda Santa Éster, de propriedade da Casa Branca Agropastoril Ltda., localizada no município de Silvianópolis – MG. Foram utilizados dados de 107 touros jovens da raça Brahman que nasceram entre 2018 e 2020, nos quais participaram de quatro testes de eficiência alimentar (teste 1, 2, 3 e 4), no qual foram formados grupos de contemporâneos em função da idade dos animais. Cada teste teve duração de 70 dias posteriormente a um período de adaptação a instalação e a dieta ofertada de 15 dias. Para registro das informações de consumo foi utilizado cochos eletrônicos da Intergado® (Intergado Ltda., Contagem, Minas Gerais, Brasil) que mensuraram a quantidade de alimento ofertado e a sobra no cocho e, a pesagem dos animais foi realizada de forma automática pelas balanças individuais que existem na entrada dos bebedouros. O Cálculo do CAR foi obtido pela regressão múltipla corrigida para espessura de gordura subcutânea obtida por ultrassonografia ao final de cada teste utilizando o software R. O consumo de matéria seca (CMS) foi obtido pela seguinte fórmula: $CMS = \beta_0 + \beta_1 PV^{0,75} + \beta_2 GPD + \beta_3 EGS + \epsilon$; onde “ β_0 ” é o intercepto, “ β_1 ” o coeficiente linear de regressão para peso metabólico na metade do teste ($PV^{0,75}$), “ β_2 ” o coeficiente linear de regressão para ganho de peso diário (GPD), “ β_3 ” o coeficiente linear parcial de regressão para espessura de gordura subcutânea ao final do teste medida por ultrassom; “ ϵ ” o resíduo que expressa a medida da eficiência do CAR. Para este estudo, os testes foram avaliados em três períodos de duração: 42, 56 e 70 dias, sendo realizado os ajustes para as variáveis para o cálculo do CAR de acordo com cada período de duração. Para a estimativa da correlação de Spearman foi utilizado o software R (R Core Team (2020).

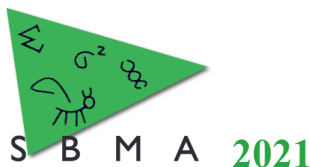
Resultados e Discussão

Os resultados obtidos a partir das correlações de Spearman mostram correlações altas de acordo com a Tabela 1.

Tabela 1. Correlações de Spearman para consumo alimentar residual (CAR) entre as durações dos testes e a duração de 70 dias, de acordo com os testes e os grupos de contemporâneos na raça Brahman.

Testes	GC	N	Período avaliado	
			42	56
1	1	20	0,55	0,82
	1	6	0,83	0,83
2	2	13	0,93	0,90
	3	9	0,83	0,83
3	1	26	0,94	0,99
4	1	25	0,89	0,56
	2	8	0,45	0,79

*Legenda: Grupos de contemporâneos em função da idade dos animais (GC), Número de animais (N);



Com os resultados obtidos das correlações de Spearman é possível afirmar que existe a possibilidade de reduzir o período de teste, pois os valores encontrados dessas correlações foram altos, demonstrando que a classificação dos animais não se altera significativamente nos diferentes períodos de teste. Culbertson et al. (2015) realizaram estudos avaliando diferentes categorias de bovinos de diversas raças (453 touros, 119 novilhas e 21 novilhas) submetidos a quatro testes de eficiência alimentar com duração de 70 dias, decorridos por um período de adaptação de 21 dias. Esses autores afirmaram que o período de avaliação do CAR pode ser reduzido de 70 para 56 dias embasados em análises de regressão dos valores de CAR.

No presente estudo foi observado que quando comparados o rank dos animais para CAR nos períodos de duração de teste de 70, 56 e 42 dias, houve uma correlação média de 0,82 entre os períodos de 70 e 56 dias e de 0,78 entre os períodos de 70 e 42 dias. Ambas correlações são altas, podendo dessa forma sugerir a redução do período dos testes para 42 dias, o que está de acordo com as normas implementadas pelo manual “Procedimentos para mensuração de consumo individual de alimentos em bovinos de corte” (2020) e conseqüentemente poderá haver a otimização da utilização dos equipamentos e a redução no custo de alimentação desses animais por permanecerem menos tempo no confinamento, contribuindo para a sustentabilidade do setor pecuário.

Conclusão

O período de prova de eficiência alimentar pode ser reduzido de 70 para 42 dias sem alterar a classificação de CAR dos animais da raça Brahman na população estudada.

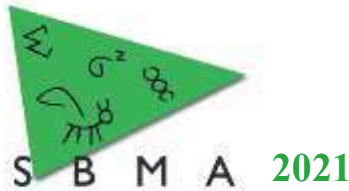
A redução do período de prova promove a redução de custos, melhor aproveitamento de equipamentos, e de forma indireta colabora para redução de gases poluentes emitidos pelos animais, pois animais mais eficientes são terminados precocemente.

Agradecimento

Agradecemos à Casa Branca Agropastoril Ltda. pela disponibilização dos dados dos animais e também pelos membros do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB), responsáveis pelo desenvolvimento desses testes de eficiência alimentar.

Literatura citada

- ANDERSON, R.V.; RASBY, R.J.; KLOPFENSTEIN, T.J.; CLARK, R.T. 2005. An evaluation of production and economic efficiency of two beef systems from calving to slaughter. **Journal of Animal Science**, v.83, p.694–704.
- CULBERTSON, M.M.; SPEIDEL, S.E.; PEEL, R.K.; COCKRUM, R.R.; THOMAS, M.G.; ENNS, R.M. 2015. Optimum measurement period for evaluating feed intake traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.93 p.2482-2487.
- KOCH, R.M.; SWIGER, L.A.; CHAMBERS, D. et al. 1963. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal Animal Science**, v.22, p.486-494.
- MENDES, E.D.M.; GOMES, R.C. 2020 Procedimentos para mensuração de consumo individual de alimento em bovinos de corte. Uberaba: ABCZ, 2ª edição.
- R CORE TEAM (2020). R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.



Curva de crescimento de fêmeas da raça Brahman

Larissa Raffaella Trindade Borges¹, Marielle Moura Baena^{2*}, Sarah Laguna Conceição Meirelles³, Felipe Amorim Caetano de Souza³, Gabriela Rodrigues Vieira³, Tales Jesus Fernandes⁴

¹Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Departamento de Medicina Veterinária, UFLA, Lavras, MG, Brasil.

²Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Departamento de Zootecnia, UFV, Viçosa, MG, Brasil.

³Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Departamento de Zootecnia, UFLA, Lavras, MG, Brasil.

⁴Instituto de Ciências Exatas e Tecnológicas (ICET), Departamento de estatística, UFLA, Lavras, MG, Brasil.

*Autor correspondente: marielle.mbaena@gmail.com

Resumo: A curva de crescimento tem importante aplicação na produção animal por se tratar de um método de análise da relação entre o peso vivo e a idade do animal realizada através de modelos não-lineares. Com o intuito de reduzir o tempo para a construção das curvas de crescimentos, a metodologia transversal tem sido aplicada. O objetivo neste trabalho foi avaliar o ajuste dos modelos Brody, Gompertz, Logístico e von Bertalanffy a dados longitudinais e transversais de pesos vivos de bovinos da raça Brahman e verificar se a metodologia transversal descreve adequadamente a curva de crescimento. Os modelos foram comparados quanto à qualidade do ajuste pelos critérios: coeficiente de determinação (R^2), critério de informação de Akaike (AIC) e desvio-padrão residual (DPR), com base em rotina do software R. Observou-se em ambos os métodos, um comportamento antagônico entre os parâmetros peso adulto e índice de maturidade indicando que a seleção para maior precocidade pode levar a animais com menor peso. O modelo de Von Bertalanffy descreveu adequadamente o desenvolvimento ponderal nas duas metodologias apresentando ótima qualidade de ajuste ($R^2 > 99\%$). Sendo assim, o método transversal pode ser aplicado no estudo de curvas de crescimento em bovinos, reduzindo o tempo para a construção da curva e além disso, é uma ferramenta de seleção a mais para o produtor, onde é possível determinar se o animal está dentro da faixa de peso ideal para uma determinada faixa de idade.

Palavras-chave: curva, idade, método, modelos não-lineares, peso.

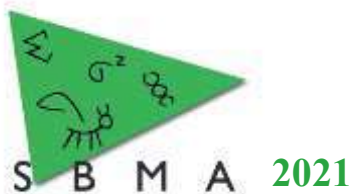
Growth curve of Brahman breed females

Abstract: The growth curve has an important application to animal production as it is a method of analyzing the relation between live weight and the age of the animal carried out through non-linear models. With the intention of reducing the time for constructing growth curves, the transversal method has been applied. The aim of this study was to evaluate the fit of the Brody, Gompertz, Logístico, and von Bertalanffy models to longitudinal and transversal data of live weights of Brahman breed cattle and determine whether the transversal method adequately describes the growth curve. The models were compared regarding quality of fit by the following criteria: coefficient of determination (R^2), Akaike information criterion (AIC), and residual standard deviation (RSD) based on the R software routine. In both longitudinal and transversal methods, an antagonistic response was observed between the adult weight and maturity index parameters, indicating that selection for earlier maturity may lead to animals with lower weight. The Von Bertalanffy model adequately described the ponderal development in the two methods, exhibiting optimal quality of fit ($R^2 > 99\%$). Thus, the transversal method can be applied in the study of growth curves in cattle, reducing the time for constructing the curve. In addition, it is one more selection tool for the producer, where it is possible to determine if the animal is within the ideal weight range for a determined age range.

Keywords: age, curve, method, non-linear models, weight.

Introdução

A bovinocultura de corte prevalece em todo território nacional devido à grande variabilidade de raças existentes aos diversas climas e regiões do país e também a fatores econômicos e sociais da atividade. Com intuito de compreender melhor a dinâmica entre o peso vivo e a idade, o estudo de curvas de crescimento animal a partir de modelos não lineares vem sendo utilizado como um método de análise



do desenvolvimento de diversas espécies, pois apresenta a capacidade de resumir as informações contidas nos dados em um conjunto definido de parâmetros com interpretação biológica, de interesse no ponto de vista de manejo e seleção (FREITAS, 2005; MAZZINI et al., 2005; MENDES et al., 2009).

As metodologias que vem sendo estudadas para obtenção de curvas de crescimento utilizam informações de pesagens dos bovinos ao longo de suas vidas (dados longitudinais), o que se torna um problema, pois o bovino demora meses para atingir o peso adulto. Uma alternativa é a obtenção da curva através da coleta de dados pelo método transversal, em que só é necessária uma pesagem do animal ao longo de sua vida, acelerando o processo. O presente trabalho tem como objetivo avaliar o ajuste dos modelos Brody, Gompertz, Logístico e von Bertalanffy a dados longitudinais e transversais de pesos vivos de fêmeas da raça Brahman a fim de selecionar o melhor modelo e prever sobre o crescimento e a maturidade e verificar se a metodologia transversal é capaz de descrever adequadamente a curva de crescimento da população estudada.

Material e Métodos

As informações utilizadas neste trabalho provêm de um banco de dados já existente da Fazenda Santa Éster da Casa Branca Agropastoril Ltda., localizada em Silvianópolis - Minas Gerais – Brasil. Foram utilizados os métodos longitudinal e transversal de coleta de dados. No método longitudinal primeiramente os animais foram divididos em oito classes de idade e foram utilizados os dados de peso vivo de 34 fêmeas da raça Brahman, do nascimento até 140 meses de idade. No método transversal foram utilizados os dados de 219 fêmeas Brahman, do nascimento até 65 meses de idade. Para descrição da curva de crescimento, com base em rotina no software R, utilizou-se os modelos não lineares: Brody ($y_i = a(1 - \exp\{-(b - kt_i)\}) + \epsilon_i$); Gompertz ($y_i = a \cdot \exp\{-\exp[b - kt_i]\} + \epsilon_i$); Logístico ($y_i = a / \{1 + \exp[b - kt_i]\} + \epsilon_i$); von Bertalanffy ($y_i = a(1 - \exp\{-(b - kt_i)\})^3 + \epsilon_i$). Em que “ y_i ” é o peso vivo do animal; “ t ” é a idade do animal; “ a ” é o valor assintótico, ou peso adulto do animal; “ b ” é um parâmetro de locação e está associado ao ponto de inflexão do modelo; “ k ” é o índice de maturidade ou precocidade do modelo e quanto maior o valor de k , menos tempo será necessário para o animal atingir o seu peso adulto (a) e “ ϵ ” é o erro aleatório associado ao modelo, o qual se supõe que seja independente e identicamente distribuído segundo uma normal de média zero e variância constante, $\epsilon \sim N(0, \sigma^2)$. Os modelos foram comparados quanto a qualidade do ajuste fornecido utilizando-se os seguintes critérios: Coeficiente de determinação (R^2), Desvio-padrão residual (DPR), Critério de informação de Akaike (AIC). Para verificar a normalidade dos dados foi realizado o teste de Shapiro-wilk.

Resultados e Discussão

A pressuposição de normalidades dos erros se verificou pelo teste de Shapiro-wilk (SW) para todos os modelos ($P > 0,01$). Os indicadores de qualidade de ajustes mostraram que os modelos descreveram adequadamente o desenvolvimento ponderal dos bovinos, com valores de coeficiente de determinação (R^2) superiores a 99%, com ligeira vantagem para o modelo de Von Bertalanffy quando comparado aos demais, para ambos os métodos (longitudinal e transversal). Observou-se em ambos os métodos um comportamento antagônico entre os parâmetros peso adulto (a) e índice de maturidade (k), indicando que a seleção para maior precocidade pode levar a animais com menor peso (Tabela 1).

Tabela 1. Parâmetros estimados e avaliadores de qualidade de ajuste do modelo Von Bertalanffy na descrição da curva de crescimento em peso vivo de fêmeas Brahman.

Parâmetros	Metodologias	
	Longitudinal	Transversal
a	589,20	598,00
k	0,0825	0,0852
b	6,2170	5,5970
R^2	0,9994	0,9988
DPR	0,1391	0,2682
AIC	447,5269	1491,6630

a = valor assintótico ou peso a maturidade (kg); k = índice de precocidade ou maturidade; b = ponto de inflexão do modelo (meses); R^2 = Coeficiente de Determinação; DPR = Desvio Padrão Residual (DPR), AIC = Critério de informação de Akaike.

Esse comportamento tem sido relatado por outros autores, como Souza et al. (2010), que encontraram correlação negativa entre os parâmetros a e k , indicando que a seleção para maior precocidade pode levar a animais com menor peso adulto, pois animais mais pesados tendem a ter taxa de maturação menor que animais mais leves, que, por sua vez, devem atingir a maturidade em idades menores.

Ambas as curvas de crescimento apresentam-se sigmóides e descreveram adequadamente a curva de crescimento da população estudada. Observa-se que a curva tende-se a estabilizar em torno dos 50 meses indicando que os animais tendem a ter seu peso estabilizado nessa idade e com média de 600 kg (Figura 1).

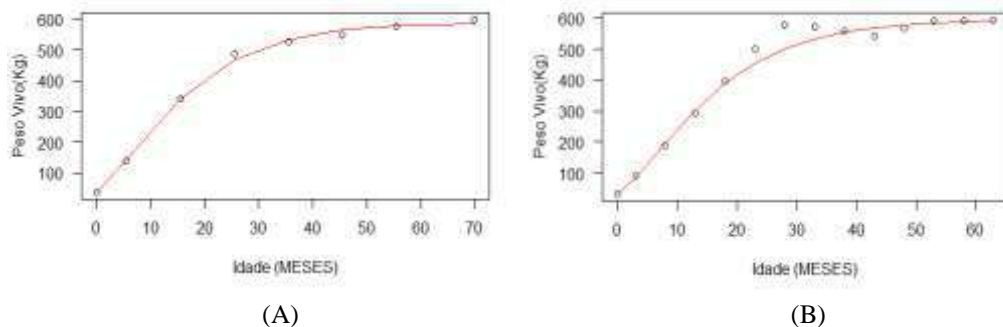


Figura 1. Representação da curva de crescimento em peso vivo de fêmeas obtida pelo modelo de von Bertalanffy pelos métodos longitudinal (A) e transversal (B).

Conclusão

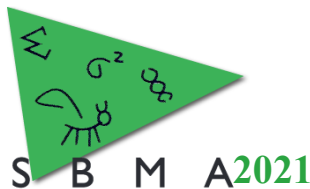
O modelo não-linear Von Bertalanffy foi o mais eficaz na descrição da curva de crescimento em ganho de peso de fêmeas da raça Brahman para ambas as metodologias. O método transversal se mostrou eficiente podendo ser utilizado a fim de agilizar e facilitar o processo da obtenção de curvas de crescimento para bovinos da raça Brahman.

Agradecimentos

Agradeço à Casa Branca Agropastoril Ltda. por disponibilizar os animais e pelo financiamento do projeto, assim como ao PIBIC/UFLA pela concessão de bolsas de estudos.

Literatura citada

- Freitas, A.R. 2005. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 34, 786-795.
- Mazzini, A.R.A., Muniz, J.A., Silva, F.F. & Aquino, L.H. 2005. Curva de crescimento de novilhos Hereford: heterocedasticidade e resíduos autoregressivos. **Ciência Rural**, 35, 422-427.
- Mendes, P.N., Muniz, J.A., Silva, F.F., Mazzini, A.R.A. & Silva N.A.M. 2009. Análise da curva de crescimento difásica de fêmeas Hereford por meio da função não linear de Gompertz. **Ciência Animal Brasileira**, 10, 454-461.
- Souza, L.A., Caires, D.N., Carneiro, P.L.S., Malhado, C.H.M. & Martins Filho, R. 2010. Curvas de crescimento em bovinos da raça Indubrasil criados no Estado do Sergipe. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, 41, 671-676.



Avaliação da diversidade genética de rebanhos bovinos Braford usando estatísticas F_{ST}

Araceli Rocío Marisel González¹, Francisco Javier Navas González^{2,3*}, Gustavo Ángel Crudeli⁴, Juan Vicente Delgado Bermejo³, María Esperanza Camacho Vallejo² and Celia Raquel Quirino¹

¹Laboratory of Animal Reproduction and Genetic Improvement, Northern Rio de Janeiro State University (Universidade Estadual do Norte Fluminense/UENF), Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.

²Institute of Agricultural Research and Training (IFAPA), Alameda del Obispo, Córdoba, Spain. Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, Córdoba, Spain.

³Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, Córdoba, Spain.

⁴Theriogenology Area, Faculty of Veterinary Sciences, National University of the Chaco Austral (Universidad Nacional del Chaco Austral/UNCAus), Presidencia Roque Sáenz Peña, Chaco, Argentina

*Autor correspondente: Araceli Rocío Marisel González Email: araceligonzalez_18@hotmail.com

Resumo: A teoria mais conhecida sobre a origem da raça Braford data de 1947, quando vacas Brahman foram cruzadas pela primeira vez, com touros Hereford nos Estados Unidos em busca de animais que pudessem se adaptar a climas tropicais. Paralelo às origens norte-americanas, há registros em 1946, que estabelecem a origem da raça em Queensland, na Austrália, para ajudar no combate aos efeitos da seca e dos carrapatos. O objetivo deste trabalho foi avaliar o grau de diferenciação genética em animais da raça Braford da Austrália à América do Sul por meio do cálculo da estatística F_{ST} . Foram analisados dados de 358.041 animais vivos e mortos da Austrália, Paraguai, Uruguai e Argentina. O software ENDOG (v4.8) foi usado e as estatísticas F foram calculadas: F_{IS} indicou baixos valores de endogamia entre subpopulações, F_{ST} sugeriu que há mais variação genética entre rebanhos do que entre países e os valores negativos e baixos de F_{IS} e F_{IT} sugeriram que há um maior número de heterozigotos nas subpopulações estudadas. Como há poucas informações sobre a diversidade genética de animais Braford vindos da Austrália para os países da América do Sul, é interessante continuar com esta pesquisa para expandir o conhecimento útil para associações de criadores e proprietários.

Palavras-chave: bovinos, diversidade genética, genealogia.

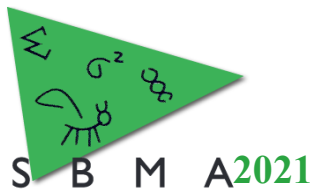
Evaluation of the genetic diversity of Braford cattle herds using F_{ST} statistics

Abstract: The most accepted theory about the origin of the Braford breed dates from 1947, when Brahman cows were first crossed with Hereford bulls in the United States with the aim of obtaining animals well adapted to tropical climates. However, there are also reports that this cross was first carried out in 1946 in Queensland, Australia, to develop a breed more resistant to drought and ticks. The objective of this study was to evaluate the degree of genetic differentiation in animals of the Braford breed in Australia and South America by calculating the F_{ST} statistic. Data were analyzed from 358,041 living and dead animals in Australia, Paraguay, Uruguay and Argentina. The ENDOG software (v4.8) was used and the following F statistics were calculated: F_{IS} indicated low endogamy values among subpopulations; F_{ST} suggested the existence of greater genetic variation among herds than among countries; and negative and low values of F_{IS} and F_{IT} indicated a greater number of heterozygotes in the subpopulations studied. Since little information is available about the genetic diversity of Braford animals brought to South American countries from Australia, it would be interesting to continue this study to expand knowledge for breeding associations and farmers.

Keywords: cattle, genetic diversity, genealogy.

Introdução

A teoria mais conhecida sobre a origem da raça Braford data de 1947, quando vacas Brahman foram cruzadas pela primeira vez com touros Hereford nos Estados Unidos em busca de animais que se adaptassem a climas tropicais (UBB, 2021). Paralelo às origens norte-americanas, há registros que



estabelecem a origem da raça em Queensland, Austrália, em 1946 para ajudar no combate aos efeitos da seca e carrapatos (ABS, 2021). A introdução das linhagens australianas da raça Braford no continente sul-americano ocorreria na década de 1970 (ABA, 2021). Como já havia acontecido na Austrália, a raça atraiu criadores no continente já que um dos principais problemas de saúde animal nos trópicos e subtropicais da pecuária é o carrapato bovino, que causa queda na produtividade, desvalorização da pele, aumento dos custos de produção com tratamentos acaricidas e transmissão de doenças infecciosas (Cardoso et al., 2015).

Conhecer a história e a estrutura populacional de uma raça é importante não só para fazer ajustes, mas também para avaliar o programa de seleção que será adotado em cada caso e assim fazer os cruzamentos mais adequados para melhorar geneticamente a população (Kamiti et al., 2016). A análise do pedigree de uma determinada raça é importante para identificar as circunstâncias que afetaram a história genética de uma população (Hidalgo et al., 2021).

Diversas ferramentas foram desenvolvidas para fornecer estimativas da diversidade genética entre as populações. Um deles, o índice de fixação F_{ST} de Wright, é uma medida amplamente usada de diversidade populacional. O grau de diferenciação obtido dentro e entre as populações depende do poder das estatísticas F_{ST} .

O objetivo deste trabalho foi avaliar o grau de diferenciação genética em animais da raça Braford da Austrália à América do Sul por meio do cálculo da estatística F_{ST} .

Material e Métodos

O conjunto de dados genealógicos da raça bovina Braford foi fornecido pela Associação Braford da Argentina. Foram analisados dados da população histórica, composta por 358.041 animais vivos e mortos, 124.713 touros e 233.328 vacas, nascidos entre setembro de 1949 e dezembro de 2019. As análises também foram realizadas em uma população atual que incluiu todos os animais vivos da população da raça (115.757 animais), 53.770 touros e 61.987 vacas, nascidos de setembro de 1998 a dezembro de 2019. Os animais pertencem a 224 rebanhos, oriundos de 22 províncias da Argentina, Paraguai, Uruguai e Austrália. O software ENDOG (v4.8) foi usado para realizar análises demográficas e genéticas para quantificar e rastrear a diversidade de pedigree até os ancestrais. Os índices de fixação ou estatísticas F de Wright descrevem o grau estatisticamente esperado de uma redução na heterozigosidade em comparação com as expectativas de equilíbrio de Hardy-Weinberg. As estatísticas F de Wright foram calculadas seguindo as premissas de Caballero y Toro (Caballero & Toro, 2021). As estatísticas F são as seguintes: F_{IS} (ou F em relação à subpopulação), F_{ST} (correlação entre gametas aleatórios retirados da subpopulação em relação à população total) e F_{IT} (F em relação à população total). O F_{IT} pode ser dividido em F_{ST} devido ao efeito Wahlund (redução da heterozigosidade em uma população causada pela estrutura das subpopulações) e F_{IS} devido à endogamia.

Resultados e Discussão

Ao estudar os parâmetros F de Wright, o F relativo à população total (F_{IT}) foi -0,0001, -0,0002 e -0,0002 e o F relativo à subpopulação (F_{IS}) foi -0,0036, -0,0008 e -0,0003 quando o proprietário / fazenda, província e país foram usados como critérios de diferenciação, respectivamente. A correlação entre os gametas aleatórios extraídos da subpopulação em relação à população total (F_{ST}) foi de 0,0036, 0,0006 e 0,0001, respectivamente (Tabela 1).

Os valores da F_{IS} sugerem que não há altos níveis de endogamia entre as subpopulações, ou seja, os cruzamentos ocorrem principalmente ao acaso. Já os valores de F_{ST} que medem as distâncias genéticas entre as subpopulações foram maiores nos diferentes rebanhos, evidenciando maior diversidade genética, sendo um pouco menor em relação às províncias e menor ainda em relação aos países, o que pode ser explicado pelo crescente mercado de sêmen e embriões de animais da raça Braford entre os quatro países estudados neste trabalho (ABA, 2021). Os valores negativos de F_{IS} e F_{IT} sugerem que existe uma diferença genética entre os animais das subpopulações estudadas, ou seja, existem mais heterozigotos do que homozigotos. Neste trabalho, esses valores foram baixos, já que quanto mais longe de zero, maior o número de homozigotos. Valores muito semelhantes aos do presente trabalho, foram observados por Pezzini et al., (2018) que observaram valores de 0,0015, -0,0027 e -0,0012 para F_{ST} , F_{IS} e F_{IT} respectivamente em animais da raça Crioula Lageana de Santa Catarina, Brasil.

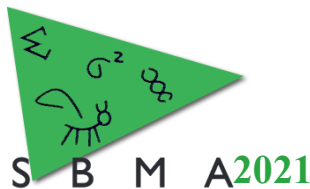


Tabela 1. Estatísticas de fixação de coeficiente de Wright quando o critério de subdivisão por rebanho, província e país de animais da raça Braford da Argentina, Austrália, Paraguai e Uruguai.

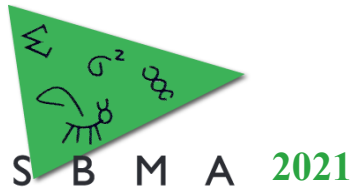
Parâmetros	Rebanho	Província	País
Número de subpopulações predefinidas	224	22	4
F_{IS} (Coeficiente de consanguinidade em relação à subpopulação)	-0.0036	- 0.0008	- 0.0003
F_{ST} (Correlação entre gametas aleatórios retirados da subpopulação em relação à população total)	0.0036	0.0006	0.0001
F_{IT} (Coeficiente de consanguinidade em relação à população total)	-0.0001	- 0.0002	- 0.0002

Conclusão

O parâmetro F_{IT} é considerado um dos melhores indicadores do grau de consanguinidade existente nas populações e em todos os casos estudados é muito baixo, o que indica um maior número de heterozigotos na população. Como há poucas informações sobre a diversidade genética de animais Braford vindos da Austrália para os países da América do Sul, é interessante continuar com esta pesquisa para expandir o conhecimento útil para associações de criadores e proprietários.

Literatura citada

- ABA. 2021. **Asociación Braford Argentina. Mercado de Semen.** Disponível em: <http://www.braford.org.ar/la-raza/>. Acesso em: 04 de agosto de 2021.
- ABS. 2021. **Australian Braford Society. The Braford Breed.** Disponível em: <http://www.braford.org.au>. Acesso em: 10 de agosto de 2021.
- Cardoso F. F., Gomes C. C. G., 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. **Journal of Animal Science**, 93(6), 2693–2705. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-8832>.
- Hidalgo J., Cesarani A., Garcia A., Sumreddee P., Larios N., Mancin E., García J. G., Núñez R., & Ramírez R. 2021. Genetic background and inbreeding depression in romosinuano cattle breed in Mexico. **Animals**, 11(2), 1–20.
- Kamiti D., Ilatsia E., Bett R., & Kahi, A. 2016. Population structure and demographic trends of the registered Sahiwal cattle in Kenya. **Tropical Animal Health and Production**, 48(5), 1029–1036.
- Pezzini T., Mariante A. S., Martins E., Paiva S., Seixas L., Costa Jr J. B., Rolo J. &McManus, C. 2018. Population structure of Brazilian Crioula Lageana cattle (*Bos taurus*) breed. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, 31(2), 93–102.



Associação genética entre dias para o parto e habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos nas raças Hereford e Braford

Rafaela dos Santos Dias^a, Denise Rocha Ayres^a, Mário Luiz Santana Júnior^a, Annaiza Braga Bignardi^a, Roberto Carvalheiro^b, Mário Luiz Piccoli^c, Vanerlei Mozaquatro Roso^c, Rodrigo Junqueira Pereira^{a*}

^a Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Universidade Federal de Rondonópolis, Rondonópolis, MT

^b Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil.

^c GenSys Consultores Associados S/S, Porto Alegre, RS

*Autor correspondente: rodrigo.pereira@ufr.edu.br

Resumo: A habilidade de permanência no rebanho (HPR) e a característica dias para o parto (DPP) são características zootécnicas economicamente importantes. Com o objetivo de estudar a associação genética entre HPR e DPP, foram utilizadas informações das raças Hereford e Braford. Para avaliar HPR, foi observado se as vacas permaneceram no rebanho do segundo ao oitavo parto. Estabeleceu-se o valor fenotípico 1 (sucesso) para fêmeas que tiveram o respectivo parto e 0 (fracasso) para aquelas que não pariram. O fenótipo de DPP foi calculado como a diferença, em dias, entre a data do parto e o início da estação de monta anterior. As estimativas de herdabilidade para a HPR variaram entre 0,05 e 0,08 dependendo do parto avaliado. A estimativa de herdabilidade para a DPP foi de 0,09. A correlação entre os valores genéticos preditos para DPP e HPR no segundo parto foi de -0,27, observando-se certa estabilidade nos partos seguintes. Assim, a capacidade da fêmea em conceber mais precocemente dentro da estação de monta é, possivelmente, uma das características que influenciam a longevidade da fêmea na propriedade e tanto DPP quanto HPR podem ser utilizadas simultaneamente na seleção de matrizes.

Palavras-chave: bovinos Hereford e Braford, correlação genética, dias para o parto, habilidade de permanência no rebanho.

Genetic association between days to calving and stayability to consecutive calvings in Hereford and Braford breeds

Abstract: The stayability (STAY) to consecutive calvings and days to calving (DC) are economically important traits. In order to study the genetic association between STAY and DC, information from Hereford and Braford breeds were used. Phenotypes for STAY were generated, observing whether the cows remained in the herd until the second to the eighth calving. The phenotypic value 1 (success) was established for females that had the respective calving and 0 (failure) for those that did not calve. The DC phenotype was calculated as the difference, in days, between the date of calving and the beginning of the previous breeding season. Heritability estimates for STAY ranged between 0.05 and 0.08 depending on the evaluated calving. The heritability estimate for DC was 0.09. The correlation between the predicted breeding values for DC and STAY until the second calving was -0.27, with certain stability observed in the subsequent calvings. Thus, the female's ability to conceive earlier within the breeding season is, possibly, one of the characteristics that influence female longevity on the herds, and both DC and STAY can be used simultaneously in the selection of cows.

Keywords: days to calving, genetic correlation, Hereford and Braford cattle, stayability.

Introdução

A habilidade de permanência no rebanho (HPR) em partos consecutivos, é uma característica de importância econômica e associada à longevidade da matriz no rebanho. A característica dias para o parto (DPP), está associada à habilidade da fêmea engravidar precocemente ou tardiamente na estação de monta. Vacas com menor DPP tendem a parir em uma época mais favorável e então obter uma reconcepção mais facilitada, tendo uma maior regularidade reprodutiva. Acredita-se que um dos fatores que influenciam na HPR seja justamente a regularidade reprodutiva. Até o momento, nenhum estudo foi realizado no mundo

com o objetivo de verificar se existe associação entre as características HPR em partos consecutivos e DPP. Dado este pressuposto, este estudo foi desenvolvido com o objetivo de compreender melhor a característica HPR e sua possível associação genética com a característica DPP em bovinos de corte das raças Hereford e Braford.

Material e Métodos

Neste estudo, foi utilizado um banco de dados de características produtivas e reprodutivas do Programa de Melhoramento Genético Conexão Delta G. Foram utilizados registros de nascimento e informações fenotípicas de vacas das raças Hereford e Braford. As características estudadas foram a HPR em partos consecutivos e a DPP. Inicialmente foi realizado o controle de qualidade dos dados e em seguida o estudo foi conduzido com informações obtidas entre o segundo e o oitavo parto. Os fenótipos para HPR foram gerados observando se a vaca teve ou não oportunidade de permanecer no rebanho até determinado parto. Estabeleceu-se o valor fenotípico 1 para fêmeas que tiveram o respectivo parto e 0 para aquelas que tiveram a oportunidade e não pariram. Detalhes sobre o processo de atribuição dos fenótipos para HPR podem ser encontrados em Silva et al. (2021). A DPP foi calculada como a diferença entre a data do parto e o primeiro dia da estação de monta anterior ao respectivo parto, sendo considerados fenótipos válidos, valores entre 297 e 405 dias. Foram utilizadas 42.715 informações de DPP de 15.813 vacas e 148.768 informações de HPR provenientes de 25.805 vacas.

Utilizou-se um modelo de regressão aleatória para o ajuste da HPR no intervalo do segundo ao oitavo parto. O modelo utilizado foi:

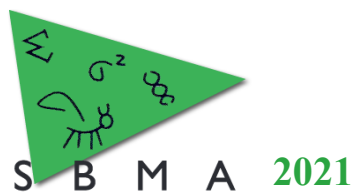
$$y_{ijklt} = GG_{ht} + AE_{it} + IPP_{jt} + \sum_{m=1}^o \beta_{km} \varphi_{mt} + \sum_{m=1}^o \alpha_{lm} \varphi_{mt} + \sum_{m=1}^o \delta_{lm} \varphi_{mt} + \varepsilon_{ijklt},$$

em que y_{ijklt} : é o fenótipo para HPR da vaca l no parto t ; GG_{ht} é o efeito sistemático do grupo genético h no parto t ; AE_{it} é o efeito sistemático da subclasse ano-estação de nascimento i no parto t , sendo definidas quatro classes de estação ao nascimento e ao parto; IPP_{jt} é o efeito sistemático da classe de idade ao primeiro parto j no parto t ; β_{km} são os coeficientes de regressão para o efeito aleatório de cada grupo contemporâneo k ; α_{lm} e δ_{lm} são os coeficientes de regressão para os efeitos aleatórios genético-aditivo e de ambiente permanente de cada vaca l ; φ_{mt} são as covariáveis dos polinômios ortogonais de Legendre para cada coeficiente de regressão no parto t ; o é o número de coeficientes de regressão, sendo utilizados 4 no estudo; e ε_{ijklt} é o erro aleatório associado à observação. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais heterogênea, sendo um componente de variância residual para cada parto. Para a DPP, foram incluídos no modelo como efeitos fixos/sistemáticos: grupo genético, grupo contemporâneo (fazenda-ano-estação e grupo de manejo no parto anterior); mês do parto anterior; tipo de serviço-ano da estação de monta; precocidade; sexos dos bezerros nos partos anterior e atual (que originou a informação de DPP) e, como covariáveis, os efeitos lineares e quadráticos da idade ao parto. Como aleatórios, foram considerados os efeitos genético-aditivo, de ambiente permanente e o resíduo.

As análises, uma para cada característica, foram realizadas por Inferência Bayesiana utilizando-se o programa GIBBS3F90 (MIZSTAL et al., 2002). Posteriormente, os valores genéticos (VGP) e suas respectivas acurácias para cada característica foram estimados com o auxílio o programa BLUPF90 (MIZSTAL et al., 2002). De posse dos VGP (e suas respectivas acurácias), foi aplicado um filtro de modo que só participariam da análise seguinte os animais cuja acurácia do VGP fosse igual ou superior a 0,50. Após o filtro, foram estimadas as correlações entre os VGP para DPP e HPR até os partos 2 a 8.

Resultados e Discussão

As médias de HPR foram de 61,4%, 39,1%, 25,8%, 16,7%, 10,8%, 6,9% e 4,1% para o segundo, terceiro, quarto, quinto, sexto, sétimo e oitavo parto. Estes valores foram inferiores aos encontrados por Silva et al. (2018), analisando HPR em partos consecutivos nas raças Nelore, Guzerá e Tabapuã, e também por Jamrozik et al. (2013), que trabalharam com dados da raça Simental no Canadá. A média e o desvio-padrão observados para a característica DPP foram, respectivamente, 337 e 22,58 dias. Esses valores são superiores aos encontrados por Mercadante et al. (2002), de 328 dias, e Forni et al. (2003), de 304,8 dias para a raça Nelore. Segundo Forni (2003), os níveis de DPP são influenciados pelo manejo adotado no rebanho em questão, especialmente pela duração da estação de monta.



As estimativas de herdabilidade para a HPR variaram entre 0,05 e 0,08, e foram semelhantes às encontradas por Silva et al. (2018) para raças zebuínas e inferiores às relatadas por Jamrozik et al. (2013) para a raça Simental. A estimativa de herdabilidade para a DPP foi de 0,09, valor semelhante aos obtidos por Mercadante et al. (2002) e Forni et al. (2003) para a raça Nelore.

A correlação entre os valores genéticos de DPP e HPR até o segundo parto foi de -0,27, observando-se certa estabilidade nos partos decorrentes (Tabela 1). Apesar desses valores serem relativamente baixos, indicam a possibilidade de ganhos genéticos em longevidade quando se seleciona para redução da DPP.

Tabela 1- Estimativas de correlação, intervalo de confiança a 95% (IC95%) e *p-value* do teste, encontrados para a correlação entre os valores genéticos para DPP e HPR.

EBV*	Estimativa de correlação	IC95%	<i>p-value</i>
EBVb0	-0,28	-0,30 a -0,26	2.2e-16
EBV2	-0,27	-0,29 a -0,25	2.2e-16
EBV3	-0,27	-0,29 a -0,25	2.2e-16
EBV4	-0,27	-0,29 a -0,25	2.2e-16
EBV5	-0,28	-0,29 a -0,26	2.2e-16
EBV6	-0,28	-0,29 a -0,26	2.2e-16
EBV7	-0,27	-0,29 a -0,25	2.2e-16
EBV8	-0,26	-0,28 a -0,24	2.2e-16

*EBVb0 = valor genético predito para o intercepto da característica HPR; EBVi = valor genético predito para a HPR até o parto i.

Conclusão

A característica DPP tem uma associação genética favorável e de baixa magnitude com a HPR em diferentes partos, podendo tais características serem utilizadas em conjunto na seleção de matrizes para melhoria da fertilidade e da longevidade.

Literatura citada

FORNI, S. Análise genética da característica dias para o parto em bovinos da raça Nelore. **Archivo Latino-Americano de Produccion Animal**, v. 11, p. 143-148, 2003.

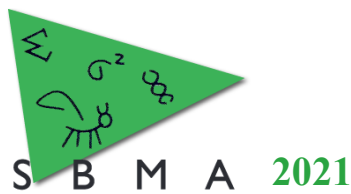
JAMROZIK, J. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para capacidade de permanência em partos consecutivos de Simentais canadenses por modelos de regressão aleatória. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 8, pág. 3634-3643, 2013.

MERCADANTE, M.E.Z.; PARCKER, I.U.; RAZZOK, A.G.; CYRILLO, J.N.S.G.; FIGUEIREDO, L.A. 2002. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento: I - Modelo de repetibilidade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 31, n. 4, 1715-1725.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; et al. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: World Congress On Genetics Applied To Livestock Production. **Montpellier. Proceeding**. Montpellier.

SILVA, D.O.; et al. Parâmetros genéticos para estabilidade a partos consecutivos em bovinos zebuínos. **animal**, v. 12, n. 9, pág. 1807-1814, 2018.

SILVA, D.O.; et al. Análises genéticas da capacidade de permanência a partos consecutivos em bovinos taurinos e mestiços (Bos indicus x Bos taurus). **Livestock Science**, v. 244, p. 104331, 2021.



Associação genética entre idade ao primeiro parto e habilidade de permanência no rebanho em partos consecutivos nas raças Angus e Brangus

Rafaela dos Santos Dias^a, Dalila Ribeiro dos Santos^a, Denise Rocha Ayres^a, Mário Luiz Santana Júnior^a, Annaiza Braga Bignardi^a, Roberto Carneiro^b, Mário Luiz Piccoli^c, Vanerlei Mozaquatro Roso^c, Rodrigo Junqueira Pereira^{a*}

^a Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Universidade Federal de Rondonópolis, Rondonópolis, MT

^b Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil.

^c GenSys Consultores Associados S/S, Porto Alegre, RS

*Autor correspondente: *rodrigo.pereira@ufr.edu.br*

Resumo: A idade ao primeiro parto (IPP) é um parâmetro indicador da precocidade sexual. A característica habilidade de permanência no rebanho (HPR) está relacionada à longevidade funcional da vaca. Com o objetivo de estudar a possível associação genética entre IPP e HPR, foram utilizadas informações das raças Angus e Brangus. As características estudadas foram a IPP de vacas com primeiro parto entre 20 e 42 meses. Para avaliar HPR, foi observado se as vacas permaneceram no rebanho do segundo ao oitavo parto. Assim, cada vaca poderia ter até sete observações repetidas. Estabeleceu-se o valor fenotípico 1 (sucesso) para fêmeas que tiveram o respectivo parto e 0 (fracasso) para aquelas que não pariram. As estimativas de herdabilidade para a HPR variaram entre 0,05 e 0,08, sendo os valores de maior magnitude observados nas ordens de parto mais altas. A estimativa de herdabilidade para a IPP foi de 0,10. As correlações genéticas entre os valores genéticos preditos para a HPR em partos consecutivos e IPP variaram entre -0,28 e -0,20. Estes valores indicam que a capacidade da fêmea em começar a vida reprodutiva mais precocemente, possivelmente, influencia positivamente a longevidade da fêmea no rebanho. Assim, as características IPP e HPR têm uma associação genética favorável, podendo ser utilizadas simultaneamente na seleção de matrizes.

Palavras-chave: bovinos Angus e Brangus, correlação genética, habilidade de permanência no rebanho, idade ao primeiro parto.

Genetic association between age at first calving and stayability to consecutive calvings in Angus and Brangus breeds

Abstract: Age at first calving (AFC) is an indicator of sexual precocity. The trait stayability (STAY) is related to the functional longevity of the cow. In order to study the possible genetic association between AFC and STAY, information from Angus and Brangus breeds was used. The traits studied were the AFC of cows with the first calving between 20 and 42 months. To assess STAY, whether the cows remained in the herd from the second to the eighth calving was observed. Thus, each cow could have up to seven repeated observations. The phenotypic value 1 (success) was established for females with the respective calving and 0 (failure) for those who did not calve. Heritability estimates for the STAY ranged between 0.05 and 0.08, with the higher magnitude values observed in the highest calving orders. The heritability estimate for AFC was 0.10. Genetic correlations between predicted breeding values for STAY to consecutive calvings and AFC ranged between -0.28 and -0.20. These values indicate that the female's ability to start her reproductive life earlier, possibly, positively influences the female's longevity in the herd. Thus, the traits AFC and STAY have a favorable genetic association and can be used simultaneously in the selection of cows.

Keywords: age at first calving, Angus and Brangus cattle, genetic correlation, stayability.

Introdução

Uma boa eficiência reprodutiva associada à longevidade permite maior vida útil das matrizes e maior nascimento de bezerras, características de relevância econômica para a pecuária de corte. A idade ao primeiro parto (IPP) é uma característica utilizada nos programas de melhoramento genético com a finalidade de permitir a melhoria da precocidade sexual nas fêmeas. Por sua vez, a habilidade de permanência no rebanho (HPR) tem sido reportada como uma das características de maior impacto econômico nos rebanhos, e é definida como a probabilidade de a vaca estar presente no rebanho, com partos regulares, até uma idade específica. Até o momento, não foram encontrados na literatura estudos com o objetivo de verificar se existe associação genética entre as características HPR em partos consecutivos

(Jamrozik et al., 2013) e IPP. Assim, o objetivo com o estudo foi compreender melhor a característica HPR e sua possível associação genética com a característica IPP em bovinos de corte das raças Angus e Brangus.

Material e Métodos

Neste estudo, foi utilizado um banco de dados de características produtivas e reprodutivas do Programa de Melhoramento Genético Natura. Foram utilizados registros de nascimento e informações fenotípicas de vacas das raças Angus e Brangus. Após o controle de qualidade, foram utilizadas informações do segundo até o oitavo parto para HPR. Os fenótipos para HPR foram gerados observando se a fêmea pariu ou não, desde que tivesse a oportunidade de parir. Estabeleceu-se o valor fenotípico 1 para fêmeas que tiveram o respectivo parto e 0 para aquelas que não pariram. Detalhes sobre o processo de atribuição dos fenótipos para HPR podem ser encontrados em Silva et al. (2021). A IPP foi calculada como a diferença entre a data do primeiro parto e a data do nascimento. Foram considerados fenótipos válidos de IPP, todos os valores entre 609 e 1.278 dias. Após as consistências, obtiveram-se informações de 42.646 vacas, com 274.508 fenótipos para HPR. Utilizou-se um modelo de regressão aleatória para o ajuste da HPR no intervalo do segundo ao oitavo parto. O modelo utilizado foi:

$$y_{ijklt} = GG_{ht} + AE_{it} + IPP_{jt} + \sum_{m=1}^o \beta_{km} \varphi_{mt} + \sum_{m=1}^o \alpha_{lm} \varphi_{mt} + \sum_{m=1}^o \delta_{lm} \varphi_{mt} + \varepsilon_{ijklt},$$

em que y_{ijklt} : é o fenótipo para HPR da vaca l no parto t ; GG_{ht} é o efeito sistemático do grupo genético h no parto t ; AE_{it} é o efeito sistemático da subclasse ano-estação de nascimento i no parto t , sendo definidas quatro classes de estação ao nascimento e ao parto; IPP_{jt} é o efeito sistemático da classe de idade ao primeiro parto j no parto t ; β_{km} são os coeficientes de regressão para o efeito aleatório de cada grupo contemporâneo k ; α_{lm} e δ_{lm} são os coeficientes de regressão para os efeitos aleatórios genético-aditivo e de ambiente permanente de cada vaca l ; φ_{mt} são as covariáveis dos polinômios ortogonais de Legendre para cada coeficiente de regressão no parto t ; o é o número de coeficientes de regressão, sendo utilizados 4 no estudo; e ε_{ijklt} é o erro aleatório associado à observação. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais heterogênea, sendo um componente de variância residual para cada parto. Para a IPP, foram incluídos no modelo estatístico o grupo contemporâneo (rebanho-ano-estação-grupo de manejo ao nascimento e rebanho-grupo de manejo ao parto) e as heterozoidades individual e materna (efeitos lineares), como efeitos fixos, e os efeitos aleatórios genético-aditivo e residual.

As análises, uma para cada característica, foram realizadas por Inferência Bayesiana utilizando-se o programa GIBBS3F90 (MIZSTAL et al., 2002). Posteriormente, os valores genéticos (VGP) e suas respectivas acurácias para cada característica foram estimados com o auxílio o programa BLUPF90 (MIZSTAL et al., 2002). De posse dos VGP (e suas respectivas acurácias), foi aplicado um filtro de modo que só participariam da análise seguinte os animais cuja acurácia do VGP fosse igual ou superior a 0,50. Após o filtro, foram estimadas as correlações entre os VGP para IPP e HPR até os partos 2 a 8.

Resultados e Discussão

As médias de HPR foram 56,6%, 33,7%, 21,1%, 13,7%, 8,0%, 4,0% e 1,9% para o segundo, terceiro, quarto, quinto, sexto, sétimo e oitavo partos, respectivamente. Valores superiores aos encontrados aqui foram reportados por Silva et al. (2018), analisando HPR em partos consecutivos em raças zebuínas e por Jamrozik et al. (2013), utilizando dados da raça Sime MARTÍNEZ-VELÁZQUEZ, G., GREGORY, K. E., BENNETT, G. L., & VAN VLECK, L. D. 2003. Genetic relationships between scrotal circumference and female reproductive traits. **Journal Of Animal Science**, 81(2), 395-401.

ntal no Canadá. A média e o desvio-padrão observados para a característica IPP foram, respectivamente, 32,8 e 5,0 meses. Valores semelhantes foram encontrados por Dakay et al. (2006) para a raça Angus na Hungria, com 31,1 meses de média e 7,9 meses para o desvio-padrão.

As estimativas de herdabilidade para a HPR variaram entre 0,05 e 0,08, sendo os valores de maior magnitude observados nas ordens de parto mais altas. Estimativas semelhantes foram encontradas por Silva et al. (2018) para raças zebuínas. Por outro lado, estimativas de maior magnitude foram relatadas por Jamrozik et al. (2013) para a raça Simental no Canadá. A estimativa de herdabilidade para a IPP foi de 0,10, valor semelhante ao obtido por Martínez-Velázquez et al. (2003) para uma população multirracial taurina.

A estimativa de correlação entre os valores genéticos preditos para IPP e HPR no segundo parto foi de -0,22 (Tabela 1). Observou-se certa estabilidade das estimativas de correlação ao longo da escala de

partos, com ligeira redução no último parto, sendo no quarto parto onde ocorreu a estimativa de maior magnitude. Estes valores, apesar de relativamente baixos, apontam que a seleção para a redução da IPP acarreta algum ganho genético para HPR em partos consecutivos.

Tabela 1- Estimativas de correlação, intervalo de confiança a 95% (IC95%) e *p-value* do teste, encontrados para a correlação entre os valores genéticos preditos para IPP e HPR.

EBV*	Estimativa de correlação	IC95%	<i>p-value</i>
EBVb0	-0,27	-0,29 a -0,25	2.2e-16
EBV2	-0,22	-0,24 a -0,20	2.2e-16
EBV3	-0,27	-0,29 a -0,25	2.2e-16
EBV4	-0,28	-0,30 a -0,26	2.2e-16
EBV5	-0,27	-0,29 a -0,25	2.2e-16
EBV6	-0,26	-0,28 a -0,24	2.2e-16
EBV7	-0,23	-0,25 a -0,21	2.2e-16
EBV8	-0,20	-0,22 a -0,18	2.2e-16

*EBVb0 = valor genético predito para o intercepto da característica HPR; EBVi = valor genético predito para a HPR até o parto i.

Conclusão

A associação genética estimada entre IPP e HPR em partos consecutivos nessa população é favorável, sendo de magnitude baixa à média. Assim a seleção para a diminuição da idade em que a vaca começa sua vida reprodutiva pode acarretar algum ganho genético na longevidade das vacas dentro do rebanho. A seleção conjunta, para IPP e HPR, pode ser recomendada com o objetivo de melhorar a precocidade reprodutiva e a longevidade.

Literatura citada

DAKAY, I. et al. The age at first calving and the longevity of beef cows in Hungary. **Archives Animal Breeding**, v. 49, n. 5, p. 417-425, 2006.

JAMROZIK, J. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para capacidade de permanência em partos consecutivos de Simentais canadenses por modelos de regressão aleatória. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 8, pág. 3634-3643, 2013.

MISZTAL, I. et al. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: World Congress On Genetics Applied To Livestock Production, **Montpellier. Proceeding..** Montpellier, 2002.

SILVA, D. O. et al. Parâmetros genéticos para estabilidade a partos consecutivos em bovinos zebuínos. **animal**, v. 12, n. 9, pág. 1807-1814, 2018.

SILVA, D. O. et al. Análises genéticas da capacidade de permanência a partos consecutivos em bovinos taurinos e mestiços (Bos indicus x Bos taurus). **Livestock Science**, v. 244, p. 104331, 2021.



Identificação de polimorfismos pleiotrópicos para precocidade sexual em bovinos da raça Nelore

Delvan Alves Silva^{1*}, Thaise Pinto de Melo², Gabriel Soares Campos¹, Alessandra Alves Silva¹, Ivan Carvalho Filho¹, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}, Roberto Carneiro^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Rurais, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, Brasília, DF, Brasil.

*Autor correspondente: delvanzsilva@gmail.com

Resumo: O objetivo deste estudo foi realizar uma meta-análise multi-característica para identificar polimorfismos (SNP) pleiotrópicos em características de precocidade sexual em bovinos Nelore. As características consideradas foram idade ao primeiro parto (IPP), perímetro escrotal (PE) e probabilidade de prenhez aos 18 meses (PP18). Análises de associação genômica ampla em passo único (ssGWAS) para cada característica foram realizadas para predição dos efeitos dos SNPs com os respectivos *p*-valores. Posteriormente, um estudo de meta-análise baseado no método multi-característica foi realizado. Um total de 723, 58 e 1.803 SNPs significativos foram observados nas análises de ssGWAS para IPP, PE e PP18, respectivamente. Um total de 2.373 SNPs significativos foram observados por meio da meta-análise, sendo que 43,7% dos SNPs foram selecionados apenas nesta abordagem. Um dos SNPs mais significativos localizado no cromossomo 14 está associado a importantes genes relacionados a características reprodutivas, tal como o *PLAG1*. Portanto, novos SNPs significativos associados a características de precocidade sexual foram identificados por meio de estudo de meta-análise multi-característica. Portanto, regiões genômicas pleiotrópicas afetando a precocidade sexual foram identificadas usando meta-análise multi-característica. A maioria dos SNPs pleiotrópicos observados na meta-análise multi-característica foram também observados nas análises de ssGWAS.

Palavras-chave: *Bos indicus*, meta-análise, pleiotropismo, precocidade sexual

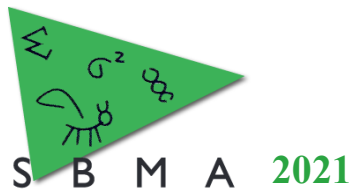
Identification of pleiotropic polymorphisms for sexual precocity in Nelore cattle

Abstract: The aim of this study was to perform a multi-trait meta-analysis to identify pleiotropic polymorphisms (SNP) in sexual precocity traits in Nelore cattle. The traits age at first calving (AFC), scrotal circumference (SC), and early pregnancy at 18 months (EP), were used. Single-step genomic-wide association (ssGWAS) for each trait was performed to predict the SNPs effects with respective *P*-values. After, a multi-trait meta-analysis study was performed. A total of 723, 58, 1,803 significant SNPs were observed with the ssGWAS for IPP, PE, and PP18, respectively. In meta-analyses study, 2,373 significant SNPs were observed. About 43.7% of the significant SNPs with the meta-analysis were not significant in the ssGWAS. One of the most significant SNPs is on chromosome 14, highlighting an important region with genes associated with reproductive traits such as *PLAG1*. Therefore, pleiotropic genomic regions affecting sexual precocity were identified using multi-trait meta-analysis. Most of the pleiotropic SNPs observed in the multi-trait meta-analysis were also observed in the ssGWAS analyses.

Keywords: *Bos indicus*, meta-analysis, pleiotropism, sexual precocity.

Introdução

Bovinos Nelore são amplamente utilizados na pecuária de corte no Brasil, principalmente por apresentarem características que favorecem a criação desses animais em regiões tropicais, tais como tolerância ao estresse térmico, à baixa qualidade nutricional e a infestação por endo e ectoparasitas. Apesar da rusticidade, esses animais são caracterizados pela puberdade tardia quando comparados com bovinos de raças taurinas. Diante disso, as características relacionadas à precocidade sexual, como idade ao primeiro parto, circunferência escrotal e a ocorrência de prenhez precoce, passaram a ser consideradas como critérios de seleção em programas de melhoramento genético. Diversos estudos têm demonstrado que a seleção para características reprodutivas contribui para um retorno econômico mais rápido na pecuária.



O uso das informações genômicas em análises de associação genômica ampla (GWAS) tem possibilitado identificar regiões do genoma que estão relacionadas à expressão das características reprodutivas e melhorar a compreensão dos mecanismos genéticos que afetam essas características. Nesse contexto, a identificação de polimorfismos pleiotrópicos pode ser realizada por meio de estudos de GWAS usando meta-análise, possibilitando a identificação de regiões e/ou genes candidatos associados com mais de uma característica (Bolormaa et al., 2014; Melo et al., 2018). Portanto, objetivou-se realizar um estudo de meta-análise multi-característica para identificar polimorfismo pleiotrópicos em características de precocidade sexual em bovinos Nelore.

Material e Métodos

Um total de 224.219, 531.579 e 166.842 registros fenotípicos, para idade ao primeiro parto (**IPP**), perímetro escrotal (**PE**) e probabilidade de prenhez aos 18 meses (**PP18**), respectivamente, provenientes da base de dados Aliança Nelore foram utilizados. Os animais foram criados em pastagem tropical em diferentes rebanhos comerciais localizados nas regiões sudeste, centro-oeste, nordeste e norte do Brasil e no Paraguai. Além disso, um total de 25,000 animais com genótipos imputados para o chip de alta densidade da Illumina Bovine HD (777.962 SNP) também foram incluídos nas análises.

As análises de associação genômica ampla em passo único (**ssGWAS**) foram realizadas considerando um modelo animal para predição dos valores genéticos genômicos e dos efeitos dos SNP com os respectivos *p*-valores de acordo com Aguilar et al. (2019). O modelo utilizado para todas as características é representado matricialmente por: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$, onde, \mathbf{y} é o vetor das observações fenotípicas, $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor para os efeitos fixos considerados para cada características, \mathbf{a} é o vetor para o efeito aleatório genético aditivo, \mathbf{e} o efeito residual e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência. Assumiu-se $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{H}\sigma_a^2)$ e $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, em que σ_a^2 é a variância genética aditiva, σ_e^2 é a variância residual, \mathbf{H} é a matriz de parentesco combinando o parentesco genômico e tradicional e \mathbf{I} é uma matriz identidade, respectivamente. As análises foram realizadas considerando os programas da família BLUPF90 (Miszta et al., 2002).

O estudo de meta-análise foi realizado utilizando o método multi-característica proposto por Bolormaa et al. (2014). Este método refere-se a um teste estatístico seguindo uma distribuição χ^2 com *n* graus de liberdade, onde $n = 3$ é o número de características incluídas na meta-análise, que é calculada como: $\chi^2 = \mathbf{t}_i' \mathbf{V}^{-1} \mathbf{t}_i$, em que: $\mathbf{t}_i = \mathbf{u}_i / \text{SE}(\mathbf{u}_i)$, onde \mathbf{u}_i é um vetor com os efeitos dos SNPs para cada característica, $\text{SE}(\mathbf{u}_i)$ é o erro-padrão de \mathbf{u}_i e \mathbf{V}^{-1} é a matriz inversa da matriz de correlação entre os *t*-valores das características incluídas na meta-análise, de ordem $n \times n$. Apenas variantes em comum (429.888) entre as diferentes características foram consideradas nas análises. Os SNPs significativos foram selecionados considerando a taxa de falsos positivos (FDR) menor que 0,05.

Resultados e Discussão

O limiar para os *p*-valores significativos, baseado no $-\log_{10}(p)$, utilizado na análise de GWAS foram 4,08, 5,18, 3,78 para IPP, PE e PP18, respectivamente, e 3,56 para a meta-análise. Um total de 723, 58, 1.803 SNPs significativos (Figura 1A, B e C) foram selecionados nas análises de ssGWAS para IPP, PE e PP18, respectivamente. Na meta-análise foram selecionados 2.373 SNPs significativos (Figura 1D).

Entre os SNPs significativos na meta-análise, 56,3% também foram significativos nas análises de ssGWAS, indicando que possíveis SNPs com efeitos pleiotrópicos já estavam sendo identificados nas análises de GWAS para cada característica separadamente. Por outro lado, uma proporção considerável (43,7%) de SNPs que podem estar em desequilíbrio de ligação com QTLs pleiotrópicos foram identificados somente ao considerar a meta-análise multi-característica.

Dentre os SNPs selecionados com a meta-análise (Figura 1D), destacam-se aqueles de maior significância localizados nos cromossomos 2, 7 e 14, os quais têm sido associados a importantes genes relacionados com características reprodutivas. Entre eles destacam-se os genes *COBLL1*, *GRB14* no cromossomo 2, o gene *EBF1* no cromossomo 7, e os genes *LYN*, *RPS20*, *MOS*, *PLAG1*, *CHCHD7*, *SDR16C5*, *SDR16C6*, no cromossomo 14. Vários desses genes têm sido reportados em estudos preliminares (Melo et al., 2018), como o gene *PLAG1* que tem sido descrito como um importante regulador do crescimento e reprodução. Esses genes podem ser usados em estudos genômicos funcionais para melhor compreender os aspectos genéticos relacionados às características reprodutivas.

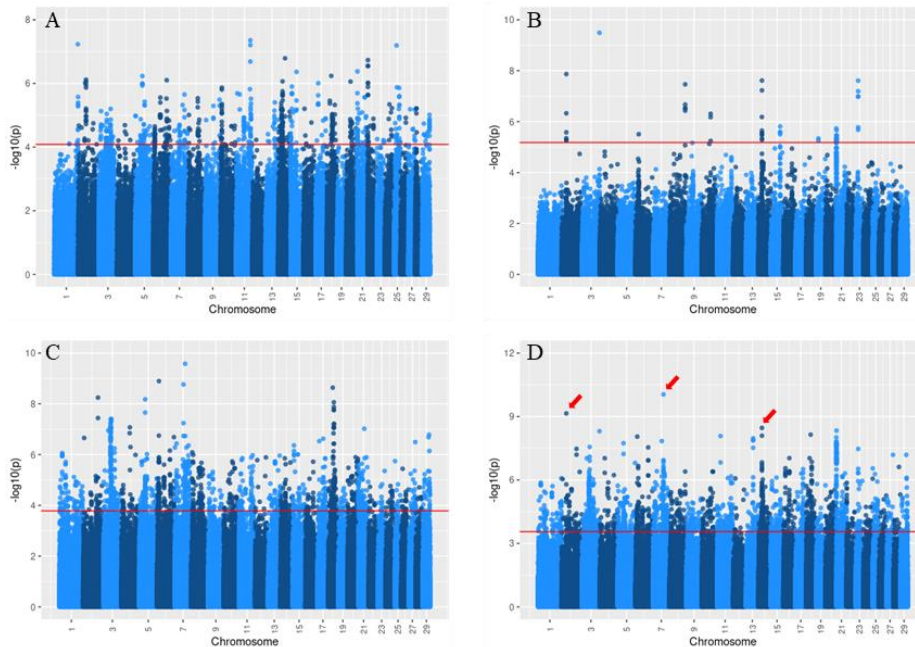


Figura 1. Manhatan plot representando os SNPs significativos das análises de associação genômica ampla em passo único para as características de idade ao primeiro parto (A), perímetro escrotal (B), probabilidade de prenhez aos 18 meses (C) e do estudo de meta-análise (D) com destaque para os três SNPs com maior significância (setas vermelhas).

Conclusão

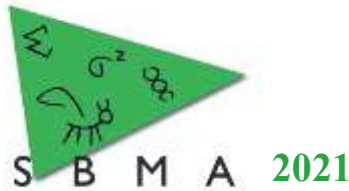
Regiões genômicas pleiotrópicas afetando a precocidade sexual foram identificadas usando meta-análise multi-característica. A maioria dos SNPs pleiotrópicos observados na meta-análise multi-característica foram também observados nas análises de ssGWAS.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, nº 88887.473417/2020-00), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo auxílio financeiro e aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore (www.gensys.com.br) por disponibilizarem os dados.

Literatura citada

- Aguilar, I., Legarra A., Cardoso F., Masuda Y., Lourenco D. & Misztal I. 2019. Frequentist p-values for large-scale-single step genome-wide association, with an application to birth weight in American Angus cattle. **Genetic Selection Evolution**, 51, 1-8.
- Bolormaa, S., Pryce J.E., Reverter A., Zhang Y., Barendse W., Kemper K., Tier B., Savin K., Hayes B.J. & Goddard M.E. 2014. A Multi-Trait, Meta-analysis for Detecting Pleiotropic Polymorphisms for Stature, Fatness and Reproduction in Beef Cattle. **PLoS Genetics**, 10, e1004198.
- Melo, T.P., Fortes M.R.S., Bresolin T., Mota L.F.M., Albuquerque L.G. & Carvalheiro R. 2018. Multitrait meta-analysis identified genomic regions associated with sexual precocity in tropical beef cattle. **Journal of Animal Science**, 96, 4087-4099.
- Misztal, I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T. & Lee D. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Anais... in Proc. 7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 2002, Montpellier, France.



Efeitos da heterose e recombinação sobre características de carcaça, medidas por ultrassonografia de bovinos compostos Montana Tropical®

José Bento Sterman Ferraz¹, Joanir Pereira Eler¹, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira¹, Fernando de Oliveira Bussiman¹, Gabriela Giacomini², João Luis Oliveira², Yuri Farjala³, Rafael Nuñez Dominguez⁴, Luis Telo da Gama⁵

¹Núcleo de Melhoramento Animal, Biotecnologia e Transgenia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo

²Associação Internacional de Criadores de Montana

³Aval Servicios Tecnológicos S/S.

⁴Universidad Autónoma de Chapingo, México

⁵Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa, Portugal

*Autor correspondente: jbferraz@usp.br

Resumo: Os estudos de genética ligados às características de carcaça, medidas por ultrassonografia são raros em bovinos compostos. Os efeitos recombinação têm sido ignorados, por décadas, nas avaliações genéticas de populações de bovinos de corte compostos ou programas de cruzamento. Neste trabalho, com cerca de 12.000 animais fenotipados, do programa Composto Montana Tropical®, que têm informações de pedigree e composição racial, foi verificado que, na maioria das vezes, esses efeitos são opostos aos efeitos de heterose e foram considerados estatisticamente significativos em quase todas as características analisadas e sua inclusão nas análises de predição de valores genéticos aditivos poderá causar alterações nos componentes de variância e na ordenação dos animais quanto às diferenças esperadas de progênie.

Palavras-chave: bovinos compostos, bovinos de corte, crescimento, heterose, pecuária de corte, recombinação.

Heterosis and recombination effects on carcass traits in Montana Tropical beef composite

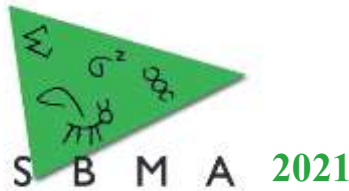
Abstract: Recombination effects have been ignored for decades in genetic analysis of composite or crossbred beef cattle populations. In this research, around 12,000 phenotyped animals from the Montana Tropical Composite cattle, a Brazilian program, where all animals have pedigree and breed composition information were analyzed and we report that recombination, in many carcass traits, had opposite effects relative to heterosis, and it was statistically significant. The inclusion of recombination effects in the models of genetic analysis for prediction of additive breeding values could result in changes of variance components and in the ranking of animals, based on expected progeny differences.

Key words: composite cattle, beef cattle, growth, heterosis, beef industry, recombination

Introdução

Os estudos sobre variabilidade genética envolvida em características de carcaça, medidas por ultrassonografia, em populações de bovinos compostos são raros em ambiente tropical. Essas análises, destinadas à predição de valores genéticos aditivos, visando auxiliar nos processos seletivos, em geral consideram os efeitos de raças ou de tipos biológicos e os efeitos de heterose direta e materna como covariáveis, mas não os efeitos de recombinação. Conceitos básicos de genética, como a recombinação dos efeitos dos genes, que ocorrem na formação dos gametas, tanto diretamente nos animais, como na parte materna têm sido desconsiderados por décadas, mas seu estudo tem sido destacado nos últimos anos.

A oportunidade de incluir um fator tão importante como o efeito de recombinação nesse tipo de análise, surgiu com uma população de bovinos de corte compostos, estabelecida no Brasil em 1994, com o objetivo de fornecer ao mercado animais com a maior parcela de retenção de heterose possível, onde todos os animais têm sua composição racial conhecida e que tem uma quantidade expressiva de medições realizadas com uso da ultrassonografia, se mostrou ideal para estudar as consequências da introdução dos



efeitos de recombinação sobre as características de carcaça, medidas por ultrassonografia, objetivo desta pesquisa.

Material e Métodos

A população estudada é oriunda do programa Composto Montana Tropical[®], iniciado em 1994, uma população criada sob rígidos controles zootécnicos, com escrituração completa de genealogia, composição racial e registros de produção de várias características economicamente relevantes ligadas às necessidades da pecuária de corte brasileira. As descrições da formação do programa e dos modelos de suas análises genéticas foram descritas por Ferraz *et al.* (1999a e b).

As características de carcaça, foram medidas por ultrassonografia, por serviços contratados de técnicos devidamente qualificados e certificados.

O banco de fenótipos medidos por ultrassonografia é descrito na Tabela 1.

Tabela 1. Estatísticas descritivas do banco de dados de medições por ultrassonografia na população de bovinos do programa Composto Montana Tropical[®]

Característica	N	Média	Desvio-padrão
Área de Olho de Lombo (AOL, cm ²)	12.711	61,25	14,07
Espessura de Gordura Subcutânea (EGS, mm)	11.684	2,88	1,33
Espessura de Gordura na picanha (EGP, mm)	11.944	3,84	2,15
Marmoreio (Marm, %)	4.013	2,93	1,14
Idade à medida com ultrassonografia (dias)	12.585	578,47	54,0
Número de grupos de contemporâneos	58		

Para fins de análise e diminuição do número de covariáveis e evitar confundimentos, o controle da composição racial foi agrupado segundo os tipos biológicos N (zebuínos), A (taurinos adaptados ao ambiente tropical), B (Taurinos de origem britânica) e C (taurinos de origem continental), tal como utilizado no USDA/MARC em Clay Center, Nebraska e segundo o descrito por Gregory *et al* (1985) e Cundiff *et al.* (1999). Os coeficientes de heterose geral e materna e de recombinação direta e materna foram calculados, para cada indivíduo, considerando as composições raciais de seus pais, segundo proposta de Dickerson (1969) e usando as fórmulas propostas por VanRaden e Sanders (2003). A análise das influências dos diferentes efeitos nas características de carcaça consideradas foram executadas pelo procedimento HPMIXED (*High Performance Mixed Models Analysis*) do conjunto de programas SAS 9.4, segundo o modelo que considerou os efeitos do grupo de contemporâneos e as covariáveis idade da mãe (efeitos lineares e quadráticos), idade do animal, efeitos dos tipos biológicos diretos e maternos N,A,B e C e da heterose média individual e materna, além da recombinação individual e materna.

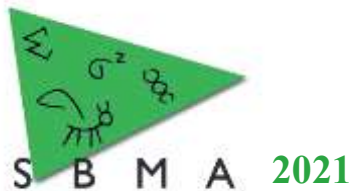
Resultados e Discussão

Para facilidade de interpretação, os resultados foram expressos em percentual, em relação á média da característica, que é informada, juntamente com o nível de significância de cada efeito, na Tabela 2.

A análise detalhada da Tabela 2 sugere que não existe um padrão bem definido dos efeitos de heterose direta e materna, pois os efeitos diretos são positivos para as quatro características analisadas, embora estatisticamente significativos apenas para EGS e EGP.

Já os efeitos de recombinação diretos foram estatisticamente significativos apenas para AOL, ao tempo que os efeitos de recombinação materna foram importantes apenas para EGP.

Esses resultados que não demonstraram um padrão definido, não coincidem com o que Dickerson (1969) denominou de *recombination loss*, conceito, mais tarde alterado para *recombination effects* exatamente porque nem sempre eram antagônicos aos efeitos da heterose. De qualquer maneira, com este estudo, ainda que realizado com um número não muito grande de observações, não ficou demonstrado que esses efeitos são importantes para as características de carcaça consideradas. A predição dos valores genéticos aditivos é o critério de seleção de praticamente todos os programas de melhoramento de gado de corte de populações multirraciais do mundo. A introdução dos efeitos de recombinação nos modelos de



análise genética, em adição aos efeitos de heterose direta e materna já utilizados, não deverá causar variações importantes tanto nos componentes de variância, quanto na ordenação dos animais no que tange às características de carcaça, medidas através da utilização de ultrassonografia.

Tabela 2. Média e efeitos percentuais de heterose direta e materna e recombinação direta e materna sobre características de carcaça, medidas por ultrassonografia, em bovinos do programa Composto Montana Tropical®

Característica	Média	Heterose direta	Heterose materna	Recombinação direta	Recombinação Materna
AOL, cm ²	61,25	2,15 ^{NS}	-0,53 ^{NS}	3,58**	-1,43 ^{NS}
EGS, mm	2,88	12,08***	-3,85 ^{NS}	3,99 ^{NS}	-3,55 ^{NS}
EGP, mm	3,84	15,74***	-4,58 ^{NS}	-2,00 ^{NS}	-5,69**
Marmoreio, %	2,93	5,91 ^{NS}	-7,32*	8,33 ^{NS}	0,04 ^{NS}

AOL – área de olho de lombo; EGS – espessura de gordura subcutânea; EGP – espessura de gordura na picanha; Marmoreio - nível de gordura entremeada no contrafilé. Níveis de significância estatística:

^{NS} - não significativos, * p≤0,05 ; ** p≤0,01; *** p≤0,001

As próximas etapas deste trabalho, que estão em pleno desenvolvimento, em cooperação com vários centros de pesquisa internacionais, serão, exatamente, analisar esses impactos em análises mais complexas, que incluem os efeitos aleatórios de reprodutores e matrizes, bem como a inclusão dos efeitos de recombinação nas análises realizadas com a incorporação de informações sobre os genótipos de uma amostra de animais. Outra implicação que deverá ser estudada será verificar o impacto dessa incorporação na acurácia das predições de valor genético aditivo e, conseqüentemente, nas previsões de ganho genético.

Conclusão

No caso das características de carcaça, mensuradas com o uso de ultrassonografia, os efeitos de recombinação não se mostraram de importância capital e sua inclusão nas análises de predição de valores genéticos aditivos não deverá causar importantes alterações nos componentes de variância e na ordenação dos animais quanto a esses valores

Agradecimentos

Agradecemos à Associação Internacional de Criadores de Montana e à Capes (Brasil), bolsa Capes/Print, processo 88887.571363/2020-00, Código de Financiamento 001

Literatura citada

Artigos:

Cundiff, L. V.; Gregory, K. E. What is systematic crossbreeding. In: Cattlemen's College, 1999 Cattle Industry Annual Meeting and Trade Show, National Cattlemen's Beef Association. Charlotte, NC. 1999.

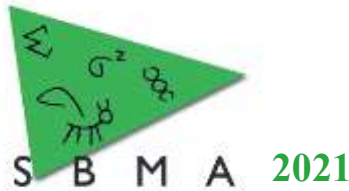
Dickerson, G. Experimental Approaches in Utilising Breed Resources. Animal Breeding Abstracts, v. 37, p:191-202, 1969.

Ferraz, J. B. S.; Eler, J.P.; Golden, Bruce L. A formação do composto Montana Tropical. Revista Brasileira de Reprodução Animal. , v.23, p.115 - 117, 1999a.

Ferraz, J. B. S.; Eler, J.P.; Golden, Bruce L. Análise genética do composto Montana Tropical. Revista Brasileira de Reprodução Animal. , v.23, p.111 - 113, 1999b.

Gregory, K. E. ; Trail, J. C. M.; Marples, H. J. S.; Kakong, J. Characterization of breeds of *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle for maternal and individual traits. Journal of Animal Science, v. 60, n. 5, p. 1165–1174, 1985.

VanRaden, P.M.; Sanders, A. H. Economic Merit of Crossbred and Purebred US Dairy Cattle. J. Dairy Sci. v.86, p.1036–1044, 2003.



Efeitos da heterose e recombinação sobre características de crescimento de bovinos compostos Montana Tropical®

José Bento Sterman Ferraz¹, Joanir Pereira Eler¹, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira¹, Fernando de Oliveira Bussiman¹, Gabriela Giacomini², João Luis Oliveira², Rafael Nuñez Dominguez³, Luis Telo da Gama⁴

¹Núcleo de Melhoramento Animal, Biotecnologia e Transgenia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo

²Associação Internacional de Criadores de Montana

³Universidad Autónoma de Chapingo, México

⁴Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa, Portugal

*Autor correspondente: jbferraz@usp.br

Resumo: Os efeitos de recombinação têm sido ignorados, por décadas, nas avaliações genéticas de populações de bovinos de corte compostos ou programas de cruzamento. Neste trabalho, com cerca de 400.000 animais fenotipados, da população do programa Composto Montana Tropical®, que têm informações de pedigree e composição racial, foi verificado que, na maioria das vezes, esses efeitos são opostos aos efeitos de heterose e foram considerados estatisticamente significativos em quase todas as características analisadas. A inclusão dos efeitos de recombinação nas análises de predição de valores genéticos aditivos poderá causar alterações nos componentes de variância e na ordenação dos animais quanto às diferenças esperadas de progênie.

Palavras-chave: bovinos compostos, bovinos de corte, crescimento, heterose, pecuária de corte, recombinação.

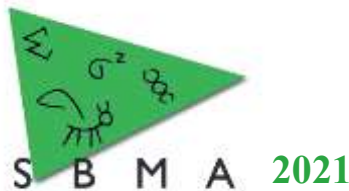
Heterosis and recombination effects on growth traits in Montana Tropical beef composite

Abstract: Recombination effects have been ignored for decades in genetic analysis of composite or crossbred beef cattle populations. In this research, that used a population of around 400,000 measured animals from the Montana Tropical Composite cattle, a Brazilian program where all animals have pedigree and breed composition information, we report that recombination, in almost all growth traits considered, had opposite effects relative to heterosis, and it was statistically significant. The inclusion of recombination effects on the models of genetic analysis for prediction of additive breeding values could result in changes of variance components and in the ranking of animals based on expected progeny differences.

Key words: composite cattle, beef cattle, growth, heterosis, beef industry, recombination

Introdução

Os estudos sobre variabilidade genética de populações compostas são utilizados em várias espécies animais e vegetais, desde o início da genética aplicada, sobretudo a partir dos anos 1940. Em bovinos de corte os modelos de análises genéticas, com predição de valores genéticos aditivos, destinados a auxiliar nos processos seletivos, consideram os efeitos de raças ou de tipos biológicos e os efeitos de heterose direta e materna. Conceitos básicos de genética, como a recombinação dos efeitos dos genes, que ocorrem na formação dos gametas, tanto diretamente nos animais, como na parte materna, têm sido desconsiderados por décadas, mas seu estudo tem sido destacado nos últimos anos. Desta forma, uma população de bovinos de corte compostos, estabelecida no Brasil em 1994, com o objetivo de fornecer ao mercado animais com a maior parcela de retenção de heterose possível, onde todos os animais têm sua composição racial conhecida, se mostra ideal para estudar as consequências da introdução dos efeitos de recombinação sobre as características de crescimento, tendo esse fato se tornado o objetivo deste trabalho.



Material e Métodos

A população estudada é oriunda do programa Composto Montana Tropical[®], uma população criada sob rígidos controles zootécnicos, com escrituração completa de genealogia, composição racial e registros de produção de várias características economicamente relevantes ligadas às necessidades da pecuária de corte brasileira. As descrições da formação do programa e dos modelos de suas análises genéticas foram descritas por Ferraz *et al.* (1999a e b).

Devido ao elevado número de raças envolvidas no programa, para fins de análise, o controle da composição racial foi agrupado segundo os tipos biológicos N (zebuínos), A (taurinos adaptados ao ambiente tropical), B (Taurinos de origem britânica) e C (taurinos de origem continental), tal como utilizado no USDA/MARC em Clay Center, Nebraska e segundo o descrito por Gregory *et al.* (1985) e Cundiff *et al.* (1999).

Os coeficientes de heterose e de recombinação individual e materna foram calculados segundo proposta de Dickerson (1969) segundo fórmulas de VanRaden e Sanders (2003). A análise das influências dos diferentes efeitos nos caracteres produtivos considerados foram executadas pelo procedimento HPMIXED (*High Performance Mixed Models Analysis*) do conjunto de programas SAS 9.4, segundo o modelo que considerou os efeitos grupo de contemporâneos e as covariáveis idade da mãe (efeitos lineares e quadráticos), idade do animal (com exceção de peso ao nascer), efeitos dos tipos biológicos diretos e maternos N, A, B e C e da heterose média individual e materna, além da recombinação individual e materna.

Resultados e Discussão

Para facilidade de interpretação, os resultados foram expressos em percentual, em relação à média da característica, que é informada, juntamente com o nível de significância de cada efeito, na Tabela 1.

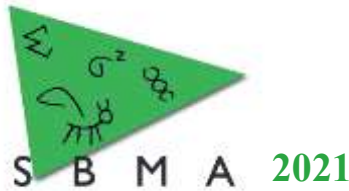
Tabela 1. Número de observações (N), média e efeitos percentuais de heterose e recombinação individual e materna sobre características de crescimento de bovinos compostos Montana Tropical

Característica	N	Média	Heterose individual	Heterose materna	Recombinação individual	Recombinação Materna
Peso ao nascer, kg	367.518	33,7	4,07***	2,01***	-1,41****	-0,79***
Peso à desmama, kg	386.962	194,4	16,36***	11,43***	-14,77***	-5,96***
Ganho de peso pós desmama, kg	149.938	77,1	8,39***	-2,55***	-7,07***	1,65***
Peso aos 12 meses, kg	153.646	272,7	7,31***	2,44***	-4,41***	-0,76***
Perímetro escrotal, cm	56.444	28,5	3,87***	0,77***	-0,13 ^{NS}	-0,65*
Musculosidade aos 12 meses, escore	135.975	4,29	5,39***	1,44***	-7,55***	-0,02 ^{NS}
Resistência a ectoparasitas, escore	52.880	4,06	1,58**	0,20 ^{NS}	2,38***	-0,50 ^{NS}
Comprimento da bainha prepucial, escore	123.083	2,05	7,67***	1,29 ^{NS}	-7,39***	-1,16 ^{NS}

Níveis de significância: ^{NS}- estatisticamente não significativo; * - $p \leq 0,05$; ** - $p \leq 0,01$; *** - $p \leq 0,001$

A análise detalhada da Tabela 1 indica que, tanto para a heterose como para a recombinação, os efeitos individuais são maiores que os efeitos maternos em todos os casos, mas também que os efeitos de recombinação são geralmente contrários aos efeitos de heterose. A única exceção a esse padrão foi a resistência a ectoparasitas, que é uma característica medida de forma subjetiva em escores visuais, variando de 1 (muita infestação) a 6 (infestação ausente ou mínima), sem muita padronização do momento da medição.

Esse fato, de efeitos de recombinação serem antagônicos aos efeitos da heterose, já havia sido descrito por Dickerson (1969) que os denominou de *recombination loss*, conceito mais tarde alterado para *recombination effects* exatamente porque nem sempre eram antagônicos aos efeitos da heterose. De



qualquer maneira, com este estudo demonstrando que os efeitos de recombinação existem e têm significância estatística, evidencia-se que se faz necessária a sua introdução nos modelos de análise genética e predição dos valores genéticos aditivos, critério de seleção de praticamente todos os programas de melhoramento de gado de corte de populações multirraciais do mundo.

No entanto, essa inclusão poderá causar alterações tanto nos componentes de variância e parâmetros genéticos, quanto na predição desses valores genéticos ou diferenças esperadas na progênie dos animais de uma dada avaliação genética, especialmente nos animais classificados com valores de avaliação intermédios, próximos aos pontos que separam animais que serão escolhidos como reprodutores dos animais de descarte.

As próximas etapas deste trabalho, que estão em pleno desenvolvimento, em cooperação com vários centros de pesquisa internacionais, será, exatamente, analisar esses impactos em análises mais complexas, que incluam os efeitos aleatórios de reprodutores e matrizes, bem como a inclusão dos efeitos de recombinação nas análises realizadas com a incorporação de informações sobre os genótipos de uma amostra de animais. As análises também serão estendidas a outras características, como de qualidade de carcaça e características reprodutivas. Outra implicação que deverá ser estudada será verificar o impacto dessa incorporação na acurácia das predições de valor genético aditivo e, conseqüentemente, nas previsões de ganho genético por ano do programa de seleção.

Conclusão

Os efeitos recombinação são, na maioria das vezes, opostos aos efeitos de heterose e são estatisticamente significativos em quase todas as características analisadas. A inclusão dos efeitos de recombinação nas análises de predição de valores genéticos aditivos poderá causar alterações nos componentes de variância e na ordenação dos animais quanto a esses valores. Os nossos resultados indicam que os efeitos de recombinação são mais importantes nas características de desenvolvimento ponderal, de importância um pouco menor em musculosidade, resistência a ectoparasitas e comprimento da bainha escrotal e de pequena importância na análise de perímetro escrotal. A incorporação dos efeitos de recombinação poderá trazer importantes aperfeiçoamentos nos modelos de análise de bovinos compostos.

Agradecimentos

Agradecemos à Associação Internacional de Criadores de Montana e à Capes (Brasil), bolsa Capes/Print de Professor Visitante Sênior no Exterior, processo 88887.571363/2020-00, Código de Financiamento 001

Literatura citada

Artigos:

Cundiff, L. V.; Gregory, K. E. What is systematic crossbreeding. In: Cattlemen's College, 1999 Cattle Industry Annual Meeting and Trade Show, National Cattlemen's Beef Association. Charlotte, NC. 1999.

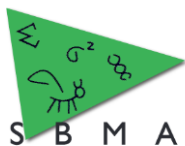
Dickerson, G. Experimental Approaches in Utilising Breed Resources. *Animal Breeding Abstracts*, v. 37, p:191-202, 1969.

Ferraz, J. B. S.; Eler, J.P.; Golden, Bruce L. A formação do composto Montana Tropical. *Revista Brasileira de Reprodução Animal.* , v.23, p.115 - 117, 1999a.

Ferraz, J. B. S.; Eler, J.P.; Golden, Bruce L. Análise genética do composto Montana Tropical. *Revista Brasileira de Reprodução Animal.* , v.23, p.111 - 113, 1999b.

Gregory, K. E. ; Trail, J. C. M.; Marples, H. J. S.; Kakong, J. Characterization of breeds of *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle for maternal and individual traits. *Journal of Animal Science*, v. 60, n. 5, p. 1165–1174, 1985.

VanRaden, P.M.; Sanders, A. H. Economic Merit of Crossbred and Purebred US Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* v.86, p.1036–1044, 2003.



Habilidade de predição genômica do cromossomo X sobre característica perímetro escrotal em bovinos da raça Nelore

Marina Ribeiro Araújo Santos^{1*}, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹, Iara Del Pilar Solar Diaz¹, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Isis da Costa Hermisdorff¹, Ingrid Bulhões Pimenta¹, Caio Victor Damasceno Carvalho², Lucia Galvão de Albuquerque³, Raphael Bernal Costa¹

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Universidade Federal do Oeste da Bahia (UFOB), Barra, BA, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: marisantos_zootec@hotmail.com

Resumo: Objetivou-se avaliar eficiência de predição do cromossomo X sobre característica perímetro escrotal em rebanho de bovinos da raça Nelore. Os animais utilizados neste estudo integram os programas de melhoramento genético da DeltaGen®. Para a identificação dos genes foi utilizado o painel de alta densidade *Illumina Bovine HD assay* (Illumina Inc., San Diego, CA, USA). A metodologia do *Single-step* foi utilizada para a obtenção dos valores genômicos dos animais. A predição genômica para PE foi realizado considerando dois cenários: 1) apenas marcadores autossômicos ou 2) marcadores autossômicos + do cromossomo X. Para avaliar o efeito da inclusão do cromossomo X na seleção, as respostas à seleção foram realizadas comparando incluir ou não o cromossomo X na avaliação. As diferenças das densidades *a posteriori* das estimativas de herdabilidade foram superiores para análises que incluíram o cromossomo X. Houve redução percentual em um pouco mais de 7% nos valores genômicos médio dos animais selecionados, nos resultados de análises que não incluiu o cromossomo X. A habilidade de predição dos valores genéticos dada pela correlação de Pearson foi igual a 0,79. Estas estimativas evidenciam que a inclusão do cromossomo X na análise pode melhorar predição dos valores genômicos para PE.

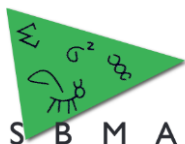
Palavras-chave: bovinos de corte, eficiência reprodutiva, SNP, seleção genômica, zebuino.

Genomic prediction ability of the X chromosome on scrotal circumference traits in Nelore cattle

Abstract: This study aims to evaluate the X chromosome prediction efficiency for scrotal perimeter (SP) trait in Nelore. The data used in this study are part of DeltaGen® animal breeding programs. The High-density *Illumina Bovine HD assay panel* (Illumina Inc., San Diego, CA, USA) was used for gene identification. Animal's genomic values were measured using *Single-step* methodology. Genomic prediction for SP was performed considering two scenarios: autosomal markers only and autosomal plus chromosome X markers. Selection response were performed in comparison between both scenarios to evaluate the chromosome X inclusion effect. The differences in later densities of heritability estimates were higher in analyzes that included the chromosome X. Mean genomic values for the selected animals were 7% lower in comparison with results for autosomal markers only scenario. The prediction ability for genetic values given by Pearson correlation was 0.79. The results shows that the chromosome X inclusion on the analysis can better predict genomic values for SP. There was a percentage reduction of a little more than 7% in the mean genomic values of the selected animals, in the results of analyzes that did not include the X chromosome. Predictive ability of breeding values given by the Pearson correlation was equal to 0.79. These estimates show that the inclusion of the X chromosome in the analysis can improve prediction of genomic values for PE

.Keywords: beef cattle, reproductive efficiency, SNP, genomic selection, zebu.

Introdução



O perímetro escrotal (PE) destaca-se como critério de seleção na bovinocultura de corte nacional, por ser potencialmente útil como indicador da eficiência reprodutiva em machos e fêmeas. Segundo Soares et al. (2017) o PE é uma característica intensamente utilizada nos programas como indicadores da precocidade e fertilidade dos touros jovens, uma vez que é facilmente avaliada, apresenta alta herdabilidade e está associada aos parâmetros qualitativos e quantitativos do sêmen.

Muitos estudos com avaliação genômica, já relataram a significativa proporção na variação genética da característica PE em bovinos de corte (Soares et al., 2017; Ferreira et al., 2021). No entanto, são escassos na literatura estudos de seleção genômica em bovinos de raças zebuínas que avaliem a inclusão do cromossomo X nas suas análises. A estimação dos efeitos dos marcadores é usualmente realizada em análises considerando apenas os efeitos dos cromossomos autossômicos, desconsiderando os cromossomos sexuais.

Na espécie bovina, considera-se o cromossomo X como o segundo maior cromossomo de todo o genoma (Carvalho et al., 2019) e portanto muitos genes e que podem estar influenciando vários fenótipos. Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar eficiência de predição do cromossomo X sobre característica perímetro escrotal em rebanho de bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

Fenótipos e genótipos provenientes do programa de melhoramento genético DeltaGen® foram utilizados neste estudo. O conjunto de fenótipos após a consistência dos dados continha 79.300 animais da raça Nelore, nascidos entre os anos de 1996 e 2012 provenientes de rebanhos da região sudeste e nordeste do Brasil. A característica analisada circunferência escrotal (PE) foi medida em machos com um ano de idade. O arquivo de pedigree continha as informações de identificação do animal, pai e mãe, totalizando 99.002 animais na matriz de parentesco. O painel de alta densidade *Illumina Bovine HD assay* (Illumina Inc., San Diego, CA, USA), contendo 777.962 SNPs, foi utilizado para genotipar 3.263 animais. Foram incluídas nas análises o cromossomo X, com 39.367 SNPs, e os cromossomos autossômicos, resultando ao final da limpeza em 487.490 SNPs e 3200 animais. Para as análises que não incluíram o cromossomo X, restaram 463.753 SNPs. O cromossomo 1 e 2, contribuíram com 46.495 e 40.056 SNPs, respectivamente. A predição genômica para PE foi realizada considerando dois cenários: (1) apenas marcadores dos cromossomos autossômicos ou (2) marcadores dos cromossomos autossômicos + marcadores do cromossomo X. A avaliação foi executada via Inferência Bayesiana, com o auxílio do software GIBBS2F90, bem como as estimativas de herdabilidades (Misztal, 2020). Para a característica PE foram considerados os efeitos aleatórios genético aditivo e residual e, como efeito fixo, o grupo de contemporâneo, aplicando-se um modelo animal. Os GEBV foram preditos por combinação direta do fenótipo, genótipo e pedigree, onde a matriz de parentesco tradicional (A) foi substituída por uma matriz de parentesco que incluiu a informação genômica (H), através da metodologia do *Single-step*. Para avaliar o efeito da inclusão do cromossomo X na seleção, foram simulados dois cenários de seleção com proporção de animais selecionados variando de 1 a 10%, em que as respostas à seleção foram comparadas considerando ou não o cromossomo X na avaliação da característica. A habilidade de predição foi calculada pelas correlações entre os valores genômicos preditos nas análises que incluem o cromossomo X, com as que não incluem.

Resultados e Discussão

A Figura 1 demonstra as densidades a posteriori das estimativas de herdabilidades (h^2) para PE, considerando a inclusão ou não do cromossomo X. A observação do gráfico permite inferir, pela intersecção das densidades, que a inclusão do cromossomo X causou maior efeito na diferença entre as estimativas de h^2 , indicando que os genótipos reagem diferentemente à inclusão do cromossomo X. Pode-se explicar pelo fato de que, houve uma redução no ruído causado pela fração não-aditiva, havendo melhor ajuste na explicação dos efeitos, reforçando a existência de interações gênicas.

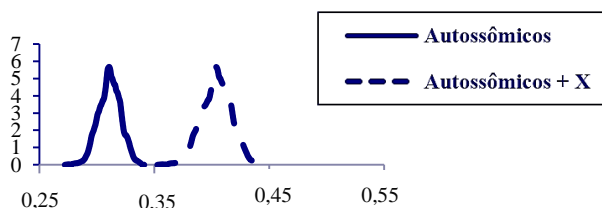
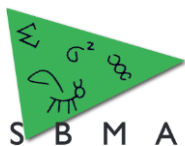


Figura 1- Densidades *a posteriori* das estimativas de herdabilidades (h^2), para a características perímetro escrotal (PE), considerando ou não a inclusão do cromossomo X.



Uma vez evidenciada essa diferença nas estimativas de h^2 , tornou-se importante quantificar o efeito dessa relação sobre a seleção dos animais quando se compara uma análise que considera apenas genes autossômicos, com uma que considera a presença do cromossomo X (Tabela 2). Verifica-se que, para a característica PE a perda por ignorar os efeitos do cromossomo X, pode chegar a um pouco mais de 7% do valor genômico médio dos animais selecionados. Maiores diferenças entre os valores genômicos preditos ocorreram nas situações quando a intensidade de seleção foi maior, o que também pode ser relacionado à presença da heterogeneidade de variâncias para a característica.

Tabela 2. Média dos valores genômicos para a análise considerando o cromossomo X quando selecionados 1, 5 e 10% dos melhores machos, e redução percentual quando a seleção é feita com base na análise que considera apenas os cromossomos autossômicos para característica perímetro escrotal

P(%)	VG_X	RP_%
1	16,51	-7,91%
5	14,23	-6,61%
10	13,45	-5,12%

P(%) - porcentagem de animais selecionados; VG_X- média dos valores genômicos dos animais; RP_% redução percentual.

Pacheco et al (2019) ao avaliarem o efeito dos cromossomos sexuais em características de eficiência reprodutiva em touros leiteiros, encontrou diferenças aumento de 7,5% na habilidade de predição em um modelo que considerava o cromossomo X conjuntamente com os autossomos.

Quanto a estimativa de habilidade de predição dos valores genéticos, dada pela correlação de Pearson, a média obtida foi igual a 0.79 para PE. Sendo assim, o cuidado com a classificação desses animais deve ser maior quando o cromossomo X e os machos não forem incluídos nas análises.

Conclusão

Estes resultados sugerem que deve-se, portanto, optar por uma avaliação que considere esses marcadores do cromossomo X conjuntamente com os autossomos, a fim de obter estimativas mais confiáveis dos valores genômicos para perímetro escrotal em bovinos da raça Nelore.

Agradecimentos

À CAPES e UFBA pelo apoio financeiro através de bolsa de estudo. Ao programa de melhoramento genético DeltaGen® pela concessão dos dados utilizados neste trabalho.

Literatura citada

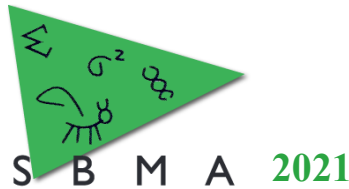
Carvalho C.V.D., Hermisdorff I.C., Souza I.S., Junqueira G.S.B., Magalhães A.F.B., Fonseca L.F.S., Albuquerque L.G., Tonhati H., Carneiro R., De Camargo G.M.F. & Costa R.B. 2018. Influence of X-chromosome markers on reproductive traits of beef cattle. **Livestock Science**, 220, 152-157.

Ferreira C.E.R., Campos G.S., Schmidt P.I., Sollero B.P., Goularte K.L., Corcini, C.D., Gasperin B.G., Jr. T.L., Boligon A.A., Cardoso, F.F. 2021. Genome-wide association and genomic prediction for scrotal circumference in Hereford and Braford bulls. **Theriogenology**, 172, 268-280.

Misztal, I. 2020. BLUPF90 – A Flexible Mixed Model Program in Fortran 90. University of Georgia.

Pacheco H.A., Rezende F.M., Peñagaricano F. 2019. Gene mapping and genomic prediction of bull fertility using sex chromosome markers. **J. Dairy Sci.** 103, 3304–3311.

Soares A.C.C., Guimarães S.E.F., Kelly M.J., Fortes M.R.S., e Silva F.F., Verardo L.L., Mota R., Moore S. 2017. Multiple-trait genomewide mapping and gene network analysis for scrotal circumference growth curves in Brahman cattle. **Journal of animal science**, 95(8), 3331-3345.



Predição de fatores de transcrição e seus sítios de ligações em genes diferencialmente expressos no tecido muscular de bovinos Nelore divergentes para o consumo alimentar residual

Danielly Beraldo dos Santos Silva^{1,2*}, Larissa Fernanda Simielli Fonseca², Gabriela Bonfá Frezarim², Géssica Corrêa Gonçalves Pocchini¹; Mariely Simone Lopes Corrêa¹; Evandro Neves Silva¹; Thaís Cristina Ferreira dos Santos¹, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante³, Sarah Figueiredo Martins Bonilha³ Lucia Galvão de Albuquerque^{2,4}

¹Universidade José do Rosário Vellano (UNIFENAS), Alfenas, MS, Brasil.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, (FCAV-UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

³Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Sertãozinho–SP, Brasil.

⁴Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Brasília, DF, Brasil.

*Autor correspondente: danielly.silva@unifenas.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi prever fatores de transcrição e seus sítios de ligações em genes diferencialmente expressos em tecido muscular de bovinos da raça Nelore divergentes para o consumo alimentar residual. Entre os fatores de transcrição preditos, o *HNF1A* exibiu módulo *cis*-regulatório para 18 sítios de ligações encontrados em sete genes diferencialmente expressos. Estes resultados indicam que o grupo de genes diferencialmente expressos compartilham elementos *cis*-regulatórios e que este processo de regulação está supostamente associado a ingestão alimentar dos animais da raça Nelore.

Palavras-chave: CAR; elementos *cis*-regulatórios; *HNF1A*; RNA-Seq.

Prediction of transcription factors and their binding sites in differentially expressed genes in muscle tissue of Nelore cattle selected for residual feed intake

Abstract: The aim was to identify transcription factors and predict their binding sites in differentially expressed genes associated with residual feed intake (RIF) of the Nelore cattle. Among the transcription factors, HNF1A, exhibited the network cluster with direct motif similarity for 18 transcription factor binding sites found in the seven differentially expressed genes. These results showed that the differentially expressed genes share common *cis*-regulatory elements and that this regulatory process is putative associated with food intake of Nelore animals.

Keywords: *cis*-regulatory elements; *HNF1A*; RIF; RNA-Seq.

Introdução

O consumo alimentar residual (CAR) é controlado por múltiplos processos moleculares e a análise global do transcriptoma tem sido amplamente utilizada na identificação de genes e no entendimento de sua regulação. Fatores de transcrição (FTs) e seus sítios de ligações formam a base da regulação gênica (Nagy e Nagy, 2020), ou seja, os FTs se ligam aos sítios de reconhecimento de DNA dentro de elementos reguladores *cis* e, assim, contribuem para controlar a taxa de iniciação da transcrição de seus genes alvo. A identificação fatores de transcrição associados e seus sítios de ligações, bem como o entendimento dos mecanismos moleculares quanto ao crescimento muscular, homeostase energética e outras características, podem auxiliar na seleção de animais Nelore com altos valores genéticos para ingestão alimentar. Portanto, o objetivo deste trabalho foi prever fatores de transcrição e seus sítios de ligações em genes diferencialmente expressos em tecido muscular de bovinos da raça Nelore divergentes para o CAR.

Material e Métodos

Os dados de RNA-Seq (N=24) obtidos de animais da raça Nelore (machos não castrados) com fenótipos para CAR, foram usados para análise de expressão diferencial de genes: animais mais eficientes (CAR negativo, N=12) e menos eficientes (CAR positivo, N=12). A normalização das leituras e análise da expressão diferencial ($q \leq 0,05$) foram realizadas por meio do pacote edgeR (Robinson et al., 2010). Em seguida, foi realizada uma análise para prever os fatores de transcrição e seus sítios de ligações. Uma rede regulatória foi construída com base nos dez principais sítios de ligação de fatores de transcrição

enriquecidos nas regiões *cis* do conjunto de genes diferencialmente expressos (*Normalized Enrichment Scores* - NES > 3). Essas análises de predições foram realizadas no iRegulon v.1.3 (plug-in do Cytoscape v.3.8.2) - (Janky et al., 2014).

Resultados e Discussão

As análises mostraram que dez genes foram diferencialmente expressos entre os grupos divergentes para o CAR. O enriquecimento funcional mostrou que os genes *ALB*, *AMBP*, *APOA5* e *FGG*, pertenciam aos processos biológicos de transporte (GO: 0006810), metabólicos (GO:0006464) e modificações de proteínas celulares (GO:0044267). Os genes *APOA5* e *ALB* desempenham atividades fundamentais na regulação da adipogênese e na reserva energética de animais (Wright et al., 2006; Akbar et al., 2015). A análise de predição mostrou que sete desses genes podem ser regulados por 32 fatores de transcrição (figura 1). Entre os fatores de transcrição, o *HNFI1A* (NES = 10.572), exibiu o *cluster* (módulos *cis*-regulatórios – M1) para o *transfac_public-M00132* e outros 17 sítios de ligações (Figura 2) compartilhados pelos genes diferencialmente expressos (*FGG*, *ALB*, *PLG*, *FBXO10*, *APOA5*, *AMBP* e *GC*). Estes resultados indicam que o grupo de genes diferencialmente expressos compartilham elementos *cis*-regulatórios e que este processo de regulação está supostamente associado a ingestão alimentar dos animais.

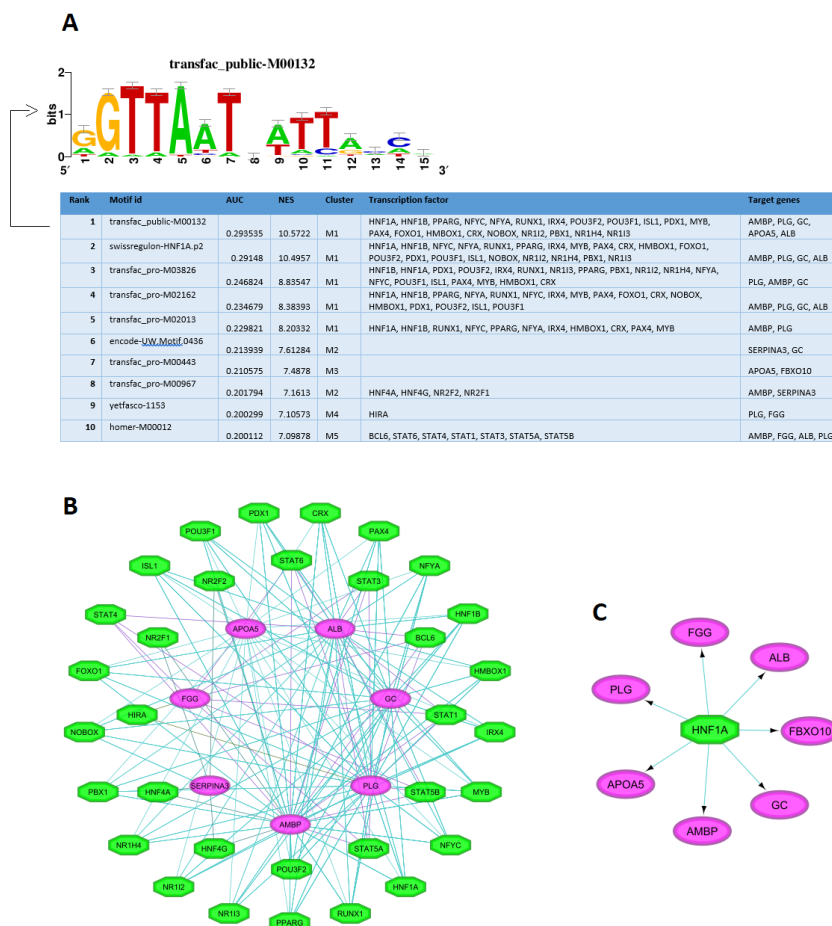
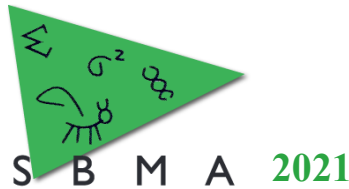


Figura 1. Rede regulatória de fatores de transcrição-gene alvo. (A) Dez principais sítios de ligação de fatores de transcrição significativamente enriquecidos nas regiões *cis* do conjunto de genes diferencialmente expressos. (B) Fatores de transcrição previstos (verde) e genes-alvo diferencialmente expressos (roxo). (C) Fator de transcrição *HNFI1A* previsto (verde) e genes-alvo diferencialmente expressos (roxo).



Enriched Motif ID	NES
transfac_public-M00132	10.572
swissregulon-HNF1A.p2	10.496
transfac_pro-M03826	8.835
transfac_pro-M02162	8.384
transfac_pro-M02013	8.203
tfdimers-MD00002	6.661
tfdimers-MD00210	6.619
taipale-NRTTAATNATTAACN-HNF1A-full	5.709
homer-M00086	5.070
taipale-NRTTAATNATTAACN-HNF1B-full	4.980
jaspar-PF0084.1	4.494
tfdimers-MD00173	4.251
tfdimers-MD00160	4.139
transfac_pro-M00790	4.098
transfac_public-M00206	3.980
tfdimers-MD00328	3.917
taipale-GTTAATNATTAAY-HNF1B-full	3.660
tfdimers-MD00415	3.389

Figura 2. Módulo *cis*-regulatório (M1) compartilhados pelos genes diferencialmente expressos (*FGG*, *ALB*, *PLG*, *FBXO10*, *APOA5*, *AMBP* e *GC*). O *transfac_public-M00132*, destacado em azul, foi o *motif* mais enriquecido para o módulo *cis*-regulatório M1. *Normalized Enrichment Scores* – NES > 3.

Conclusão

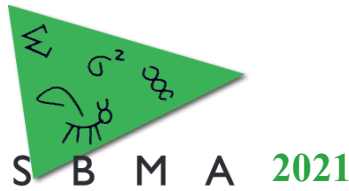
Com esse estudo foi possível prever fatores de transcrição e seus sítios de ligações em genes diferencialmente expressos de tecido muscular de bovinos da raça Nelore divergentes para o CAR. Os resultados mostraram que, supostamente, os genes compartilham elementos *cis* regulatórios. Essas informações podem apoiar investigações dos processos regulatórios de genes associados à determinação de fenótipos de importância econômica.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001 e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP (Grants #2017/10630-2 e #2018/20026-8).

Literatura citada

- Akbar, H., Grala, T. M., Vailati Riboni, M., Cardoso, F. C., Verkerk, G., McGowan, J., Macdonald, K., Webster, J., Schutz, K., Meier, S., Matthews, L., Roche, J. R., & Looor, J. J. 2015. Body condition score at calving affects systemic and hepatic transcriptome indicators of inflammation and nutrient metabolism in grazing dairy cows. **Journal of dairy science**, 98(2), 1019–1032.
- Janky, R., Verfaillie, A., Imrichová, H., Van de Sande, B., Standaert, L., Christiaens, V., Hulselmans, G., Hertens, K., Naval Sanchez, M., Potier, D., Svetlichnyy, D., Kalender Atak, Z., Fiers, M., Marine, J. C., & Aerts, S. 2014. iRegulon: from a gene list to a gene regulatory network using large motif and track collections. **PLoS computational biology**, 10(7), e1003731.
- Nagy, G., & Nagy, L. 2020. Motif grammar: The basis of the language of gene expression. **Computational and structural biotechnology journal**, 18, 2026–2032.
- Robinson, M. D., McCarthy, D. J., Smyth, G. K. 2010. “edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data”. **Bioinformatics**. 26(1): 139-140.
- Wright, W. T., Young, I. S., Nicholls, D. P., Patterson, C., Lyttle, K., & Graham, C. A. 2006. SNPs at the *APOA5* gene account for the strong association with hypertriglyceridaemia at the *APOA5/A4/C3/A1* locus on chromosome 11q23 in the Northern Irish population. **Atherosclerosis**, 185(2), 353–360.



Predição de módulos *cis*-regulatórios em genes processados alternativamente associados com características de importância econômica de bovinos Nelore

Danielly Beraldo dos Santos Silva^{1,2*}, Larissa Fernanda Simielli Fonseca², Bruna Maria Salatta², Thaís Cristina Ferreira dos Santos¹, Evandro Neves Silva¹, Mariely Simone Lopes Corrêa¹, Fernando Baldi², Luis Artur Loyola Chardulo³, Lucia Galvão de Albuquerque^{2,4}

¹Universidade José do Rosário Vellano (UNIFENAS), Alfenas, MS, Brasil.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, (FCAV-UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

³Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, (FMVZ), Botucatu, SP, Brasil.

⁴Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Brasília, DF, Brasil.

*Autor correspondente: danielly.silva@unifenas.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi realizar uma análise de predição de módulos *cis*-regulatórios em genes processados alternativamente, comumente, associados com área de olho de lombo (AOL) e gordura intramuscular (GI) de bovinos Nelore. A análise de predição exibiu 45 módulos *cis*-regulatórios, dos quais, o módulo 11 apresentou maior número (N=9) de sítios de ligações compartilhados por 11 genes processados alternativamente e cinco fatores de transcrição pertencentes à família *MFE*. Estes módulos, potencialmente, podem regular o processamento alternativo de éxons e, assim, contribuir para a produção de isoformas, as quais podem estar envolvidas em vias e processos biológicos importantes para o desenvolvimento muscular e metabolismo lipídico dos animais avaliados.

Palavras-chave: AOL; fatores de transcrição; gordura intramuscular; RNA-Seq; *splicing* alternativo.

Cis-regulatory modules prediction in spliced genes associated with economically relevant traits of Nelore cattle

Abstract: This study aimed to perform a prediction analysis of *cis*-regulatory modules in spliced genes associated, commonly, with ribeye area (REA) and intramuscular fat (IF) of Nelore cattle. The prediction analysis exhibited 45 *cis*-regulatory modules, of which module 11 had the highest number (N=9) of binding sites shared common by 11 spliced genes and five transcription factors from the *MFE2* family. These modules, potentially, could regulate the spliced exons and, thus, contribute to the production of isoforms, which may be involved in important pathways and biological processes involved in muscular development and lipid metabolism of the evaluated animals.

Keywords: alternative splicing; intramuscular fat; REA; RNA-Seq; transcription factors.

Introdução

Os módulos *cis*-regulatórios são regiões presentes no DNA onde diversos fatores de transcrição se ligam, e eventualmente, podem competir pelo mesmo sítio de ligação, estabelecendo a dinâmica da regulação dos genes. Além disso, os sítios de ligação de fatores de transcrição são mecanismos potenciais que podem estar envolvidos na regulação do processamento alternativo de éxons (*splicing* alternativo) e consequentemente, produzir isoformas de mRNA (Rambou et al., 2018). Os genes processados alternativamente possuem diferentes capacidades codificadoras, aumentando assim, a plasticidade do transcriptoma celular. Esse processo é um dos principais mecanismos que proporcionam a diversidade proteica, as quais podem estar envolvidas em vias e processos biológicos importantes para o desenvolvimento do fenótipo. Portanto, o objetivo deste trabalho foi realizar uma análise de predição de módulos *cis*-regulatórios em genes processados alternativamente, comumente, associados com área de olho de lombo (AOL) e gordura intramuscular (GI) de bovinos Nelore.

Material e Métodos

A identificação de eventos de *splicing* alternativo diferencialmente expressos e associados com AOL (166 transcritos processados alternativamente, produzidos a partir de 125 genes) e conteúdo de GI (269 transcritos processados alternativamente, produzidos a partir de 219 genes) em bovinos da raça Nelore

foi realizado previamente por Silva et al. (2020). A partir desses resultados verificamos a sobreposição do conjunto de genes processados alternativamente encontrados para AOL e GI. Apenas com o conjunto de genes encontrados em comum para AOL e GI, foi realizada a análise para prever os fatores de transcrição e seus módulos cis-regulatórios por meio do iRegulon v.1.3 (plug-in do Cytoscape v.3.8.2) - (Janky et al., 2014). Uma rede foi construída com base no módulo cis-regulatório que apresentou maior número de sítios de ligação de fatores de transcrição enriquecidos para o conjunto de genes avaliado (*Normalized Enrichment Scores* - NES > 3).

Resultados e Discussão

A análise mostrou que 26 genes processados alternativamente foram diferencialmente expressos em comum para AOL e GI. A análise de predição exibiu 45 *clusters* (módulos cis-regulatórios), dos quais, o módulo 11 (M11) apresentou maior número (N=9) de sítios de ligações, os quais foram compartilhados por 11 genes processados alternativamente e cinco fatores de transcrição (Tabela 1). Esses sítios de ligação de fatores de transcrição preditos, podem potencialmente regular o processamento alternativo de éxons e, assim, contribuir para a produção de isoformas, as quais podem estar envolvidas em vias e processos biológicos importantes para o desenvolvimento do fenótipo.

Tabela 1. Módulo cis-regulatório (M11) - sítios de ligações compartilhados pelos genes processados alternativamente

Sítios de ligação de fator de transcrição	NES	Genes processados alternativamente	Fatores de transcrição preditos
homer-M00109	4.10	<i>SPEG, SLC29A1, CMYA5, OBSCN, FLNC, USP28, SRRM2</i>	<i>MEF2A, MEF2C</i>
taipale-NCTAWAAATAGM-MEF2D-DBD	3.09	<i>SPEG, SLC29A1, CMYA5, OBSCN, FLNC, USP28, SRRM2</i>	<i>MEF2A, MEF2B, MEF2C, MEF2D, MEF2BNB-MEF2B</i>
jaspar-MA0052.1	3.16	<i>SPEG, SLC29A1, CMYA5, TACC2, MPRIP</i>	<i>MEF2A, MEF2B, MEF2C, MEF2D, MEF2BNB-MEF2B</i>
taipale-RCTAWAAATAGM-MEF2B-full	4.48	<i>SPEG, TACC2, SLC29A1, CMYA5</i>	<i>MEF2A, MEF2B, MEF2C, MEF2D, MEF2BNB-MEF2B</i>
swissregulon-MEF2_A-B-C-D_p2	3.05	<i>SPEG, SLC29A1, CMYA5, MPRIP</i>	<i>MEF2A, MEF2B, MEF2C, MEF2D, MEF2BNB-MEF2B</i>
yetfasco-271	3.70	<i>SLC29A1, SPEG, FLNC</i>	<i>MEF2A, MEF2B, MEF2C, MEF2D, MEF2BNB-MEF2B</i>
homer-M00110	3.10	<i>SLC29A1, SPEG, FLNC</i>	<i>MEF2A, MEF2B, MEF2C, MEF2D, MEF2BNB-MEF2B</i>
jaspar-PF0033.1	3.26	<i>SLC29A1, SPEG</i>	<i>MEF2A, MEF2C</i>
jaspar-PF0054.1	3.02	<i>SLC29A1, SPEG</i>	<i>MEF2A, MEF2B, MEF2C, MEF2D, MEF2BNB-MEF2B</i>

Normalized Enrichment Scores – NES > 3

A figura 1 mostra a rede construída com os fatores de transcrição e genes alvos presentes no M11. Os fatores de transcrição da família *MEF2* (*Myocyte enhancer factor 2*) foram identificadas como reguladores essenciais da transcrição específica do músculo esquelético (Piasecka et al., 2021). Os genes processados alternativamente avaliados neste estudo foram diferencialmente expressos em tecido muscular, e estavam envolvidos em processos biológicos do metabolismo lipídico, crescimento muscular e sistema imune (Silva et al., 2020). Portanto, nossos resultados potencialmente, confirmam que o conjunto de genes avaliados compartilham elementos cis-regulatórios utilizados por fatores de transcrição, os quais são importantes para a expressão de genes no tecido muscular. Esse mecanismo pode estar associado ao desenvolvimento muscular e metabolismo lipídico dos animais avaliados.

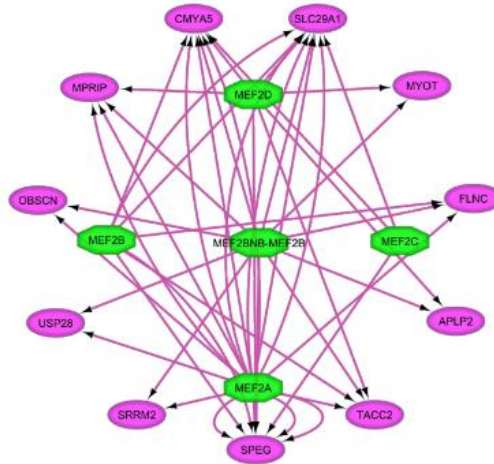


Figura 1. Rede regulatória. Fatores de transcrição previstos (verde) e genes-alvo processados alternativamente (roxo).

Conclusão

Os resultados mostraram que, supostamente, os genes processados alternativamente compartilham elementos *cis* regulatórios. Esse mecanismo pode estar envolvido com o desenvolvimento muscular e metabolismo lipídico dos animais da raça Nelore.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001 e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP (Grants #2017/10630-2 e #2018/20026-8).

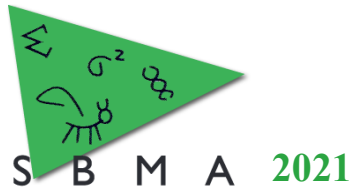
Literatura citada

Janky, R., Verfaillie, A., Imrichová, H., Van de Sande, B., Standaert, L., Christiaens, V., Hulselmans, G., Herten, K., Naval Sanchez, M., Potier, D., Svetlichnyy, D., Kalender Atak, Z., Fiers, M., Marine, J. C., & Aerts, S. 2014. iRegulon: from a gene list to a gene regulatory network using large motif and track collections. **PLoS computational biology**, 10(7), e1003731.

Piasecka, A., Sekrecki, M., Szcześniak, M. W., & Sobczak, K. 2021. MEF2C shapes the microtranscriptome during differentiation of skeletal muscles. **Scientific reports**, 11(1), 3476.

Rambout, X., Dequiedt, F., & Maquat, L. E. (2018). Beyond Transcription: Roles of Transcription Factors in Pre-mRNA Splicing. **Chemical reviews**, 118(8), 4339–4364.

Silva, D., Fonseca, L., Pinheiro, D. G., Magalhães, A., Muniz, M., Ferro, J. A., Baldi, F., Chardulo, L., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., & Albuquerque, L. G. 2020. Spliced genes in muscle from Nelore Cattle and their association with carcass and meat quality. **Scientific reports**, 10(1), 14701.



Genes associados à frequência de consumo de água em bovinos da raça Nelore

Rafael Nakamura Watanabe^{1*}, Priscila Arrigucci Bernardes², Tainã Figueiredo Cardoso³, Luciana Correia de Almeida Regitano³, Ricardo Andrade Reis¹, Danísio Prado Munari¹

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

² Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil.

³Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil.

*Autor correspondente: rafael.nakamura@unesp.br

Resumo: A ocorrência cada vez mais iminente do aquecimento global modificará o ambiente em que a produção animal é desenvolvida. Para que a pecuária se adapte a essas mudanças é necessário o conhecimento de genes que influenciem no consumo dos recursos disponíveis, tais como a água. O objetivo deste trabalho foi verificar o perfil de expressão dos genes diferencialmente expressos em bovinos de corte da raça Nelore, relacionados à frequência de consumo de água. O comportamento de 36 animais ao visitar o bebedouro foi observado durante 12 horas por quatro dias. Dentre os animais observados, foram selecionados os cinco animais que mais e menos frequentaram o bebedouro. Amostras de sangue dos 10 animais foram colhidas e o RNA foi extraído e sequenciado. Após controle de qualidade, as sequências foram alinhadas com a versão do genoma de referência bovino ARS-UCD 1.2. Em seguida, foi realizada a contagem e normalização das leituras. Os genes diferencialmente expressos foram enriquecidos e a análise funcional foi realizada pela plataforma DAVID. Foram verificados 18 (supra-regulados) e 10 (infra-regulados) genes diferencialmente expressos ($p < 0,1$). A análise funcional indicou a expressão dos genes NCR1, CD96, IGHG1, PCOLCE, THBS1 e ATP6V0A4, reportados na literatura. A expressão dos genes relacionados ao consumo de água está relacionada à capacidade adaptativa dos bovinos, excreção e resposta imune.

Palavras-chave: adaptação, comportamento, diferencial de expressão, RNAseq.

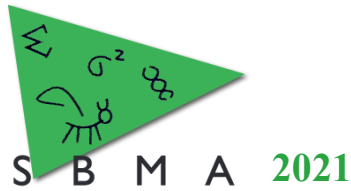
Genes associated with water consumption frequency in Nelore beef cattle

Abstract: The imminent occurrence of global warming will change the environment in which animal production is developed. For livestock to adapt to these changes, it is necessary to know the genes that influence the consumption of available resources, such as water. In this study, the aim was to verify the genes associated with the water consumption frequency in Nelore cattle raised on grassland. The behavior of 36 animals when visiting the drinker was observed for 12 hours over four days. Among the animals observed, the five animals that most and least frequented the drinker were selected. Blood samples from 10 animals were collected and RNA was extracted and sequenced. After quality control, the short sequences of each sample were aligned with the reference bovine genome version ARS-UCD 1.2. The count and normalization of reads was performed. Differently expressed genes were enriched and functional analysis was performed by the DAVID platform. Eighteen (up regulation) and 10 (down regulation) differentially expressed genes ($p < 0.1$) of gene transcription were verified. Functional analysis showed the expression of genes NCR1, CD96, IGHG1, PCOLCE, THBS1 and ATP6V0A4, reported in the literature. The genes observed in this work are related to the adaptive capacity, excretion and response of the immune system.

Keywords: adaptation, behavior, differential expression, RNAseq

Introdução

Um dos fatores que evidenciam a necessidade de mudanças nos programas de melhoramento genético animal é a ocorrência cada vez mais eminente do aquecimento global, o qual modificará o ambiente em que a produção animal é realizada, sendo desejáveis animais que possam responder rapidamente a estas mudanças. O mais importante e escasso recurso natural utilizado na agropecuária é a água. Sua utilização na produção agropecuária gera controvérsias e os efeitos colaterais do seu uso são comuns em vários países. Portanto, conhecer os genes que influenciam a fisiologia dos animais, relacionados ao consumo de água, é



de importância para o futuro da agropecuária e do consumo de água mundial. O objetivo deste trabalho foi verificar o perfil de expressão dos genes diferencialmente expressos em bovinos de corte Nelore, relacionados à frequência de consumo de água.

Material e Métodos

O trabalho foi conduzido no Setor de Forragicultura e Pastagens da FCAV/UNESP, Câmpus de Jaboticabal e foi aprovado pela comissão de ética no uso de animais da FCAV (protocolo 001081/2019). O comportamento de 36 machos Nelore mantidos à pasto foi observado quanto à visitação ao bebedouro, por 12 horas em quatro dias. Foram selecionados os 10 animais mais extremos para frequência de consumo de água (HF = maior frequência; LF = menor frequência; N = 5 por grupo). Amostras de sangue foram colhidas e o RNA destas amostras foi extraído com o “Blood RNA kit” (PAXgene®), seguindo as recomendações do fabricante. O RNA total isolado foi quantificado por espectrofotometria (NanoDrop®, Wilmington, DE, EUA) e a qualidade avaliada pelo Bioanalyzer 2100 (Agilent, Palo Alto, CA, EUA). Todas as amostras tiveram valores de RIN maiores que 8,0. As bibliotecas foram preparadas usando o TruSeq SBS Kit v3-HS (200 ciclos) sequenciadas em HiScanSQ (Illumina, San Diego, CA, EUA). Esses procedimentos foram realizados no Centro de Genômica Funcional (USP, Piracicaba, SP, Brasil). A qualidade das sequências foi verificada com o software FastQC. A pontuação de qualidade “Phred” das leituras foi avaliada por meio do software Trimmomatic. As leituras com pontuação de qualidade de nucleotídeo menores que três e comprimento de leituras menores que 30 bp foram descartadas. As sequências foram alinhadas com a versão do genoma de referência bovino ARS-UCD 1.2, com o algoritmo HiSat2. A contagem das leituras foi realizada pelo pacote FeatureCounts do software R. A normalização das leituras e análise de diferencial de expressão dos genes foi realizada pelo pacote DESeq2 do software R. A direção da expressão foi regulada para cima ou para baixo com base nos valores do grupo HF/LF. Foram considerados como genes diferencialmente expressos (GDE) aqueles que apresentaram um p-value < 0.1. Análises funcionais e de enriquecidos foram realizadas pela plataforma DAVID Bioinformatic Resources 6.8.

Resultados e Discussão

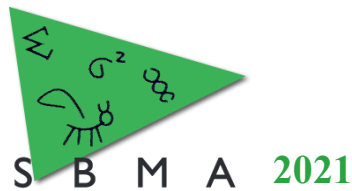
Foram verificados 18 (supra-regulados) e 10 (infra-regulados) GDE no grupo LF. Dentre os GDE, CD96, IGHG1 e NCR1 estão relacionados ao sistema imune. O gene CD96 (supra-regulado) se correlaciona com o sistema imunológico adaptativo e foi previamente relacionado com resistência a patologias em bovinos (Weldenegodquad et al., 2019). O gene NCR1 (supra-regulado) codifica a um receptor de células “natural killer”. Estas células são linfócitos provenientes do sistema imune inato que podem promover ligação entre a resposta imune pró e anti-inflamatório (Maley et al., 2006). O precursor de colágeno do tipo 1, “procollagen C-endopeptidase enhancer” (PCOLCE; infla-regulado) foi diferencialmente expresso nos animais do grupo LF. Este gene é associado a bovinos resistentes à carrapatos (Piper et al., 2010). A produção de colágeno é conhecida como um mecanismo de reparo da pele em casos de estresse mecânico (Wang & Sanders, 2003), permitindo remodelação da matriz extracelular e aumentando o diâmetro da fibra de colágeno da pele e fortalecendo-a (Piper et al., 2010). Observou-se a expressão do gene THBS1 (Thrombospondin-1; infla-regulado), reportado na literatura como glicoproteína que medeia as interações célula-célula e célula-matriz e que desempenham papéis relacionados a agregação plaquetária e eventos anti-angiogênico e pró-apoptótico (Farberov & Meiden, 2018). O gene ATP6V0A4 (supra-regulado) (Stover et al., 2002) codifica um componente da ATPase vacuolar (V-ATPase), uma enzima multissubunidade que medeia a acidificação dos compartimentos intracelulares de células eucarióticas e que está envolvida no transporte normal do ácido vetorial para a urina pelos rins.

Conclusão

A expressão dos genes relacionados ao consumo de água está relacionada à capacidade adaptativa dos bovinos, excreção e resposta imune.

Agradecimentos

À FAPESP (Proc. 2015/16631-5, 2018/20753-7 e 2018/11953-2), à CAPES pela bolsa de estudos (Código de financiamento 001) e ao Prof. Dr. Luiz L. Coutinho, pelo sequenciamento das amostras.



Literatura citada

Farberov S. & Meidan R. 2018. Fibroblast growth factor-2 and transforming growth factor-beta1 oppositely regulate miR-221 that targets thrombospondin-1 in bovine luteal endothelial cells. **Biology of Reproduction**. 98, 366–375.

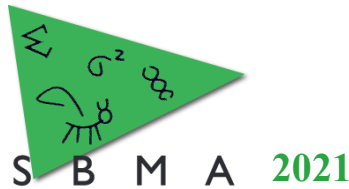
Maley S.W., Buxton D., Macalodowie C.N., Anderson I.E., Wright S.E., Bartley P.M, Esteban-Redondo I., Hamilton C.M., Storset A.K. & Innes E.A. 2006. Characterization of the immune response in the placenta of cattle experimentally infected with *Neospora caninum* in early gestation. **Journal of Comparative Pathology**. 135,130–141.

Piper E.K., Jackson L.A., Bielefeldt-Ohmann H., Gondro C., Lew-Tabor A. & Jonsson, N.N. 2010. Tick-susceptible *Bos taurus* cattle display an increased cellular response at the site of larval *Rhipicephalus* (*Boophilus*) microplus attachment, compared with tick-resistant *Bos indicus* cattle. **International Journal for Parasitology**. 40, 431–441.

Stover E.H., Borthwick K.J., Bavalia C., et al. 2002. Novel ATP6V1B1 and ATP6V0A4 mutations in autosomal recessive distal renal tubular acidosis with new evidence for hearing loss. **Journal of Medical Genetics**. 39, 796-803.

Weldenegodguad M., Popov R., Pokharel K., Ammosov I., Ming Y., Ivanova Z. & Kantanen J. 2019 Whole-Genome Sequencing of Three Native Cattle Breeds Originating From the Northernmost Cattle Farming Regions. **Frontiers in Genetics**. 9, 728.

Wang Y. & Sanders J. 2003. How does skin adapt to repetitive mechanical stress to become load tolerant? **Medical Hypotheses**. 61, 9–35.



Resposta correlacionada para características reprodutivas em bovinos da raça Nelore selecionados para características de eficiência alimentar

Caroline Assis Almeida^{1*}, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Fernando de Oliveira Bussiman², Rachel Santos Bueno Carvalho³, Elisângela Chicaroni de Mattos¹, Joanir Pereira Eler¹, Miguel Henrique de Almeida Santana⁴, Tamires Miranda Neto⁵, José Bento Sterman Ferraz¹

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

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

³Departamento de Ciências Básicas, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

⁴Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

⁵Agro-pecuária CFM Ltda., São José do Rio Preto, SP, Brasil.

*Autor correspondente: caroline.assis.almeida@usp.br

Resumo: O objetivo do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos e avaliar a resposta à seleção, bem como a resposta correlacionada para características de eficiência alimentar e reprodutivas de bovinos da raça Nelore. Os parâmetros genéticos foram estimados por inferência bayesiana sob modelo limiar-linear multicaracterística e para o cálculo de resposta à seleção direta e indireta foi utilizado o valor $i = 1$. As correlações genéticas e as respostas correlacionadas da seleção indireta foram, respectivamente, -0,24 e -0,0971 para probabilidade de prenhez precoce; e 0,08 e 0,2966 para produtividade anual média de vaca quando selecionadas com base na característica de eficiência alimentar. Estes resultados podem indicar que a seleção indireta para a eficiência alimentar pode gerar consequências negativas sobre a probabilidade de prenhez de novilhas precoces e positivas para a produtividade em quilos de bezerros.

Palavras-chave: associação genética, bovino de corte, componentes de (co)variância, resposta à seleção

Correlated responses for reproductive traits in Nelore cattle selected for feed efficiency traits

Abstract: The aim of this study was to estimate genetic parameters and evaluate the response to selection, as well as the correlated response to feed efficiency and reproductive traits of Nelore cattle. The genetic parameters were estimated by Bayesian inference under a linear-threshold multitrait model and to calculate the response to direct and indirect selection, the value $i = 1$ was used. Genetic correlations and correlated responses from indirect selection were, respectively, -0.24 and -0.0971 for probability of females to pregnant younger; and 0.08 and 0.2966 cumulative annual productivity when compared to the feed efficiency trait, suggesting that indirect selection for feed efficiency can generate negative consequences on the probability of females to pregnant younger and positive for the productivity in kilograms of calves.

Keywords: beef cattle, (co)variance components, genetic association, response to selection

Introdução

Uma das alternativas para aumentar a rentabilidade do sistema de produção de bovinos de corte é a identificação de animais com maior eficiência reprodutiva, tal como indivíduos sexualmente precoces, (Martín Nieto et al., 2003). Outra questão economicamente relevante é a identificação de animais mais eficientes no aproveitamento do alimento consumido, isto é, indivíduos que consomem menos alimento e têm uma menor exigência de manutenção sem prejuízo no ganho de peso ou peso adulto (Koch et al., 1963).

A seleção indireta pode ser viável e conduz a um maior progresso genético para características de difícil mensuração, baixa herdabilidade e para características expressas tardiamente na vida do animal ou restritas ao sexo (Falconer & Mackay, 1996), que é o caso das características reprodutivas avaliadas nesse trabalho. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos e respostas correlacionadas para características de eficiência alimentar e reprodutivas de bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

Os bancos de dados utilizados neste trabalho são provenientes de rebanhos comerciais de bovinos da raça Nelore, e estão sob responsabilidade do Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo

(USP). O banco continha informações fenotípicas de 194.063 animais, mensurados para as características de eficiência alimentar e reprodutivas e um banco de pedigree com informações de 802.057 animais.

Foram avaliadas para a estimação dos parâmetros genéticos: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14); *stayability* ou habilidade de permanência no rebanho (STAY); produtividade anual média da vaca (PRODAM); consumo alimentar residual (CAR); ganho de peso residual (GPR); e consumo e ganho residual (CGR). A estimação dos componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram realizadas via inferência Bayesiana sob modelo limiar-linear multicaracterística, por meio do software THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2002). Foi gerada uma única cadeia contendo 1.000.000 amostras, considerando um período de *burn in* de 500.000 amostras e um intervalo de salvamento a cada 100 amostras; todas as inferências foram feitas com base nas 5.000 amostras restantes da distribuição à *posteriori*. O modelo utilizado foi $y = X\beta + Zu + Wg + e$, no qual, y é o vetor de observações fenotípicas ordenado por animal e por característica; β representa o vetor de efeitos sistemáticos, ordenado por característica; u representa o vetor do efeito genético aditivo direto de animal; g representa o vetor do efeito aleatório não correlacionado do grupo de manejo a desmama (GMAND - apenas para PP14); e representa o vetor de termos aleatórios residuais; X , Z e W são as matrizes de incidência dos efeitos sistemáticos, genético aditivo e de GMAND, respectivamente.

As respostas da seleção direta para PP14, PRODAM, bem como as respostas correlacionadas para essas características, quando a ênfase na seleção é dada para aumento do CGR, foram obtidas pelas fórmulas apresentadas por Falconer & Mackay (1996). Para o cálculo de resposta à seleção e resposta correlacionada o valor de intensidade seletiva adotado foi de $i = 1$.

Resultados e Discussão

As estimativas das variâncias genéticas aditivas, variância do grupo de manejo e as variâncias residuais, para as características estudadas são apresentadas na tabela 1.

Tabela 1. Estimativas dos componentes das características de eficiência alimentar e reprodutivas, sob análise multicaracterística.

¹ Característica	$\hat{\sigma}_a^2 \pm EP$	² Estimativas	
		$\hat{\sigma}_{gmand}^2 \pm EP$	$\hat{\sigma}_e^2 \pm EP$
CGR	0,23 ± 0,08	-	0,77 ± 0,06
PP14	0,72 ± 0,11	0,18 ± 0,02	1,00 ± 0,00
PRODAM	57,63 ± 3,67	-	616,76 ± 3,90

¹CGR: consumo e ganho residual; PP14: probabilidade de prenhez aos 14 meses; PRODAM: produtividade anual média da vaca; ² $\hat{\sigma}_a^2$: componente de variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_{gmand}^2$: componente de variância do grupo de manejo; $\hat{\sigma}_e^2$: componente de variância residual; EP: erro-padrão.

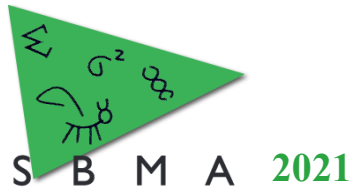
Na Tabela 2 são apresentadas as correlações genéticas e residuais entre características e o coeficiente de herdabilidade.

Tabela 2. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (diagonal), de correlações genéticas (acima da diagonal), correlação residual (abaixo da diagonal) com seus respectivos erro-padrão, para as características estudadas.

¹ Característica	CGR	PP14	PRODAM
CGR	0,23 ± 0,07	-0,24 ± 0,18	0,08 ± 0,15
PP14	-	0,38 ± 0,03	0,62 ± 0,09
PRODAM	-	0,53 ± 0,02	0,09 ± 0,01

¹CGR: consumo e ganho residual; PP14: probabilidade de prenhez aos 14 meses; PRODAM: produtividade anual média da vaca.

A correlação genética de alta magnitude entre a PP14 e a PRODAM (0,62) indica que a maioria dos genes atua sobre ambas as características e tem efeito no sentido direto, sugerindo que filhas de touros



com alto valor genético para PP14, ou seja, novilhas precoces, tendem a apresentar uma maior produtividade média anual mensurado em kg de bezerros desmamados.

A correlação de baixa magnitude entre CGR e PRODAM (0,08) indica que a seleção em relação a característica de eficiência alimentar não tem influência na PRODAM. Já a correlação genética entre CGR e PP14, possui baixa magnitude e sentido inversamente proporcional (-0,24). A correlação residual só foi estimada entre as características reprodutivas, dado que, os animais que possuíam fenótipo para CGR não foram mensurados para as características reprodutivas.

Como as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para as características reprodutivas foram moderadas a baixas e as correlações genéticas entre elas e a CGR foram baixas, é importante estimar as possíveis mudanças genéticas obtidas por meio de resposta direta e indireta a seleção. As respostas diretas foram 0,6416, 50,7225 e 0,2198 para PP14, PRODAM e CGR respectivamente. Portanto quando se faz seleção direta para cada característica se tem um progresso genético de 64,16% de probabilidade de prenhez, 50,72 kg de bezerros desmamados e 0,22 kg/dia para a geração de seleção analisada.

As respostas correlacionadas indiretas foram -0,0971 e 0,2966, para PP14 e PRODAM quando selecionada para CGR. Dessa forma a seleção para CGR com intensidade seletiva igual a 1 e para os parâmetros genéticos estimados levaria a um decréscimo de 9,71% na taxa de prenhez precoce e um acréscimo de 0,30 kg de bezerros desmamados, nesse cenário de geração de seleção.

Conclusões

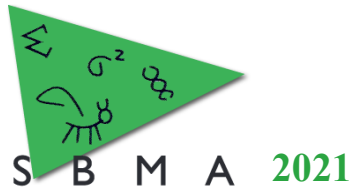
O valor encontrado para a correlação genética evidencia baixo grau de associação entre as características reprodutivas e consumo e ganho residual. O progresso genético é mais efetivo para o aumento da probabilidade de prenhez aos 14 meses e para a produtividade anual média da vaca quando a seleção é direta. Quando a seleção é realizada para consumo e ganho alimentar, se tem um impacto nas características reprodutivas, de uma forma positiva para a PRODAM e negativa para a PP14, mostrando que a seleção intensa para a eficiência alimentar pode ocasionar consequências negativas sobre a probabilidade de prenhez de novilhas precoces.

Agradecimentos

A Agro-Pecuária CFM Ltda. e a Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos por fornecer o banco de dados. Ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da USP/FZEA. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Literatura citada

- Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4.ed. New York: Longman Group Limited., p. 464.
- Koch, R.M.; Swiger, L.A.; Chambers, D.J.; Gregory, K.E. 1963. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 22, n. 2, p. 486-494.
- Martín Nieto, L.; Silva, L.O.C.; Rosa, A.N.; Gondo, A. 2003. Análise da curva de crescimento da circunferência escrotal de touros da raça Canchim e do grupo genético MA. **Archives of Veterinary Science**, v.8, n. 1, p. 75-79.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T.; Lee, D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceedings... In: World congress on genetics applied to livestock production, 2002, Montpellier.



Identificação do perfil de expressão de lncRNA associados a maciez da carne em bovinos Nelore

Gabriela Bonfá Frezarim^{1*}, Maria Malane Magalhães Muniz^{1,2}, Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹,
Bruna Maria Salatta¹, Danielly Beraldo dos Santos Silva³, Patrícia Iana Schmidt¹, Lucia Galvão de
Albuquerque^{1,4}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV- UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil

²Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Ontario, Canada.

³Universidade José do Rosário Vellano (UNIFENAS), Alfenas, MS, Brasil.

⁴Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: gabibonfa@hotmail.com

Resumo: RNAs longos não codificantes (lncRNAs) desempenham papéis fundamentais na regulação transcricional e pós-transcricional. No entanto, são escassos os estudos sobre os padrões gerais de expressão de lncRNAs em características de qualidade da carne. Portanto, objetivou-se identificar lncRNA diferencialmente expressos em animais divergentes para a característica de maciez da carne, além de anotação de QTLs em sobreposição com essas regiões. Esses lncRNAs foram enriquecidos em vias relacionadas à atividade catalítica, estrutural e à regulação biológica envolvida em mecanismos musculares. Esses achados trazem novas perspectivas para melhor compreensão dos mecanismos biológicos envolvidos na regulação gênica da maciez da carne.

Palavras-chave: qualidade de carne, QTL, reguladores de transcrição, RNA-seq.

Identification of lncRNA expression profile associated with meat tenderness in Nelore cattle

Abstract: Long non-coding RNAs (lncRNAs) play key roles in transcriptional and post transcriptional regulation. However, studies on the general expression patterns of lncRNAs in meat quality traits are scarce. Therefore, the objective of this study was to identify lncRNA differentially expressed in animals divergent for meat tenderness, in addition to annotate QTLs in overlap with these regions. These lncRNAs were enriched in pathways related to catalytic activity, structural and biological regulation involved in muscle mechanisms. These findings bring new perspectives for a better understanding of the biological mechanisms involved in the gene regulation of meat tenderness.

Keywords: meat quality, QTL, RNA-seq, transcription regulators.

Introdução

As evidências acumuladas na última década mostram que RNAs longos não codificantes (lncRNAs) têm papel fundamental na regulação gênica. No entanto, pouco se sabe atualmente sobre os mecanismos pelos quais eles atuam nas vias de regulação celular em características de qualidade da carne. Dentre os diversos fatores que afetam a qualidade, o principal relatado pelos consumidores é a maciez da carne. Evidências demonstram que os consumidores estão dispostos a pagar mais por maciez garantida (Boleman et al., 1997). Dessa forma, o entendimento sobre os mecanismos genéticos por trás dos perfis de expressão de transcrição de características de qualidade da carne, como a maciez, pode auxiliar no entendimento da atuação dos elementos regulatórios e estabelecer uma base para estratégias de melhoramento genético. Portanto, o objetivo deste estudo foi identificar lncRNAs gênicos e intergênicos diferencialmente expressos em bovinos Nelore divergentes para a maciez da carne, além de anotar QTL em sobreposição com essas regiões. Esses resultados podem fornecer novos esclarecimentos sobre a função do lncRNA dentro de um contexto de maciez da carne e melhorar a compreensão dos mecanismos biológicos envolvidos nessa característica.

Material e Métodos

Foram selecionados 20 bovinos Nelore extremos para a maciez da carne pertencentes ao programa de Melhoramento Nelore Qualitas. Os animais foram abatidos com idade média de 24 meses e, imediatamente após o abate, foram coletadas amostras do tecido muscular para posterior análise. A maciez foi avaliada por força de cisalhamento Warner-Bratzler (WBSF), seguindo a metodologia proposta por Bratzler (1949). A extração do RNA total foi efetuada utilizando o kit RNeasy Lipid Tissue Mini Kit

(Qiagen, Valencia, CA, EUA), segundo as recomendações do fabricante. Para a análise de RNA-seq, as bibliotecas de cDNA foram sequenciadas em equipamento Illumina HiSeq 2500 por meio de protocolo paired-end (2x100pb). A ferramenta "Large Gap Read Mapping", implementada no software CLC Genomics Workbench 20.0.4 (CLC Bio, Aarhus, Dinamarca), foi utilizada para mapear as leituras de sequência emparelhadas de acordo com o genoma de referência ARS.UCD1.2, enquanto o plugin Transcript Discovery do CLC Genomic workbench (CLC Bio, Aarhus, Dinamarca; Versão 20.4) foi usado para a identificação dos transcritos. Para identificar os potenciais RNAs longos não codificantes, foi utilizado o software Feeln. Além disso, foi calculado o "coding potential score (CPS)" dos transcritos, classificando-os como lncRNAs putativos e RNAs codificadores de proteínas. Para as análises de expressão diferencial foi utilizado o software CLC Genomics Workbench 12.0 (CLC Bio, Aarhus, Dinamarca). A ferramenta FEELnc (software FEELnc) foi empregada para classificar os lncRNAs em gênicos e intergênicos, de acordo com suas localizações e direcionamento no genoma de referência em relação aos mRNAs associados aos mesmos. Para a anotação dos QTL em sobreposição com regiões de codificação de lncRNAs diferencialmente expressos, foi utilizado o pacote em R Genomic Annotation in Livestock for positional candidate Loci (GALLO).

Resultados e Discussão

Os lncRNAs foram caracterizados de acordo com sua localização gênica. Foram identificadas duas categorias gerais: os lncRNA gênicos e intergênicos (lincRNAs). Os lncRNAs gênicos se sobrepõem a um *locus* do gene codificador de proteínas enquanto os lincRNAs, não. Os lncRNAs gênicos foram ainda classificados em exônicos e intrônicos. Para maciez, foram observados quatro lncRNA exônicos (lncRNA_595.1, lncRNA_71.3, lncRNA_775.7 e lncRNA_688.5) sobrepondo parte dos genes, tais como: PICK1, DIPK2A, RANBP3 e SLC49A3; e três lncRNAs intrônicos (lncRNA_3440.2, lncRNA_3097.2 e lncRNA_3129.5) sobrepondo os genes: ABCC1, GADL1 e PSMD6. Alguns dos genes associados ao lncRNA diferencialmente expressos, como PICK1, GADL1 e PMD6, foram enriquecidos nas vias associadas ao receptor ionotrópico de glutamato, síntese de ácido gama-aminobutírico e via da ubiquitina-proteassoma, respectivamente (Figura 1). Nove lincRNA diferencialmente expressos foram regulados positivamente em animais com carne dura em comparação com o grupo de carne macia, enquanto dez foram regulados negativamente. Esses lincRNAs foram relacionados a diversos genes, entre eles o ECE1, UBE2K e TLE1. Esses genes foram enriquecidos em três vias associadas à endotelina, via da ubiquitina-proteassoma e sinalização Wnt (Figura 1).

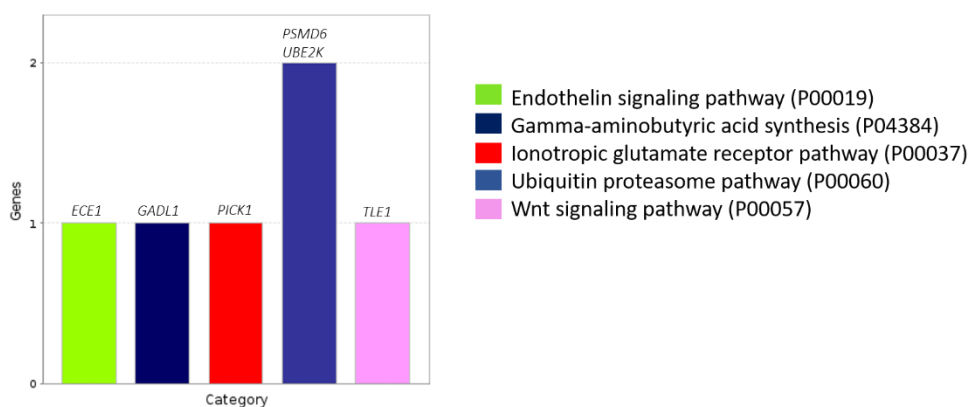


Figura 1: Processos biológicos envolvidos com a maciez da carne em bovinos Nelore.

A análise de anotação de QTL foi realizada para regiões do genoma que codificam lncRNA diferencialmente expressos para maciez da carne. Um total de 50% dos QTLs em sobreposição com as regiões de lncRNA diferencialmente expressos estão localizados no cromossomo 25 e são relacionados a características reprodutivas (Figura 2), sendo taxa de prenhez e facilidade de parto as mais representativas dentro do número total de QTLs anotados.

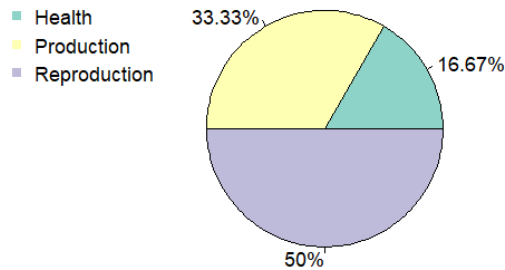


Figura 2: Porcentagem total de QTLs anotados para regiões de lncRNA diferencialmente expressos.

Esses resultados podem sugerir regiões portadoras de QTLs no cromossomo 25, com possível efeito pleiotrópico na maciez da carne e características reprodutivas. Estudos genômicos realizados para a característica de maciez da carne relataram regiões gênicas e genes expressos associados a essas características em bovinos Nelore, que estão localizados no cromossomo 25 (Castro et al., 2017). Por outro lado, outros estudos têm mostrado a associação entre essas mesmas regiões com características reprodutivas. Por exemplo, Melo et al. (2018) identificaram SNP nos cromossomos 14 e 25, associados a características reprodutivas em bovinos de corte (Nelore e Brahman). Além disso, Melo et al. (2017) relataram vários genes associados a eventos reprodutivos envolvidos em vias em comum às identificadas nesse estudo. Assim, esses resultados podem estar indicando uma possível correlação genética entre a maciez da carne e características reprodutivas.

Conclusão

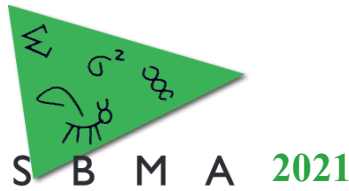
Os resultados obtidos avançam na compreensão dos papéis da regulação da transcrição de lncRNAs e a crescente importância dessas moléculas para a característica de qualidade de carne. No entanto, pesquisas adicionais para entender a interação entre lncRNA e mRNAs afetando a maciez da carne e possíveis efeitos pleiotrópicos sobre as características reprodutivas, são necessárias.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo -FAPESP #2016/239376; #2017/10630-2, #2018/20026-8 e #2017/04270-3

Literatura citada

- Boleman SJ, Boleman SL, Miller RK, Taylor JF, Cross HR, Wheeler TL, Koohmaraie M, Shackelford SD, Miller MF, West RL. 1997. Consumer evaluation of beef of known categories of tenderness. **Journal of animal science**, 75,1521-1524.
- Bratzler, L. J. Determining the tenderness of meat by using the Warner-Bratzler method. In: Proceedings Second Annual Reciprocal Meat Conference National Livestock and Meat Board, 1949, 117.
- Castro, L. M., Rosa, G. J. M., Lopes, F. B., Regitano, L. C. A., Rosa, A. J. M., & Magnabosco, C. U. 2017. Genomewide association mapping and pathway analysis of meat tenderness in polled nellore cattle. **Journal of animal science**, 95,1945-1956 .
- Melo, T. P. D., De Camargo, G. M. F., De Albuquerque, L. G., & Carneiro, R. 2017. Genome-wide association study provides strong evidence of genes affecting the reproductive performance of Nellore beef cows. **PLoS One**, 12,1-4.
- Melo, T. P., Fortes, M. R., Bresolin, T., Mota, L. F., Albuquerque, L. G., & Carneiro, R. 2018. Multitrait meta-analysis identified genomic regions associated with sexual precocity in tropical beef cattle. **Journal of animal Science**, 96, 4087-4099.



Parâmetros e tendências genéticas de características de crescimento de bovinos Nelore criados na região Norte do Brasil.

Jorge Luís Ferreira^{1,2*}, Mariana Rocha Rodrigues³, Matheus Henrique Dias Rodrigues², Ana Beatriz Bezerra Sousa², Rafael Espigolan³, José Bento Sterman Ferraz³.

¹Programa de Pós-graduação em Sanidade Animal e Saúde Pública, Universidade Federal do Tocantins, Araguaína, TO, Brasil.

²Núcleo de Pesquisa e Extensão em Genética e Melhoramento Animal, Universidade Federal do Tocantins, Araguaína, TO, Brasil.

³Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, FZEA, USP, Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: jlferreira@uft.edu.br

Resumo: Objetivou-se estimar (co)variâncias, parâmetros genéticos e prever tendências genéticas de pesos aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade em bovinos da raça Nelore criados na região Norte do Brasil. A base de dados foi constituída com registros de 30.387 animais, nascidos entre 2000 a 2013 na região Norte do Brasil. As estimativas foram calculadas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), em análises uni e multicaracterística sob modelo animal. As herdabilidade, em modelos uni e multicaracterística, obtidas para P120 (0,22 e 0,31), P210 (0,20 e 0,34), P365 (0,51 e 0,51), e P450 (0,49 e 0,51) indicaram magnitudes de moderadas a altas com possibilidade de seleção genética e incorporação no rebanho. As correlações genéticas foram favoráveis entre as características de crescimento de 0,78 a 0,96. As tendências genéticas de P120 e P210 apresentaram grande amplitude, de - 0,31 a 4,68 e -0,53 a 7,62 kg/ano, respectivamente. Oscilações menores foram observadas nas tendências genéticas para P365 e P450, variando de -1,08 a 10,90 e -1,29 a 12,51 kg/ano, respectivamente. A seleção para P365 e P450 mostrou-se ser o critério de eleição para rebanhos Nelore criados na região, no entanto, essa seleção poderá comprometer o desempenho adulto, devido maior custo e tempo para produção. Recomenda-se análise minuciosa nos acasalamentos, promovendo a seleção de animais mais precoces.

Palavras-chave: Desempenho, herdabilidade, seleção, zebu

Estimates of genetic parameters and trends of growth traits of Nelore cattle raised in Northern Brazil

Abstract: The objective of this study was to estimate (co) variances, genetic parameters and predict genetic weight trends at 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) and 450 (P450) days of age in Nelore cattle reared in the Northern region of the Brazil. The database consisted of records of 30,387 animals, born between 2000 and 2013 in the northern region of Brazil. The estimates were calculated using the Maximum Restricted Likelihood method (BLUPF90), in uni and multicharacteristic analyzes under animal model. The heritability obtained for P120 (0.22), P210 (0.20), P365 (0.51), and P450 (0.49) indicated the possibility of genetic selection and incorporation in the herd. The genetic correlations were favorable between the growth characteristics from 0.78 to 0.96. The genetic trends of P120 and P210 showed great amplitude, from - 0.31 to 4.68 and -0.53 to 7.62 kg / year, respectively. Minor fluctuations were observed in the genetic trends for P365 and P450, ranging from -1.08 to 10.90 and -1.29 to 12.51 kg / year, respectively. The selection for P365 and P450 proved to be the criterion of choice for Nelore herds raised in the region, however, this selection may compromise adult performance, due to the higher cost and time for production. Thorough analysis of mating is recommended, promoting the selection of earlier animals.

Keywords: heritability, performance, selection, zebu.

Introdução

O Brasil, por ser um país de grande extensão territorial, apresenta sistemas heterogêneos de exploração de bovinos caracterizados pelas diferenças climáticas, econômicas, culturais e disponibilidade de recursos naturais relacionados à produção animal. Esta diversidade acarreta oportunidades diferentes na expressão de um mesmo genótipo, o que dificulta a identificação de indivíduos geneticamente superiores para reprodução, bem como o desempenho dos rebanhos. O conhecimento das tendências e estimativas de



parâmetros genéticos para características de interesse econômico é crucial para realização de ajustes necessários ao processo seletivo, em que critérios de seleção estabelecidos sejam reorganizados, bem como a avaliação genética do rebanho. Dessa forma, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos e prever as tendências genéticas para pesos padronizados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade em bovinos da raça Nelore criados na região Norte do Brasil e manejados a pasto.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações de pesos padronizados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade (P120, P210, P365 e P450) pertencentes a animais da raça Nelore, nascidos entre os anos de 2000 a 2013, criados em rebanhos localizados nos Estados da região Norte do Brasil e participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (Nelore Brasil), da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Os dados iniciais incluíram 30.387 registros e, para a execução das análises foram realizadas restrições ao banco de dados, resultando numa matriz de parentesco contendo 50.634 animais distribuídos em 14 gerações. As análises genéticas foram realizadas ajustando-se um modelo que incluía os seguintes efeitos: idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático), sexo do animal, estação de nascimento e fazenda. Para definir os efeitos fixos incluídos nos grupos contemporâneos, foi utilizado o procedimento GLM (General Linear Model), e a análise genética foi realizada ajustando-se o modelo animal. Na notação matricial, os modelos lineares mistos para características pré- desmama (P120 e P210) e pós-desmama (P365 e P450). A partir dos componentes de variância estimados, foram calculados os coeficientes de herdabilidade e as correlações genéticas e as tendências genéticas. Para ilustrar e prever o ganho genético baseado nos componentes de variância e parâmetros genéticos, realizou-se simulação do ganho genético. Dessa forma, o ganho genético (ΔG) pode ser dado em kg/ano. O cálculo do coeficiente de endogamia (F) foi realizado por meio do algoritmo recursivo que assume endogamia diferente de zero para animais com pais desconhecidos implementado no programa computacional INBUPGF90 (Aguilar e Misztal, 2008), conforme Wright (1923).

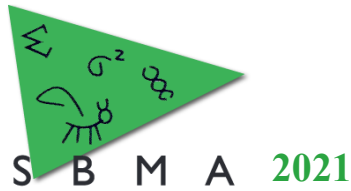
Resultados e Discussão

O coeficiente de endogamia dos animais estudados variou de 0 a 44%, com F médio de 1,87%. Uma parcela de 98% dos animais apresentou F menor que 6,25% e apenas 0,08% denotaram F maior que 25%. As estimativas dos componentes de (co)variâncias e herdabilidade, obtidas por meio de análises unicaracterísticas e multicaracterística, para as características de crescimento podem ser visualizadas na Tabela 1.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para as características de crescimento (P120, P210, P365 e P450) de bovinos nelore criados no norte do Brasil, obtidas por meio de análise unicaracterística e multicaracterística.

Modelos analisados	Caracter	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{pe}	σ^2_e	$h^2_d \pm DP$	$h^2_m \pm DP$
UNI	P120	51,49	32,40	31,99	114,60	0,22±0,02	0,14±0,01
	P210	83,92	64,22	64,72	201,50	0,20±0,02	0,15±0,01
	P365	254,66	-	-	244,92	0,51±0,01	-
	P450	272,86	-	-	278,57	0,49±0,02	-
MULTI	P120	65,18	6,92	6,70	126,05	0,31 ±0,01	0,07± 0,08
	P210	134,73	27,37	7,82	232,54	0,34 ±0,01	0,06± 0,06
	P365	287,47	-	-	278,02	0,51 ±0,01	-
	P450	326,46	-	-	313,67	0,51 ±0,01	-

UNI – Modelo Unicaracterística; MULTI – Modelo Multicaracterística; P120-Peso padronizado aos 120g dias em kg, P210-Peso padronizado aos 210 dias em kg, P365-Peso padronizado aos 365 dias em kg, P450-Peso padronizado aos 450 dias em kg, h^2_d - Herdabilidade direta, h^2_m - Herdabilidade materna, DP- Desvio padrão, σ^2_a - Variância genética animal direta, σ^2_m - Variância genética animal materna, σ^2_{pe} - Variância genética de ambiente permanente, σ^2_e - Variância genética residual.



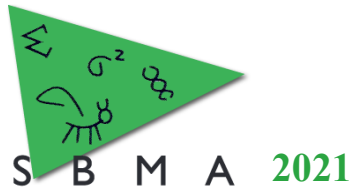
As estimativas de variâncias genética direta bem como, as herdabilidades direta para as características de pré-desmama (P120 e P210), em ambos os modelos, sofreram variação conforme o modelo. Uma possível explicação poderia ser definida, em função dos modelos multicaracterísticos melhor representarem os resultados de seleção, já que consideram diversas características conjuntamente nas análises de estimação. Esse aumento na diferença do componente de variância genético aditivo reflete a redução do viés existente nas análises que consideram apenas o desempenho de uma característica individualmente ou que consideram somente duas características como critério de avaliação (Meyer, 1991; Boligon et al. 2009). As estimativas de variância dos efeitos genéticos maternos foram baixas e explicaram a pouca importância do efeito materno na expressão do fenótipo pré-desmama de bovinos Nelore para características de crescimento. O efeito de ambiente permanente maternal contribuiu com 13% no P120 e com 15,62% no P210, exercendo também pouco efeito no fenótipo pós-desmama dos indivíduos. Com relação às características de pós-desmama (P365 e P450), tanto em análises uni como multicaracterística, não houve grande variação para as herdabilidades, reforçando a hipótese que nos rebanhos estudados no presente trabalho, a maior pressão de seleção é aplicada às características de pós-desmama. Neste estudo, a seleção dos animais para reprodução foi praticada com base nos pesos pós-desmama e, portanto, a utilização dos pesos obtidos antes a seleção em análises multicaracterística permitiu remover da variância genética aditiva o viés devido à seleção. As estimativas das herdabilidades diretas sugerem que, na população estudada, existe variabilidade genética suficiente para se obter ganho genético considerável, por meio da seleção, principalmente a partir da desmama, visto que as estimativas, no período pós-desmama praticamente se mantiveram constantes e altas, em ambos os modelos. As estimativas de correlações genéticas entre todas as características foram altas e positivas, indicando uma forte associação genética entre as características de crescimento. As correlações genéticas entre os pesos pré e pós-desmame foram altas e positivas, sugerindo que muitos dos fatores genéticos que influenciam o peso corporal no desmame são os mesmos que influenciam na idade adulta. As análises de tendências genéticas demonstraram aumento linear e expressivo, sendo o ganho genético variando de -0,31 a 4,68 kg/ano e -0,53 a 7,62 kg/ano para P120 e P210, respectivamente. Essa variação pode ser explicada devido à falta de estabelecimento dessas características como critério de seleção. De forma semelhante, foi observado mesmo comportamento para as tendências genéticas das características de pós-desmama (P365 e P450), em que o desempenho genotípico e/ou ganhos genéticos foram superiores ao longo das gerações, variando de -1,08 a 10,90 kg/ano para P365, e de -1,29 a 12,51 kg/ano para P450.

Conclusão

As estimativas de herdabilidade direta, obtidas para os pesos, apresentaram valores de média a alta magnitudes, existindo variabilidade genética aditiva para seleção no rebanho Nelore da região norte do Brasil. Da mesma forma, há oportunidade de ganho genético com a seleção para peso nesta raça, mostrando também a necessidade de antecipar a seleção para pesos pré-desmama, pois as correlações genéticas entre os pesos estudados apresentaram valores altos e positivos, indicando que animais geneticamente superiores, principalmente a partir da desmama, deverão, em grande parte, ser superiores também nas idades posteriores. Os valores obtidos para a tendência genética direta, para as características P120, P210, P365 e P450, apesar de apresentarem oscilações, caracterizam-se como um progresso que deve ser levado em consideração, pois os ganhos são estáveis, cumulativos e permanentes durante o período estudado.

Literatura citada

- AGUILAR, I. & MISZTAL, I. Technical Note: Recursive Algorithm for Inbreeding Coefficients Assuming Nonzero Inbreeding of Unknown Parents. *Journal Dairy Science*, v.91, p.1669–1672, 2008.
- WRIGHT, S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. In. *The measurement of inbreeding and relationship*. *Journal of Heredity*, v.14, p.339-348, 1923.
- BOLIGON, A. A., ALBUQUERQUE, L. G., MERCADANTE, M. E. Z., LÔBO, R. B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, n.12, p. 2320-2326, 2009.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, v.52, n.1, p.179-204, 1992.



Impacto da composição de grupos de contemporâneos na predição de valores genéticos para Idade ao Primeiro Parto de novilhas Nelore

Larissa Bordin Temp^{1*}, Delvan Alves Silva², Roberto Carneiro², Lucia Galvão de Albuquerque²,
Pamela Itajara Otto¹, Fernanda Breda Mello¹, Thaise Pinto de Melo¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria UFSM, Santa Maria, RS, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Julio de Mesquita Filho UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Bolsista FIPE Júnior. Autor correspondente: larissa_temp@hotmail.com

Resumo: O objetivo com este estudo foi comparar diferentes estruturas e variabilidades de grupos de contemporâneo (GC) quanto às estimativas de herdabilidade, acurácia, viés e dispersão dos valores genéticos para a idade ao primeiro parto (IPP) em novilhas Nelore. Dados de características reprodutivas da raça Nelore pertencentes a base de dados da Aliança Nelore foram utilizados. Foram avaliados 3 modelos estatísticos com diferentes composições de GC (MS1, MS2 e MS3), incluindo as variáveis safra, estação de nascimento, fazenda, grupo de manejo ao sobreano do animal. GC com menos de 15 observações foram eliminados. Desvios-padrão (SD) de $\pm 2,0$; $\pm 2,5$; $\pm 3,0$ e $\pm 3,5$ foram usados para remoção de outliers dentro de GC. A população de validação foi formada pelos animais mais jovens pertencentes às três últimas safras. Modelos que produziram maior acurácia e dispersão e menor viés foram considerados os de melhor ajuste. A h^2 variou de 0,04 a 0,06. A acurácia variou de 0,77 a 0,83. O viés e a dispersão apresentaram maior variação, de -0,001 a -0,38 e de 0,67 a 0,94. O SD de $\pm 2,0$ produziu maior acurácia (0,83) sob todos os modelos avaliados; o SD de $\pm 3,0$ produziu menor viés (-0,001) sob MS1 e MS2, e o SD de $\pm 2,5$ produziu maior dispersão (0,94) sob MS3. O SD de $\pm 3,5$ produziu melhores valores de viés e dispersão. Não houve diferença significativa entre os modelos e SD avaliados quanto aos parâmetros avaliados para o ajuste.

Palavras-chave: acurácia, bovinos de corte, desvio-padrão, herdabilidade, IPP, sobreano.

Impact of Contemporary groups on accuracy of breeding values of age at first calving in Nelore cattle

Abstract: The aim with this study was to compare different structures and variabilities of contemporary groups regarding heritability estimates, accuracy, bias and dispersion of breeding values for age at first calving (AFC) in Nelore heifers. Phenotypes were provided from Aliança Nelore database. Three statistical models with different contemporary group composition (CG) were evaluated (MY1, MY2, MY3, MY4 e MY5), formed by the variables crop, birth season, farm and management group at the animal's yearling. CG with fewer than 15 observations were eliminated. Standard deviations (SD) of ± 2.0 ; ± 2.5 ; ± 3.0 and ± 3.5 were used to remove outliers. Validation population was composed by young animals from the last three crops. Models that produced the highest accuracy and dispersion and the lowest bias were considered the best fit. The h^2 ranged from 0.04 to 0.06. Accuracy ranged from 0.77 to 0.83. Bias and dispersion showed the greatest variation, from -0.001 to -0.38 and from 0.67 to 0.94. The SD of ± 2.0 produced the highest accuracy (0.83) under all models evaluated; the SD of ± 3.0 produced the lowest bias (-0.001) under MS1 and MY2, and the SD of ± 2.5 produced the highest dispersion (0.94) under MY3. The SD of ± 3.5 produced better bias and dispersion values. There was no significant difference between the models and SD evaluated regarding the parameters evaluated.

Keywords: accuracy, AFC, beef cattle, heritability, standard deviation, yearling.

Introdução

Os grupos de contemporâneos (GC) são comumente incluídos nas avaliações genéticas com o objetivo de separar efeitos genéticos e ambientais no modelo e agrupar animais criados sob as mesmas condições ambientais. Diferentes definições de GC são utilizadas nas avaliações de bovinos de corte, os critérios de inclusão dos fatores variam de acordo com o sistema de criação dos animais e dos efeitos ambientais que possam influenciar a característica em estudo. Além da definição do GC, outro aspecto que merece atenção é a variabilidade observada dentro de grupo. A identificação de fenótipos extremos que não

condizem com o intervalo biológico esperado precisa ser realizada a fim de remover possíveis outliers e reduzir o viés das estimativas.

Não existe na literatura um consenso quanto a melhor definição e variabilidade de GC para características reprodutivas em bovinos. Em geral, estas são de baixa herdabilidade e com elevada influência ambiental, o que reforça a importância da correta definição de GC para obtenção de valores genéticos mais acurados. Assim, o objetivo com o este estudo foi comparar diferentes estruturas e variabilidades de GC quanto às estimativas de herdabilidade, acurácia e viés dos valores genéticos para a idade ao primeiro parto em fêmeas Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizados dados da idade ao primeiro parto (IPP) de novilhas pertencentes a base de dados da Aliança Nelore. Foram testados diferentes modelos, variando conforme a constituição dos GC e outros efeitos fixos. O GC do modelo base (MS1) foi formado pela concatenação das variáveis safra, estação de nascimento, fazenda e grupo de manejo ao sobreano do animal. Essa definição de GC foi comparada com outros modelos, o quais diferiram nas composições dos efeitos incluídos para formar o GC (Tabela 1). GCs com menos de 15 observações foram eliminados. Quatro desvios-padrão (SD) foram testados para a remoção dos outliers: $\pm 2,0$; $\pm 2,5$; $\pm 3,0$ e $\pm 3,5$ como descrito por Silva et al. (2017). O valor médio do tamanho do arquivo de fenótipos e de pedigree foi de 168.506 e 1.348.163 animais, respectivamente. A população de validação (dados parciais) foi formada pelos animais mais jovens pertencentes às safras 16, 17 e 18, e a população de treinamento (dados completos) foi composta por todos os animais que continham fenótipo. A acurácia foi obtida como a correlação dos valores genéticos estimados (EBV) dos animais na população de validação sobre os EBVs destes animais na população de treinamento. O modelo animal utilizado incluiu os efeitos fixos apresentado na Tabela 1 e como efeitos aleatórios o valor genético aditivo dos animais e os resíduos. Os critérios utilizados para avaliar o ajuste dos modelos foram: acurácia, viés e dispersão dos valores genéticos estimados de modo similar ao proposto pelo método LR (Legarra e Reverter, 2018). As estimativas dos valores genéticos e componentes de variância foram obtidas utilizando-se os programas da família BLUPf90 (Misztal et al., 2018).

Tabela 1. Modelos avaliados conforme a composição do grupo de contemporâneo para a idade ao primeiro parto de fêmeas Nelore

Modelos	GC				Efeitos fixos fora de GCs	
	Safra	EN	Fazenda	GMs	Safra	EN
MS1	X	X	X	X		
MS2		X	X	X	X	
MS3	X		X	X		X

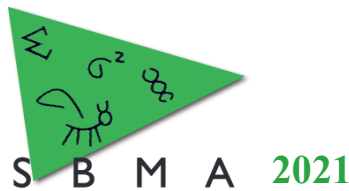
EN = estação de nascimento; GMs = grupo de manejo ao sobreano do animal.

Resultados e Discussão

As estimativas de h^2 para IPP foram baixas para os modelos avaliados, variando de 0,04 a 0,06 (Tabela 2). A acurácia foi em geral elevada e não apresentou grande variabilidade entre os modelos (0,77 a 0,83). O viés e a dispersão apresentaram maior variação, de -0,001 a -0,38 e de 0,67 a 0,94, respectivamente. O SD de $\pm 2,0$ produziu maior acurácia (0,83) sob todos os modelos avaliados; o SD de $\pm 3,0$ produziu menor viés (-0,001) sob MS1 e MS2, e o SD de $\pm 2,5$ produziu maior dispersão (0,94) sob MS3.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade, viés, dispersão e acurácia para modelos com diferentes definições de GC e utilizando diferentes valores de desvio-padrão como critério de variabilidade dentro de GC

Modelos	Desvio-padrão	Herdabilidade	Acurácia	Viés	Dispersão
MS1	$\pm 2,0$	0,04	0,83	-0,19	0,89
	$\pm 2,5$	0,05	0,77	-0,24	0,67
	$\pm 3,0$	0,05	0,81	-0,001	0,90
	$\pm 3,5$	0,06	0,81	-0,06	0,91
	$\pm 2,0$	0,04	0,83	-0,19	0,89



MS2	$\pm 2,5$	0,05	0,81	-0,23	0,91
	$\pm 3,0$	0,05	0,81	-0,001	0,90
	$\pm 3,5$	0,06	0,81	-0,06	0,91
MS3	$\pm 2,0$	0,04	0,83	-0,07	0,91
	$\pm 2,5$	0,05	0,82	-0,12	0,94
	$\pm 3,0$	0,05	0,82	-0,38	0,92
	$\pm 3,5$	0,06	0,81	0,01	0,93

De modo geral, os critérios utilizados para a avaliação do ajuste dos modelos, isto é, acurácia, viés e dispersão não apresentaram grande diferença quanto aos diferentes modelos e SD avaliados. Os valores de acurácia encontrados são altos e maiores do que o reportado na literatura para IPP em bovinos Nelore. Já o viés encontra-se abaixo do reportado na literatura, mesmo para o pior cenário. Garcia (2019) encontrou valores de 0,41 e 0,89 para acurácia e viés em animais na raça Nelore, por meio da análise tradicional baseada no pedigree para IPP. O modelo utilizado pelo autor foi formado pelas variáveis GC (fixo), idade do animal (covariável), idade do animal quadrática (covariável), classe de idade da mãe ao parto e sexo do filho (fixo), além dos efeitos genético direto e residual. Já Silva et al. (2017), utilizaram a resposta à seleção como critério de avaliação dos modelos e observaram maiores ganhos genéticos em GCs com pelo menos 15 animais associados a desvios-padrão de 2,5; 3,0 e 3,5. Ressaltam que mesmo havendo remoção de outliers de forma padronizada nas avaliações genéticas, ainda haveriam diferenças nas estimativas dos parâmetros genéticos devido as condições ambientais em que estes animais são submetidos e às particularidades de cada população.

Conclusão

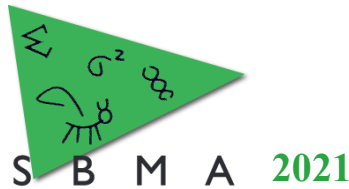
Não houve diferença significativa entre os modelos e SD avaliados quanto às estimativas de acurácia. O viés e a dispersão apresentaram maior variabilidade entre SD, com melhores estimativas no SD de $\pm 3,5$.

Agradecimentos

Ao CCR da UFSM pelo apoio financeiro com a bolsa FIPE júnior. Aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore (www.gensys.com.br) por ceder os dados.

Literatura citada

- Garcia, A. Implementação da seleção genômica para idade ao primeiro parto em fêmeas Nelore. 2019. 19 f. **Dissertação (Mestrado em Zootecnia)** - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2019.
- Legarra, A., Reverter, A. 2018. Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genetics Selection Evolion** 50, 53.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. A. L. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, Z. Vitezica. 2018. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia.
- Pereira, E., Eler, J. P., Ferraz, J. B. S. et al. 2002. Análise genética de características reprodutivas na raça nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 37, 703-708.
- Silva, D. A., Silva, F. F., Ventura, H. T., Junqueira, V. S., Silva, A. A., Mota, R. R., Lopes, P. S. 2017. Contemporary groups in the genetic evaluation of Nellore cattle using Bayesian inference. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 52, 643-651.
- Smith, B. A., Brinks, J. S., Richardson, G.V. 1989. Estimation of genetic parameters among reproductive and growth traits in yearling heifers. **Journal of Animal Science**, 67, 2886-2891.



O tamanho do grupo de contemporâneo afeta a avaliação genética da idade ao primeiro parto?

Larissa Bordin Temp^{1*}, Delvan Alves Silva², Roberto Carneiro², Lucia Galvão de Albuquerque²,
Pamela Itajara Otto¹, Fernanda Breda Mello¹, Thaise Pinto de Melo¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria UFSM, Santa Maria, RS, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Bolsista FIPE Júnior. Autor correspondente: *larissa_temp@hotmail.com*

Resumo: O objetivo foi avaliar o efeito de diferentes definições e números de animais por grupo de contemporâneo (GC) sobre as estimativas de herdabilidade (h^2) e valores genéticos preditos para a idade ao primeiro parto (IPP) de fêmeas Nelore. Para as análises genéticas utilizou-se a base de dados da Aliança Nelore. Seis modelos foram avaliados, testando-se diferentes composições de GC para IPP, os quais foram formados pelas variáveis safra, estação de nascimento, fazenda, sexo e grupo de manejo ao desmame do primeiro produto. Foram testados os tamanhos mínimos de 3, 7 e 15 animais por GC. A população de validação (dados parciais) foi formada pelos animais mais jovens, pertencentes às safras 16, 17 e 18, e a população de treinamento (dados completos) foi composta por todos os animais que continham fenótipo. Os critérios avaliados para determinar os modelos que produziram melhor ajuste foram: viés, dispersão e acurácia dos valores genéticos preditos. A h^2 variou de 0,24 a 0,38. A acurácia variou de 0,40 a 0,59, o viés de -0,18 a 0,59 e a dispersão de 0,61 a 0,73. Os modelos MD1 e MD2 com no mínimo 7 animais apresentaram os menores valores de viés. A acurácia e a dispersão não alteraram significativamente entre modelos e tamanhos de GC.

Palavras-chave: desmame, Nelore, parâmetros genéticos, tamanho de GC.

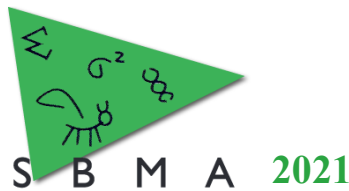
Does the contemporary group size affect the genetic evaluations of age at first calving?

Abstract: The aim was to evaluate the effect of different composition and size of contemporary groups (CG) on heritability (h^2) and predicted breeding values for age at first calving (AFC) in Nelore cattle. Phenotype data was provided by Aliança Nelore. A total of six CG models were evaluated, testing different GC composition for age at first calving, formed by the variables crop, birth season, farm, sex and management group at weaning of the first product. Minimum sizes of 3, 7, and 15 animals per CG were tested. The validation population (partial data) was formed by the youngest animals, belonging to vintages 16, 17 and 18, and the training population (complete data) was composed of all animals that contained phenotype. The criteria evaluated to determine the models that produced the best fit were: bias, dispersion and accuracy of predicted genetic values. The h^2 ranges from 0,24 to 0,38. The accuracy ranged from 0.40 to 0.59, bias -0.18 to 0.59 and dispersion 0.61 to 0.73. The models MY1 and MY2 with at least 7 animals presented the lowest bias values. Accuracy and dispersion did not change significantly between models and CG sizes.

Keywords: CG size, genetic parameters, Nelore, weaning.

Introdução

O efeito de grupo de contemporâneo (GC) nos modelos de avaliação genética tem como propósito realizar a correção para os efeitos não genéticos que possam interferir na expressão do fenótipo. A característica idade ao primeiro parto (IPP) registra o início da vida produtiva das novilhas, reflete a produtividade do rebanho e sua antecipação está diretamente relacionada com a eficiência e lucratividade da produção de bovinos (Dias; Faro; Albuquerque, 2004). Alguns fatores são comumente incluídos nos modelos estatísticos para as avaliações genéticas de características reprodutivas em bovinos de corte, tais como: fazenda, estação, ano ou safra de nascimento. Porém, na definição de GC para a avaliação genética de IPP é importante incluir informações que permitam agrupar os animais submetidos as mesmas condições de manejo do nascimento ao primeiro parto. Além disso, o tamanho do GC que melhor se ajuste aos dados também precisa ser avaliado, a fim de maximizar a homogeneidade dentro de GC. O objetivo com o estudo



foi avaliar o efeito de diferentes definições e números de animais por GC sobre as estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos para IPP em fêmeas Nelore.

Material e Métodos

Os dados da IPP de novilhas Nelore utilizados nas análises pertencem a base de dados Aliança Nelore, o qual contém registros de animais criados a pasto em diferentes rebanhos comerciais das regiões centro-oeste, sudeste, norte e nordeste do Brasil e Paraguai. Seis diferentes modelos foram avaliados, variando a constituição dos GC e outros efeitos fixos. O GC formado pelas variáveis safra, estação de nascimento (estação 1: primavera e verão; estação 2: outono e inverno), fazenda, sexo e grupo de manejo ao desmame do primeiro produto foi utilizado como modelo base (MD1). Essa definição de GC foi testada alternando-se diferentes composições dos efeitos incluídos no modelo (Tabela 1). Os tamanhos mínimos de GC utilizados foram: 3, 7 e 15 observações, como em Silva et al. (2017). O desvio-padrão utilizado para a remoção dos outliers foi $\pm 3,0$. O arquivo de fenótipos apresentou tamanho médio de 169.088 animais. O arquivo de pedigree foi composto por 1.348.163 animais. A população de validação (dados parciais) foi formada pelos animais mais jovens, pertencentes às três últimas safras, isto é, 16, 17 e 18, e a população de treinamento (dados completos) foi composta por todos os animais que continham fenótipo. A acurácia foi calculada como a correlação dos valores genéticos estimados (EBV) dos animais na população de validação sobre os EBVs dos animais na população de treinamento. As análises foram realizadas sob o modelo animal utilizando os programas da família BLUP90 (Misztal et al., 2018). Os critérios utilizados para avaliar o ajuste dos modelos foram: acurácia, viés e dispersão dos valores genéticos estimados similarmente ao proposto pelo método LR (Legarra e Reverter, 2018).

Tabela 1. Modelos avaliados conforme a composição do grupo de contemporâneos para a idade ao primeiro parto de fêmeas Nelore

Modelos	GC					Efeitos fixos fora de GC		
	Safra	EN	Fazenda	GMd	Sexo	Safra	EN	Sexo
MD1	X	X	X	X	X			
MD2	X	X	X	X				X
MD3	X		X	X			X	X
MD4	X		X	X	X		X	
MD5		X	X	X		X		X
MD6		X	X	X		X		

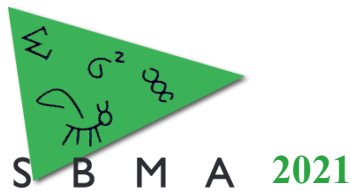
EN= estação de nascimento; GMd = grupo de manejo ao desmame do 1º produto; sexo = sexo do 1º produto.

Resultados e Discussão

A h^2 variou de 0,11 a 0,38 (Tabela 2). Estes valores encontram-se em conformidade ao encontrado na literatura (Bolígon, et al., 2008). A acurácia no geral foi baixa e apresentou moderada variabilidade entre os modelos (0,40 a 0,59). O viés e a dispersão apresentaram variação, de -0,18 a 0,59 e de 0,61 a 0,73, respectivamente. O modelo MD4 com no mínimo 3 animais apresentou a maior acurácia e dispersão (0,59 e 0,73, respectivamente). Os modelos MD1 e MD2 apresentaram o menor viés (0,07) para o tamanho mínimo de 7 animais por GC.

Tabela 2. Herdabilidade, viés, dispersão e acurácia para os modelos com diferentes definições de GC

	MD1	MD2	MD3	MD4	MD5	MD6
Mínimo 3 animais						
Viés	0,31	0,31	0,41	0,41	0,70	0,70
Dispersão	0,72	0,72	0,73	0,73	0,73	0,73
Acurácia	0,58	0,58	0,47	0,59	0,50	0,50
Herdabilidade	0,27	0,27	0,24	0,24	0,25	0,25
Nº de animais na Validação	18.363	18.363	19.040	19.040	18.506	18.506
Mínimo 7 animais						



Viés	0,07	0,07	0,44	0,44	0,44	0,44
Dispersão	0,66	0,66	0,71	0,71	0,69	0,69
Acurácia	0,53	0,53	0,56	0,56	0,48	0,48
Herdabilidade	0,29	0,29	0,25	0,25	0,27	0,27
Nº de animais na Validação	15.054	15.054	17.093	17.093	15.374	15.374
Mínimo 15 animais						
Viés	-0,18	-0,18	0,59	0,59	0,11	0,11
Dispersão	0,61	0,61	0,68	0,68	0,62	0,62
Acurácia	0,44	0,44	0,51	0,51	0,40	0,40
Herdabilidade	0,38	0,38	0,28	0,28	0,33	0,33
Nº de animais na Validação	9.768	9.768	13.287	13.287	10.369	10.369

De modo geral, houve redução no valor do viés, dispersão e acurácia conforme aumentou o número mínimo de animais por GC. Espera-se que haja aumento da acurácia e dispersão com o aumento no número mínimo de animais dentro de GC, porém ao aumentar o número mínimo de animais ocorreu por consequência, uma redução no número total de animais com fenótipo. Reduzindo o tamanho mínimo de 3 para 7 ou 7 para 15 animais por GC houve uma redução gradual no número de animais com registro de cerca de 16,5% e 29,4%, respectivamente. Comparando o número mínimo de 3 para 15 houve redução de 41,06% animais. Ou seja, apesar de incluir maior número de informações por GC o tamanho de 15 foi mais rigoroso e teve uma redução no tamanho da população de validação, o que poderia explicar a redução na acurácia observada. Os modelos MD1 e MD2 apresentaram o melhor ajuste para o tamanho mínimo de 7 animais por GC, no qual o valor de viés foi mais baixo, e a acurácia e dispersão não diferiram tanto em comparação com os demais modelos e tamanho de GC. Além disso, observou-se que a melhor composição foi a que incluiu todos os efeitos agrupados dentro de GC. O efeito sexo dentro ou fora de GC não afetou as estimativas. Os valores de viés, acurácia e dispersão para ambos os modelos MD1 e MD2 foram: 0,31, 0,58, 0,72. Estes resultados discordam do observado em Silva et al. (2017), que concluíram que o tamanho mínimo de 15 produziu melhores respostas à seleção para IPP.

Conclusão

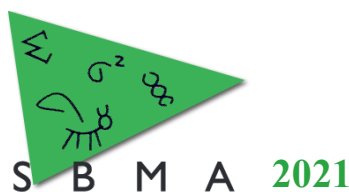
Os modelos MD1 e MD2 nos grupos com no mínimo 7 animais apresentaram o melhor ajuste para os parâmetros avaliados devido ao mais baixo viés. Os parâmetros de acurácia e dispersão não apresentaram grande variabilidade entre modelos e tamanhos de GC.

Agradecimentos

Ao CCCR da UFSM pela bolsa FIPE júnior. Aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore (www.gensys.com.br) por disponibilizarem os dados.

Literatura citada

- Carneiro, A.P.S., Torres, R. A., Euclides, R. F., Silva, M. A., Lopes, P. S., Carneiro, P. L. S., Filho, R. A. T. 2001. Efeito da conexão de dados sobre o valor fenotípico médio e a variância genética aditiva. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 30, 336-341.
- Boligon, A. A., Vozzi, P. A., Nomelini, J., Rorato, P. R. N., Bezerra, L. A. F., Lôbo, R. B. 2008. Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Ciência Rural**, Santa Maria, 38, 432-436.
- Dias, L. T., Faro, L., Albuquerque, L. G. 2004. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 33, 97-102.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. A. L. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, Z. Vitezica. 2018. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia.
- Silva, D. A., Silva, F. F., Ventura, H. T., Junqueira, V. S., Silva, A. A., Mota, R. R., Lopes, P. S. 2017. Contemporary groups in the genetic evaluation of Nelore cattle using Bayesian inference. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 52, 643-651.



Estimativas de parâmetros genéticos para características de carcaça e qualidade da carne em bovinos da raça Nelore, utilizando informação genômica

Leonardo Machestropa Arikawa^{1*}, Patrícia Iana Schmidt¹, Ana Fabrícia Braga Magalhães², Larissa Fonseca Simielli¹, Delvan Alves Silva¹, Luis Artur Loyola Chardulo^{3,4}, Roberto Carneiro^{1,4}, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,4}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV – UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), Diamantina, MG, Brasil.

³Departamento de Nutrição Animal e Melhoramento, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ – UNESP), Botucatu, SP, Brasil.

⁴Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: leearikawa@gmail.com

Resumo: O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), peso da carcaça quente (PCQ), maciez (MAC), marmoreio (MARM) e conteúdo de lipídios da carne (LIP) em bovinos da raça Nelore. O peso ao sobreano (PS) foi incluído como característica âncora. As estimativas de (co)variância e parâmetros genéticos foram obtidos por inferência bayesiana utilizando um modelo animal multi-característica, utilizando o procedimento *single-step* GBLUP (ssGBLUP). As estimativas de herdabilidade foram de 0,12 a 0,33, indicando a existência de variabilidade genética para as características estudadas. Correlações genéticas favoráveis foram estimadas entre PS–PCQ ($0,80 \pm 0,03$), PS–AOL ($0,29 \pm 0,05$), PCQ–AOL ($0,44 \pm 0,05$), MARM–LIP ($0,84 \pm 0,06$), MAC–LIP ($-0,18 \pm 0,11$), EGS–MARM ($0,31 \pm 0,07$), EGS–LIP ($0,23 \pm 0,08$) e PCQ–MAC ($-0,22 \pm 0,09$). Os resultados apontam que as características de carcaça devem responder rapidamente à seleção (h^2 variando de 0,28 a 0,33), enquanto as características de qualidade da carne, com estimativas de herdabilidade mais baixas (0,12 a 0,18), apresentarão uma resposta mais lenta. De forma geral, as correlações genéticas entre as características de carcaça e aquelas de qualidade de carne foram baixas a moderadas, desse modo, a seleção a curto prazo implicará em pequenos ganhos em respostas correlacionadas. Assim, para se alcançar avanços genéticos significativos em composição de carcaça e qualidade de carne, essas características devem compor os índices de seleção.

Palavras-chave: bovinos de corte, carcaça, Nelore, parâmetros genéticos, qualidade da carne.

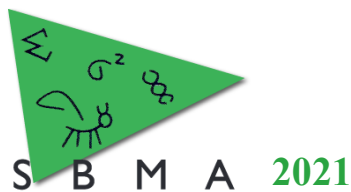
Estimates of genetic parameters for carcass and meat quality traits in Nelore cattle using genomic information

Abstract: The aim of this study was to estimate genetic parameters for longissimus muscle area (LMA), backfat thickness (BF), hot carcass weight (HCW), shear force (SF), marbling score (MARB), and meat lipid content (FAT) in Nelore cattle. Yearling Weight (YW) was included as an anchor trait. Estimates of (co)variance and genetic parameters were obtained by Bayesian inference using a multi-trait animal model, using the *single-step* GBLUP (ssGBLUP) procedure. Heritability estimates were of 0.12 to 0.33, indicating the existence of genetic variability for the studied characteristics. Favorable genetic correlations were estimated between YW–HCW (0.80 ± 0.03), YW–LMA (0.29 ± 0.05), HCW–LMA (0.44 ± 0.05), MARB–FAT (0.84 ± 0.06), SF–FAT (-0.18 ± 0.11), BF–MARB (0.31 ± 0.07), BF–FAT (0.23 ± 0.08), and HCW–SF (-0.22 ± 0.09). The results indicate that carcass traits should respond quickly to the selection (h^2 ranging from 0.28 to 0.33), while meat quality traits, with lower heritability estimates (0.12 to 0.18), will show a slower response. In general, the genetic correlations between carcass and meat quality traits were low to moderate, so short-term selection will imply small gains in correlated responses. Thus, to achieve significant genetic advances in carcass composition and meat quality, these traits must compose the selection indexes.

Keywords: beef cattle, carcass, genetic parameters, meat quality, Nelore.

Introdução

Na elaboração de programas de melhoramento genético é fundamental o conhecimento das características com relevância econômica na bovinocultura de corte, a fim de definir os objetivos e critérios de seleção, os quais nortearão o melhoramento dos animais. Nesse sentido, as características de



carcaça são economicamente importantes, uma vez que a indústria frigorífica remunera os produtores com base em algumas condições da carcaça, como peso e acabamento. Já as características que garantem a qualidade do produto final, influenciam a aceitação e a intenção de compra pelo consumidor (Gordo et al., 2018), por meio da combinação de uma série de fatores sensoriais, como maciez, suculência e sabor, que juntos contribuem para uma melhor palatabilidade da carne. Apesar de sua importância, essas características não têm sido amplamente utilizadas como critério de seleção em programas de melhoramento de raças zebuínas. A qualidade da carcaça e da carne são atributos de expressão tardia, de alto custo e difícil mensuração, o que limita a sua seleção pelos métodos convencionais. O crescente uso de informações genômicas traz a oportunidade de seleção para essas características. O presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para características de carcaça e qualidade da carne usando informações genômicas, a fim de fornecer informações importantes para o desenvolvimento de estratégias de seleção que aumentem os índices de produtividade e a qualidade da carne do Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações de 27.990 animais Nelore machos, nascidos entre 1984 e 2019, pertencentes a rebanhos comerciais que integram os programas de melhoramento da DeltaGen, Cia do Melhoramento, Paint (CRV Lagoa) e Nelore Qualitas. O banco de dados é composto por informações de carcaça obtidas no *post-mortem*: área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e peso da carcaça quente (PCQ); de qualidade da carne: marmoreio (MARM), maciez (MAC) e conteúdo lipídico (LIP); e peso ao sobreano (PS).

No processo de abate dos animais, após as etapas de esfolagem e evisceração, as carcaças foram divididas ao meio e pesadas, obtendo-se o PCQ (kg). As carcaças foram armazenadas em câmara de resfriamento por um período de 24 a 48 horas (*post-mortem*) e após isso, a desossa foi realizada. Foram retiradas amostras do músculo *Longissimus thoracis*, entre a 12^a e 13^a costelas das meias carcaças esquerdas, para mensuração da AOL (cm²) pelo método do quadrante de pontos, da EGS (mm) com auxílio de um paquímetro e para posteriores análises da carne. A determinação da MAC (kgf) foi feita usando o equipamento Salter Warner-Bratzler Shear Force. A metodologia descrita por Bligh & Dyer (1959) foi adotada para determinar o LIP (%) nas amostras, enquanto o MARM foi definido por meio de escala de graduação visual baseada no USDA – Quality and Yield Grade, recebendo escores de 1 a 10.

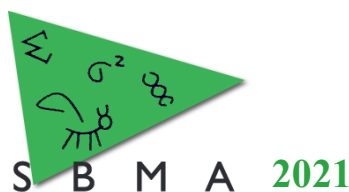
O arquivo de genótipos continha 11.072 animais, genotipados com o Illumina Bovine HD Beadchip, o GeneSeek® Genomic Profiler HDi 75K e o GeneSeek® Genomic Profile Low-Density 35K. Os animais genotipados com painéis GGP (75K e 35K) foram imputados para painel HD por meio do software FImpute v3, usando o mapa de referência ARS-UCD1.2.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram obtidos por inferência Bayesiana em uma análise multi-características, utilizando o software Gibbs2F90, considerando a abordagem ssGBLUP. As médias e desvios-padrão *a posteriori* das estimativas foram sumarizados por meio do software PostgibbsF90. O modelo animal incluiu como aleatórios: os efeitos genético aditivo e residual; como efeitos fixos: grupos de contemporâneos (todas as características) e data de análise (EGS, MARM e MAC) e, como covariáveis: o efeito linear da idade ao abate (todas as características de carcaça e carne) e da idade ao sobreano (PS). Os GC foram definidos pela combinação: safra e estação de nascimento, fazenda (ao nascimento, desmame e sobreano) e data de abate do animal para as características de carne e carcaça; e: safra e estação de nascimento, fazenda e grupo de manejo (ao desmame e sobreano) e data da pesagem para PS.

Resultados e Discussão

As herdabilidades estimadas para as características de carcaça e PS (Tabela 1) variaram de 0,28 a 0,33, indicando que as mesmas possuem variabilidade genética suficiente para obtenção de respostas rápidas à seleção. Já para as características de qualidade da carne as estimativas foram de magnitude mais baixas (0,12 a 0,18), evidenciando maior influência ambiental, devendo responder à seleção de forma mais lenta. Gordo et al. (2018), trabalhando com parte do mesmo conjunto de dados, encontraram estimativas de herdabilidade inferiores às do presente estudo para PCQ, AOL, EGS, MARM (0,21, 0,28, 0,21, 0,11, respectivamente) e similar para MAC (0,12).

O PS mostrou-se altamente correlacionado com PCQ, sugerindo que estas características estão, em grande parte, sob os efeitos aditivos dos mesmos genes. Além disso, PS apresentou correlações genéticas positivas e de magnitudes moderada e baixa com AOL e EGS, respectivamente. Esses



resultados indicam que a seleção para PS levará, como resposta correlacionada, a um aumento no PCQ, e, a longo prazo, no grau de acabamento e no rendimento de cortes comerciais nesta população.

As estimativas de correlações genéticas entre as características de carcaça, mostraram que o PCQ está associado positivamente de forma moderada à AOL, indicando que melhorias em uma característica deve levar a ganhos genéticos na outra. Por outro lado, AOL e EGS apresentaram correlação negativa e baixa, sugerindo que a seleção a longo prazo para o aumento da AOL pode produzir animais com menor deposição de gordura.

A estimativa de correlação genética entre MARM e LIP foi alta e positiva, o que é esperado do ponto de vista biológico, uma vez que ambas as características avaliam o conteúdo de lipídios na carne, de forma visual e química, respectivamente. Nesse sentido, o índice de marmoreio pode ser considerado um bom indicador do conteúdo lipídico. LIP foi negativamente correlacionado à MAC, indicando que a longo prazo, a seleção para o aumento da maciez pode levar, a um maior conteúdo de lipídios na carne.

A maioria das correlações genéticas entre as características de carcaça e carne foram muito baixas, praticamente nulas, indicando que essas características não compartilham das mesmas regiões genômicas. Tanto MARM como LIP apresentaram estimativas de correlação genética positiva e baixa-moderada com EGS. Uma associação genética negativa mas, relativamente, baixa foi estimada entre PCQ e MAC, sugerindo que seleção para maior PCQ, deve ter como resposta correlacionada, o aumento da MAC. Em concordância aos achados apresentados, Gordo et al. (2018) relataram estimativa de correlação genética semelhante para PCQ–MAC (-0,27).

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade (em negrito na diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) para características de carcaça e qualidade da carne.

¹ Caract.	PS	PCQ	AOL	EGS	MARM	MAC	LIP
PS	0.31±0.01	0.80±0.03	0.29±0.05	0.14±0.06	0.05±0.07	0.02±0.08	0.03±0.10
PCQ		0.28±0.02	0.44±0.05	0.07±0.06	0.11±0.08	-0.22±0.09	0.11±0.10
AOL			0.33±0.02	-0.19±0.06	-0.03±0.07	-0.04±0.08	-0.12±0.09
EGS				0.28±0.02	0.31±0.07	0.04±0.09	0.23±0.08
MARM					0.18±0.02	-0.07±0.09	0.84±0.06
MAC						0.12±0.02	-0.18±0.11
LIP							0.17±0.03

¹PS: peso ao sobreano; PCQ: peso da carcaça quente; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; MARM: marmoreio; MAC: maciez; e LIP: conteúdo lipídico da carne.

Conclusão

As características de carcaça possuem variabilidade genética suficiente para responder rapidamente à seleção, enquanto as baixas estimativas de herdabilidade para características de qualidade da carne indicam uma resposta mais lenta à seleção. De forma geral, as correlações entre as características de carcaça e aquelas de qualidade de carne foram baixas a moderadas, desse modo, a curto ou médio prazo, a seleção implicará em pequenos ganhos em respostas correlacionadas. Assim, para se alcançar avanços genéticos significativos em composição de carcaça e qualidade de carne, essas características devem compor os índices de seleção.

Agradecimentos

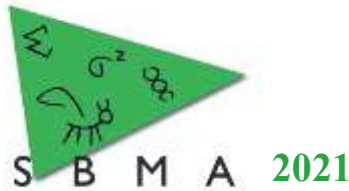
Agradecemos o apoio financeiro da FAPESP (Processos nº: 2017/10630-2 e 2018/20026-8).

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

Literatura citada

Bligh, E. G. & Dyer, W. J. A rapid method of total lipid extraction and purification, **Canadian Journal Biochemistry and Physiology**, v.37, p.911–917, 1959.

Gordo, D. G. M. et al. Genetic analysis of carcass and meat quality traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 96, n. 9, p. 3558-3564, 2018.



Avaliação da interação genótipo x ambiente sobre a característica peso à desmama em bovinos da raça Nelore criados em diferentes regiões geoclimáticas na Bahia

Caio Victor Damasceno^{1*}, Heik Pires de Souza², Thereza Cristina Calmon de Bittencourt³, Raphael Bermal Costa³.

¹Docente dos cursos de agronomia e veterinária da Universidade Federal do Oeste da Bahia – UFOB, Barra, BA, Brasil.

²Discente do curso de Agronomia da Universidade Federal do Oeste da Bahia – UFOB, Barra, BA, Brasil.

³Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Produção Animal, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: caio.carvalho@ufob.edu.br

Resumo: O melhoramento genético tradicional vem apresentando bons resultados, toda via, um fator vem sendo deixado de lado pelos programas de avaliação de bovinos de corte, a presença da interação genótipo x ambiente (IGA). Sendo assim, o presente trabalho tem como objetivo avaliar a presença da IGA sobre o peso a desmama em bovinos da raça Nelore, criados no estado da Bahia. A caracterização dos ambientes de criação foi realizada por meio da caracterização geoclimática de cidades baianas, distribuídas em todas as regiões do estado, para tal foi utilizada a análise de cluster. Após a determinação das regiões geoclimaticamente homogêneas, foi realizada a avaliação da IGA sobre a característica peso a desmama, padronizada aos 205 dias de idade (P205), utilizando modelo multicaracterística, com auxílio do software AIRELMF90. Os resultados mostraram significância em relação a duas regiões (R1 x R2), apresentando correlação genética $< 0,80$, assim os resultados encontrados contribuirão sobremaneira para o desenvolvimento da cadeia produtiva da carne bovina baiana, haja vista, não haver nenhum tipo de estudo similar desenvolvido para o estado.

Palavras-chave: crescimento, herdabilidade, nordeste, zebuino.

Evaluation of the genotype x environment interaction on the weaning weight trait in cattle from Nelore breed bred in different geoclimatic regions in Bahia

Abstract: Traditional genetic improvement has good results, however, a factor has been found aside by beef cattle evaluation programs, a presence of the genotype x environment interaction (GEI). Therefore, this study aims to evaluate the presence of GEI on weaning weight in Nelore cattle raised in the state of Bahia. The characterization of the breeding environments was carried out through the geoclimatic characterization of bahian cities, distributed in all regions of the state, for which a cluster analysis was used. After determining the geoclimatically homogeneous regions, an GEI evaluation was performed on a trait weight at weaning, standardized at 205 days of age (W205), using the multi-trait model, with the aid of the AIRELMF90 software. The results induced significance in relation to two regions (R1 x R2), genetic correlation < 0.80 , thus the results found will greatly contribute to the development of the Bahia beef production chain, as there is no similar study developed to the state.

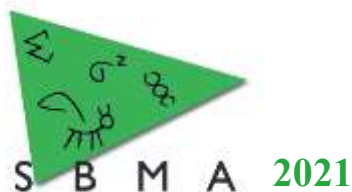
Keywords: growth, heritability, northeast, zebu.

Introdução

De acordo o censo agropecuário de 2017, o Brasil conta com aproximadamente 173 milhões de bovinos (IBGE, 2017), já na Bahia é uma das atividades agropecuárias de maior desempenho econômico (SEAGRI, 2006), tendo a Bahia um rebanho de mais de 8 milhões de animais, sendo um dos dez estados com maior produção em bovinos do país (IBGE, 2017).

Um fator importante no aumento da produtividade, é o melhoramento genético, que possibilita potencializar, características favoráveis ao rebanho, no entanto, a presença da interação x genótipo ambiente (IGA) não tem sido levado em consideração pelos principais programas de avaliação genética em vigor no país. A existência da interação já foi comprovada por muitos autores em diferentes estados, porém, há falta de estudos desta natureza realizados no estado da Bahia

O presente estudo tem por objetivo avaliar a presença da IGA sobre a característica peso à desmama em bovinos da raça Nelore criados no estado da Bahia, uma vez que, a IGA pode fazer com que o



Os componentes de variância e herdabilidades para a característica P205 nas diferentes regiões avaliadas, estão apresentadas na tabela 1. Tendo encontrado resultados dos componentes de variância próximos aos de Santos et al, (2019) e inferiores aos encontrados por Matos et al. (2013) para mesma característica. Resultado esse divergente muito possivelmente devido a quantidade de animais amostrados para análise e aos ambientes de criação. As estimativas de herdabilidade direta foram similares, por se tratar da mesma característica tais resultados eram esperados, resultados similares foram encontrados por Santos et al. (2019).

Tabela 1. Componentes de variância, herdabilidade direta (h^2d) e materna (h^2m) para a característica peso a desmama nas regiões avaliadas.

Região	σ^2a	σ^2m	σ^2e	$h^2d \pm EP$	$h^2m \pm EP$
R1	144,65	49,925	587,26	0,19±0,09	0,06±0,02
R2	206,69	26,052	1068,2	0,16±0,09	0,02±0,01
R3	125,16	29,429	765,64	0,20±0,09	0,05±0,03

σ^2a = variância genética aditiva; σ^2m = variância materna; σ^2e = variância residual; h^2d = herdabilidade direta; h^2m = herdabilidade materna; EP = Erro padrão.

Na tabela 2, estão apresentadas as estimativas de correlação genética entre a características nas diferentes regiões do estado da Bahia.

Tabela 2. Correlação genética para o peso a desmama, entre as três regiões avaliadas.

Regiões	R1	R2	R3
R1	1,00	0,61	0,81
R2		1,00	0,80
R3			1,00

A interação só é evidenciada nos resultados de correlação genética inferiores a 0,80 (ROBERTSON, 1959). As estimativas de correlações genéticas indicam que a maioria dos genes responsáveis pela expressão do peso corporal a desmama está agindo de forma semelhante nas diferentes regiões, com exceção da interação R1 x R2 evidenciando a presença da IGA, e, como consequência, a classificação dos reprodutores em função de seus méritos genéticos pode variar entre essas regiões, sendo não evidenciado presença da IGA para essa característica entre as outras regiões.

Enfatizamos que a pesquisa realizou-se considerando uma única característica, o que não garante a mesma correlação genética entre outras características, visto que de acordo Lira et al. (2013), para características pós-desmame a genética contribui em 1% do fenótipo obtido, enquanto no pré-desmame, esse efeito não passa de 0,5% assim possivelmente considerando características de idades superiores a 205 dias de idade, talvez existam ou não interações entre outras regiões.

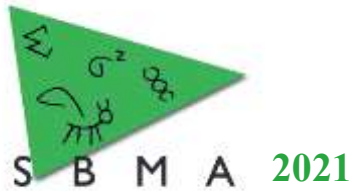
Conclusão

A interação genótipo X ambiente (IGA) foi evidenciada entre as regiões R1 e R2, mostrando que o produtor deve ter um cuidado maior ao selecionar reprodutores entre essas duas regiões distintas, podendo alcançar resultados diferente dos esperados na progênie. A permuta de reprodutores entre as outras regiões, ao contrário não apresentam malefícios considerando a característica de P205 isoladamente.

Com isso, considera-se necessário levar em conta a IGA na seleção do reprodutor, já que a depender do local de criação da sua futura progênie, pode vir a ter desempenho inferior ao esperado, podendo vir a puxar a produtividade para baixo.

Agradecimentos

Agradecimento ao CNPq por fornecer fomento para realização deste projeto de pesquisa.



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

Literatura citada

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Censo Agropecuário 2017. Disponível em:
<https://censoagro2017.ibge.gov.br/templates/censo_agro/resultadosagro/informativos.html> Acesso em: 07. Jan. 2019.

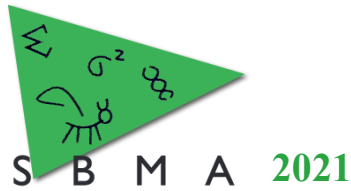
LIRA, T. S. et al. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil. Ciênc. anim. bras. Goiânia, v. 14, n. 1, p. 23-31, Mar. 2013.

MATOS, A. S. et al. **Interação genótipo-ambiente em rebanhos nelore da Amazônia Legal.** Rev. bras. saúde prod. anim., Salvador, v. 14, n. 3, p. 599-608, Sept. 2013.

ROBERTSON, A. **The sampling variance of genetic correlation coefficient.** Biometrics, v.15, p.469-485, 1959.

SANTOS, C.L.R. et al. **Interação genótipo x ambiente sobre o desempenho ponderal de animais da raça Nelore na região Centro-Oeste.** Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., Belo Horizonte, v. 71, n. 5, p. 1695-1702, Oct. 2019.

Secretaria de Agricultura e Reforma Agrária, **O AGRONEGÓCIO BAIANO 1995 -2006**, Governo da Bahia, p.108, 2006.



Correlações genéticas entre perímetro escrotal e características de ultrassonografia de carcaça em bovinos compostos

Gabriel Costa Medeiros^{1*}, Fernando de Oliveira Bussiman², Gabriela Giacomini³, João Luis Oliveira³, Felipe Eguti de Carvalho¹, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado¹, Elisângela Chicaroni de Mattos¹, Joanir Pereira Eler¹, José Bento Sterman Ferraz¹

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

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

³Associação Internacional de Criadores de Montana, São José do Rio Preto, SP, Brasil..

*Autor correspondente: gabrielcostamedeiros@usp.br

Resumo: Ao longo do tempo, o consumidor de carne bovina vem se tornando mais exigente, assim, para atender a demanda do mercado, é necessário selecionar animais com melhores valores genéticos para características de carcaça. No entanto, grande parte dos pecuaristas do Brasil seleciona touros a partir de seu peso adulto e perímetro escrotal. As características de ultrassonografia de carcaça são relacionadas ao rendimento de cortes cárneos e a qualidade da carcaça. O perímetro escrotal é uma característica medida tradicionalmente na maioria dos rebanhos bovinos em todo o mundo e está relacionada, em algum nível, com a fertilidade do touro, qualidade espermática e fertilidade das filhas do touro. O objetivo desse trabalho foi estimar as correlações genéticas entre características de carcaça e perímetro escrotal em bovinos compostos. O banco de dados utilizado nesse estudo pertence ao Programa Montana Composto Tropical[®] e é controlado pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Universidade de São Paulo desde 1994. Para a estimação dos componentes de covariância e parâmetros genéticos foi utilizada a metodologia de máxima verossimilhança restrita, a partir do software AIREMLF90. As correlações genéticas entre as características de carcaça e perímetro escrotal foram muito baixas, podendo ser consideradas nulas. Dessa forma, a seleção para características de carcaça tende a não impactar no perímetro escrotal da progênie por resposta correlacionada.

Palavras-chave: bovinos de corte, resposta correlacionada, qualidade de carne, perímetro escrotal.

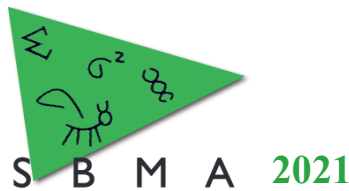
Genetic correlations between scrotal perimeter and carcass ultrasound traits in Composite Beef Cattle

Abstract: Over time, the beef consumer has become more demanding, thus, to meet the market demand, it is necessary to select animals with better estimated breeding values for carcass traits. However, most beef producers in Brazil select bulls based on their adult weight and scrotal circumference. Carcass ultrasound traits are related to meat cut yield and carcass quality. Scrotal circumference is a trait traditionally measured in most bovine herds around the world and is related to bull fertility, sperm quality and daughter fertility. The aim of this study was to estimate the genetic correlations between carcass traits and scrotal circumference in composite beef cattle. The database used in this study belongs to the Montana Tropical[®] Composite breeding program and is controlled by the Animal Breeding and Biotechnology Group of the University of São Paulo since 1994. The restricted maximum likelihood procedure was used to estimate heritability and covariance components, using the AIREMLF90 software covariance components. Genetic correlations between carcass traits and scrotal circumference were very low and can be considered null. Thus, selection for carcass traits tends not to impact the scrotal perimeter of the progeny by correlated response.

Keywords: beef cattle, correlated response, meat quality, scrotal perimeter.

Introdução

A pecuária é um dos principais e mais importantes componentes da economia brasileira, respondendo por cerca de 8,5% do PIB do Brasil. O país é reconhecido entre os principais produtores e exportadores mundiais de carne bovina. Visto isso, o desenvolvimento e uso de animais compostos, como o Montana Composto Tropical[®], através da combinação entre os diferentes tipos biológicos representa uma



alternativa promissora para maximizar a produção devido à exploração da retenção de heterose e complementaridade entre as subespécies *Bos taurus* e *Bos indicus*. As características de carcaça têm grande importância frigorífica, sendo alvo dos protocolos de bonificação das indústrias, isso se deve principalmente à mudança nos hábitos do consumidor, o qual preza por maior qualidade, dispondo-se a pagar mais por uma carne mais macia e saborosa, por exemplo. Por outro lado, o pecuarista tradicional tende a adquirir touros baseado em seu peso adulto e em seu perímetro escrotal, sendo o perímetro escrotal uma característica relacionada à fertilidade e precocidade do touro, bem como de sua progênie. O objetivo desse trabalho foi estimar as correlações genéticas entre o perímetro escrotal e características de ultrassonografia de carcaça em bovinos Montana Composto Tropical®.

Material e Métodos

Foram utilizados, neste trabalho, fenótipos oriundos de dados coletados, desde 1994, pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Universidade de São Paulo, contendo cerca de 11.000 animais do Programa Montana Composto Tropical® para características de carcaça e aproximadamente 56.000 fenótipos de animais com o perímetro escrotal mensurado. O pedigree utilizado na análise contava com 363.049 animais sendo 3796 touros e 227.269 vacas, com uma progênie média de 31.01 filhos/touro e 1.28 filhos/vaca.

As características de ultrassonografia de carcaça são ligadas à qualidade de carne e premiação em frigoríficos, determinantes para programas de carne de qualidade, favoravelmente correlacionadas com maciez e outras propriedades organolépticas. Os fenótipos foram obtidos em animais aos 12 meses de idade, por meio de equipamentos de ultrassom da marca Aloka, modelo SSD500V, equipado com um transdutor linear UST 5044 de 3,5MHz e 20 cm de comprimento, utilizando uma guia acústica de silicone para a coleta de imagens sobre o lombo ou similares, a qual permite uma melhor adaptação à anatomia do corpo do animal. As características avaliadas foram: Área de Olho de Lombo (AOL), Espessura de gordura subcutânea (EGS), Espessura de gordura na picanha (EGP) e Marmoreio (MAR).

A característica Perímetro Escrotal (PE) foi mensurada em cm obtidas aos 12 meses de idade. Possui correlação com qualidade e quantidade de sêmen, desenvolvimento ponderal e idade à puberdade e, consequentemente, com a precocidade sexual das filhas e irmãs do touro. A utilização dessa medida como critério de seleção em bovinos de corte tem sido prática comum em todo o mundo. Porém a seleção para perímetro escrotal, não substitui seleção direta sobre o desempenho reprodutivo da fêmea.

Foi conduzida uma análise multicausal com todas as cinco características, realizada por máxima verossimilhança restrita via modelo animal completo usando o pacote AIREMLF90 da família do software BLUPF90 (MISZTAL et al., 2014). O modelo considerou como covariáveis: as composições raciais diretas e maternas, as heterozigoses do animal, a heterozigose materna total e a idade à mensuração do fenótipo. Como efeitos fixos foram considerados: o grupo de contemporâneos (definido como lote de manejo, dentro de fazenda, ano e estação do ano), o técnico que realizou o ultrassom (para as características de carcaça) e a classe de idade da mãe ao parto (para PE). Ainda, o grupo de manejo à desmama foi considerado como efeito aleatório para PE.

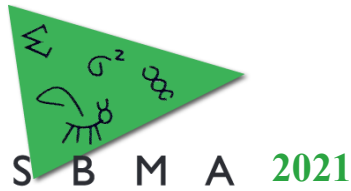
Resultados e Discussão

Os resultados da análise multicausal estão apresentados na tabela 1.

Tabela 1. Herdabilidades (diagonal); correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações residuais (abaixo da diagonal), com seus respectivos erros-padrão (\pm EP).

Característica	Característica				
	AOL ^a	EGS ^b	EGP ^c	MAR ^d	PE ^e
AOL	0,21 \pm 0,03	-0,11 \pm 0,11	-0,12 \pm 0,09	-0,04 \pm 0,14	0,03 \pm 0,09
EGS	0,17 \pm 0,02	0,13 \pm 0,02	0,57 \pm 0,07	0,40 \pm 0,13	0,08 \pm 0,10
EGP	0,17 \pm 0,03	0,56 \pm 0,02	0,29\pm0,03	0,26 \pm 0,13	0,13 \pm 0,09
MAR	-0,16 \pm 0,04	0,13 \pm 0,03	0,11 \pm 0,05	0,30 \pm 0,06	0,03 \pm 0,14
PE	0,14 \pm 0,03	0,02 \pm 0,03	0,05 \pm 0,03	-0,03 \pm 0,06	0,23 \pm 0,01

^aárea de olho de lombo; ^bespessura de gordura subcutânea; ^cespessura de gordura na picanha; ^dmarmoreio; ^eperímetro escrotal.



As predições dos coeficientes de herdabilidade foram de baixas a moderadas magnitudes, variando de $0,13 \pm 0,02$ a $0,30 \pm 0,06$, resultados condizentes com os estimados para bovinos de corte em literatura (YOKOO et al., 2010, GRIGOLETTO et al., 2020;).

As correlações genéticas entre AOL e as outras características de carcaça avaliadas foram negativas e baixas podendo ser consideradas, na prática, nulas. Assim, a seleção para AOL não causará impacto nas outras características de carcaça avaliadas. A correlação entre EGS e EGP se apresentou positiva e alta ($0,57 \pm 0,07$), assim, a seleção para uma maior deposição de gordura na região dorsal da carcaça impactará em maior deposição de gordura na região glútea e, conseqüentemente, distribuição mais uniforme da cobertura de gordura na carcaça. As correlações entre as características de cobertura de gordura na carcaça (EGS e EGP) e MAR se apresentaram positivas e de moderadas a altas, desse modo, pode-se afirmar que animais com maior deposição de gordura na superfície da carcaça tendem a possuir maior quantidade de gordura entremeada na musculatura, sendo esta característica desejável em programas de carne de qualidade que vendem um produto de maior valor agregado para públicos específicos e exigentes.

As correlações entre PE e as características de carcaça avaliadas são muito baixas, podendo ser consideradas nulas. De acordo com Yokoo et al. (2010), na raça nelore, essas correlações são positivas e favoráveis, havendo diferença entre as populações de Montana e Nelore. Dessa forma, a seleção para maior PE não impacta nas características de carcaça em bovinos Montana e o pecuarista que deseja investir em touros para melhorar as características de carcaça de seu rebanho deve utilizar touros com maiores valores genéticos para essas características, o que não impactará no PE da progênie. Por outro lado, o pecuarista que se preocupa apenas com o peso adulto e o PE escrotal do reprodutor, tende a não ter ganho genético para características de carcaça em seu rebanho.

Conclusão

A seleção para uma das características de carcaça relacionadas à deposição de gordura (EGS, EGP e MAR) tende a gerar ganhos genéticos nas outras duas. A seleção para AOL tende a não impactar nas outras características de carcaça. A seleção para características de carcaça tende a não impactar no PE da progênie por resposta correlacionada.

Agradecimentos

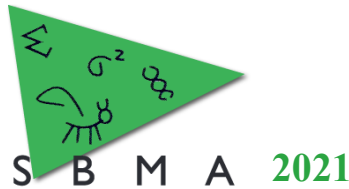
À Fundação de Amparo à pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, processo 2021/03714-0) pelo financiamento deste estudo e ao Programa Montana Composto Tropical® pelo banco de dados.

Literatura citada

Grigoletto, L; Ferraz, J.B.S; Oliveira, H.R; Eler, J.P; Bussiman, F.O; Abreu Silva, B.C; Baldi, F & Brito, L.F. 2020. Genetic Architecture Of Carcass And Meat Quality Traits In Montana Tropical Composite Beef Cattle. **Frontiers In Genetics**, 11, 123.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. 2014. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia.

Yokoo, M.J; Lobo, R.B; Araujo, F.R.C; Bezerra, L.A.F; Sainz, R.D & Albuquerque, L.G. 2010. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, 88, 52–58.



Efeito da idade da vaca sobre características de ultrassonografia de carcaça em bovinos compostos

Gabriel Costa Medeiros^{1*}, Luis Telo da Gama⁴, Joanir Pereira Eler¹, Elisangela Chicaroni de Mattos¹, Gabriela Giacomini³, João Luis Oliveira³, Rafael Nuñez Domingues⁵, Fernando de Oliveira Bussiman², Felipe Eguti de Carvalho¹, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado¹, José Bento Sterman Ferraz¹

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

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

³Associação Internacional de Criadores de Montana, São José do Rio Preto, SP, Brasil.

⁴Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal.

⁵Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco, México.

*Autor correspondente: gabrielcostamedeiros@usp.br

Resumo: A habilidade de permanência no rebanho é uma característica muito comum nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte e é considerada peça chave em muitos programas de seleção. Uma das razões para esse valor é o impacto dessa característica na qualidade da progênie, pois se afirma que vacas mais estáveis tendem a desmamar bezerros mais pesados e com melhor carcaça. O objetivo desse estudo foi avaliar o impacto da idade da vaca sobre características de carcaça em bovinos compostos. O banco de dados utilizado nesse estudo pertence ao Programa Montana Composto Tropical[®], é controlado pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Universidade de São Paulo desde 1994 e conta com cerca de 12.000 fenótipos para características de ultrassonografia de carcaça. As análises foram conduzidas no software SAS 9.4. Pôde-se notar que as vacas com idades entre 7,0 e 9,6 anos são as que normalmente geram animais para abate com melhores carcaças. No entanto, no que se refere ao marmoreio, novilhas tendem a gerar animais com carcaças mais marmorizadas, declinando até os 9,5 anos e, a partir daí, passam a desmamar bezerros com maior escore de marmoreio, se assemelhando às novilhas aos 17,0 anos e gerando animais mais marmorizados dos 17,0 aos 21,2 anos. No entanto, deve-se ressaltar que as diferenças não são grandes e se houver seleção, o uso de novilhas promoverá ganhos genéticos maiores e maior lucratividade para o produtor.

Palavras-chave: bovinos de corte, qualidade de carne, idade da vaca.

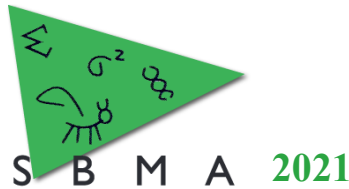
Effect of cow age on carcass ultrasound traits in Composite Beef Cattle

Abstract: Stayability is a very common trait in breeding programs for beef cattle and is considered a key element in many selection programs. One of the reasons for this value is the impact of this trait on the quality of the progeny, as it is stated that more stable cows tend to wean heavier calves with better carcass. The aim of this study was to evaluate the impact of cow age on carcass traits in composite beef cattle. The database used in this study belongs to the Montana Tropical[®] Composite breeding program, is controlled by the Animal Breeding and Biotechnology Group of the University of São Paulo since 1994 and has about 12,000 phenotypes for carcass ultrasound traits. Analyzes were conducted using SAS 9.4 software. It could be noted that cows aged between 7.0 and 9.6 years are the ones that normally generate animals for slaughter with better carcasses. However, with regard to marbling, heifers tend to generate animals with more marbled carcasses, declining until 9.5 years of age and starting to wean calves with a higher marbling score, similar to heifers at 17.0 years and generating more marbled animals from 17.0 to 21.2 years. However, it should be noted that the differences are not great and in the presence of selection, the use of heifers will promote greater genetic gains and greater profitability for the producer.

Keywords: beef cattle, meat quality, cow age.

Introdução

A seleção para *stayability*, a habilidade de permanência no rebanho, tem sido muito difundida nos rebanhos de corte brasileiros e, cada vez mais, tem-se priorizado a utilização de vacas mais velhas e que emprenham em todas as estações de monta desmamando um bezerro por ano, em vez de novilhas que não tiveram a chance de comprovar sua capacidade produtiva. Quando as médias das progênies de novilhas e primíparas é comparada com a de vacas adultas de seis a oito anos de idade, os bezerros de vacas adultas tem maior peso à desmama e musculabilidade (VAN VLECK et al., 1996), induzindo o produtor a usá-las



por mais tempo e descartar uma maior quantidade de novilhas. No entanto, a produtividade das vacas, ao longo do tempo, apresenta uma curva bem definida, com ponto de máxima e decréscimo *a posteriori*.

As características de carcaça têm grande importância econômica no mercado mundial de carne bovina. Com a globalização, as empresas brasileiras de proteína animal passaram a buscar mercados mais exigentes para vender seus produtos a preços mais altos. Para atender os novos mercados é necessária melhor qualidade carne e o produtor capaz de atender à demanda pode vender um animal com maior valor agregado. O objetivo desse trabalho é avaliar o efeito da idade da vaca sobre características de ultrassonografia de carcaça de bovinos Montana Composto Tropical®.

Material e Métodos

Foram utilizados, neste trabalho, fenótipos oriundos de dados coletados, desde 1994, pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Universidade de São Paulo, contendo cerca de 12.000 animais do Programa Montana Composto Tropical® para características de carcaça.

Os fenótipos foram obtidos em animais aos 12 meses de idade, por meio de equipamentos de ultrassom, utilizando uma guia acústica de silicone para a coleta de imagens sobre o lombo, a qual permite uma melhor adaptação à anatomia do corpo do animal. As características avaliadas foram: Área de Olho de Lombo (AOL), Espessura de gordura subcutânea (EGS), Espessura de gordura na picanha (EGP) e Marmoreio (MAR).

Tabela 1. Estatística descritiva das características Área de olho de Lombo (AOL), Espessura de Gordura Subcutânea (EGS), Espessura de gordura na Picanha (EGP) e Marmoreio (MAR) de Bovinos Montana Composto Tropical®.

Característica	Número de Animais	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
AOL (cm ²)	12711	61,25	14,06	22,1	113,7
EGS (mm)	11684	2,88	1,32	0,30	8,99
EGP (mm)	11944	3,84	2,14	0,30	13,98
MAR (porcentagem)	4013	2,93	1,14	0,32	6,97

As idades da mãe ao parto foram estimadas em meses considerando a diferença entre a data de nascimento do bezerro e da vaca. O banco de dados continha 398.520 animais com idade da mãe conhecida, a média de idade da vaca ao parto foi de 67,73 meses, com desvio padrão de 37,15 meses, idade mínima de 20 meses e máxima de 254 meses.

O modelo considerou o grupo de contemporâneos (definido como lote de manejo, dentro de fazenda, ano e estação do ano), composições raciais diretas e maternas para os tipos biológicos de raças zebrúinas (N), taurinos adaptados (A), taurinos britânicos (B) e continentais (C), heterozigotes diretas e maternas totais, idade do animal à mensuração do fenótipo, idade da mãe e idade quadrática da mãe. As análises foram realizadas aplicando um modelo linear, com utilização do PROC HPMIXED (High performance mixed models) do software SAS 9.4.

Resultados e Discussão

Pôde-se notar que as vacas com idades entre 85 e 115 meses são as que normalmente geram animais para abate com melhores carcaças, considerando (AOL, EGS e EGP). No entanto, em relação à gordura intramuscular (marmoreio), novilhas tendem a gerar animais com carcaças mais marmorizadas, declinando até os 115 meses. A partir desta idade, passam produzir bezerros com maior escore de marmoreio, se assemelhando às novilhas aos 205 meses e gerando animais mais marmorizados dos 210 aos 254 meses.

Os efeitos de idade da mãe e idade quadrática da mãe apresentaram valor-p menores que 0,05 para todas as características.

Os resultados das estatísticas descritivas são semelhantes aos encontrados em literatura (GRIGOLETTO et al., 2020). Medeiros et al. (2020) encontrou correlação genética favorável e de moderada a alta entre habilidade de permanência no rebanho e AOL, considerando que essa característica é medida aos 6 anos de vida da vaca (72 meses), percebe-se que a vaca está se aproximando do pico da curva. A correlação genética entre probabilidade de prenhez aos 14 meses de idade e MAR em bovinos compostos é de 0,30, podendo ser considerada favorável e moderada (MEDEIROS et al., 2020), o que se

confirma pela curva do efeito da idade da vaca sobre o marmoreio apresentada na figura 1, em que novilhas tendem a produzir progênie com maior marmoreio que vacas com idade inferior aos 205 meses.

Os gráficos de efeito da idade da mãe ao parto pela idade da vaca em meses para cada característica estão apresentados na figura 1.

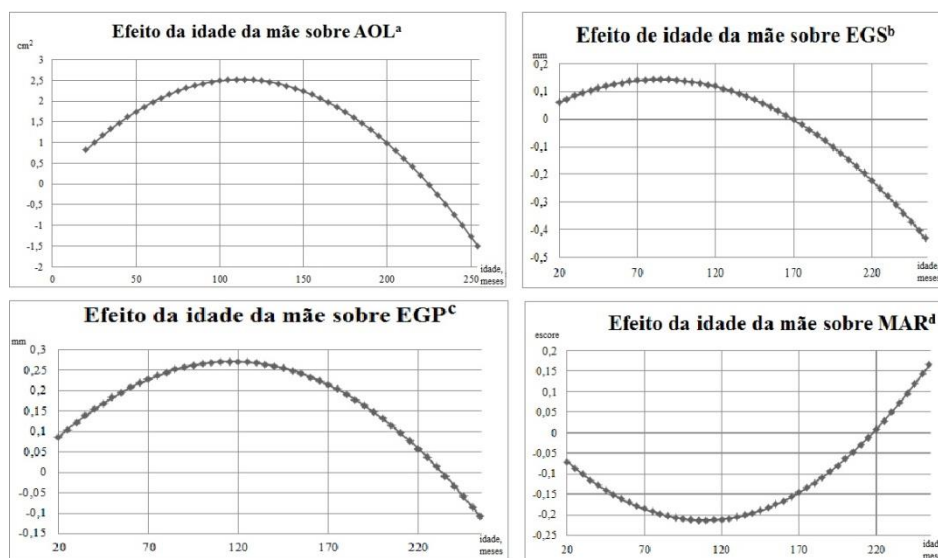


Figura 1. Efeito da idade da vaca sobre características de carcaça. AOL^a: Área de olho de lombo; EGS^b: Espessura de Gordura Subcutânea; EGP^c: Espessura de Gordura na Picanha; MAR^d: Marmoreio.

Conclusão

Pôde-se perceber que vacas com idade muito avançada, mesmo desmamando um bezerro por ano tendem a produzir animais com carcaças menos adequadas. Novilhas tendem a produzir animais com carcaças mais marmorizadas do que vacas adultas. No entanto, apesar desse efeito ser estatisticamente significativo, há que se ressaltar que as mudanças médias nas características, ao longo da vida reprodutiva das vacas, são de pequena magnitude. Deve-se destacar que, a realização de seleção de novilhas com maiores valores genéticos para características de carcaça, aumentará os ganhos genéticos no rebanho e a rentabilidade do produtor, pois vacas muito velhas, além aumentar os intervalos de gerações, produzem animais com piores carcaças.

Agradecimentos

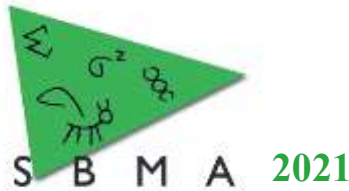
À Fundação de Amparo à pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, processo 2021/03714-0) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, processo 88887.571363/2020-0) pelo financiamento deste estudo.

Literatura citada

Grigoletto, L.; Ferraz, J.B.S.; Oliveira, H.R.; Eler, J.P.; Bussiman, F.O.; Abreu Silva, B.C.; Baldi, F. & Brito, L.F. 2020. Genetic Architecture Of Carcass And Meat Quality Traits In Montana Tropical Composite Beef Cattle. **Frontiers In Genetics**, 11, 123.

Medeiros, G. C.; Bussiman, F. O.; Mattos, E. C.; Eler, J. P. & Ferraz, J. B. S. 2020. Correlações Genéticas entre Características Reprodutivas e de Carcaça em Bovinos Compostos. Anais ... In: 28º SIICUSP - Simpósio Internacional de Iniciação Científica e Tecnológica da USP, 2020, Pirassununga.

Van Vleck, L.D.; Gregory, K. E. & Bennett, G. L.; Direct and maternal genetic covariances by age of dam for weaning weight. **J. Anim. Sci.**, 74, 1801-1805.



Análise proteômica de plasma sanguíneo para identificação de biomarcadores para eficiência alimentar em bovinos

Henrique Gonçalves Reolon¹; Natalya Gardezani Abduch²; Bruna Gabriela Bosquini³; Claudia Cristina Paro de Paz³; Nedenia Bonvino Stafuzza^{3*}

¹Instituto Federal de Rondônia (IFRO), Colorado do Oeste, RO, Brasil.

²Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil.

³Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, SP, Brasil.

*Autor correspondente: nedeniabs@gmail.com

Resumo: O elevado custo com alimentação faz com que a seleção de animais com alta eficiência alimentar seja uma alternativa viável para reduzir os custos na bovinocultura. O consumo alimentar residual (CAR) é uma medida de eficiência alimentar que permite comparar a diferença entre a ingestão de matéria seca observada e estimada. Assim, esse estudo objetivou identificar potenciais biomarcadores para eficiência alimentar em bovinos Caracu por meio da análise proteômica do plasma sanguíneo. O consumo alimentar foi registrado em cochos eletrônicos por 71 dias. A análise proteômica foi realizada por espectrometria de massa de alta resolução. As proteínas identificadas exclusivamente em animais mais eficientes (CAR-) e em menos eficientes (CAR+) foram investigadas quanto às suas funções nos bancos de dados Gene Ontology, Uniprot e KEGG. Foram detectadas 419 e 281 proteínas expressas apenas em animais CAR- e CAR+, respectivamente. Entre essas proteínas detectadas apenas em um dos grupos, destacam-se 34 proteínas que atuam nas vias metabólicas de digestão e absorção de proteínas, sinalização de hormônios da tireoide, metabolismo de retinol e de fosfato de inositol, biossíntese de esteroides, secreção de insulina, salivar, ácido gástrico, biliar e pancreática. Tais proteínas são potenciais biomarcadores, os quais, após sua validação, poderão ser utilizados na identificação e seleção de animais eficientes, contribuindo para a seleção e o melhoramento genético.

Palavras-chave: *Bos taurus*, Caracu, consumo alimentar residual, proteínas, soro, vias metabólicas.

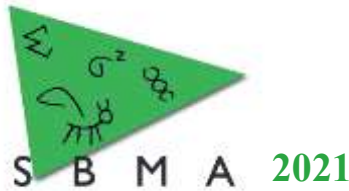
Plasma proteomic analysis to identify biomarkers for feed efficiency in beef cattle

Abstract: The high cost with food makes the selection of animals with high feed efficiency a good alternative to reduce production costs in beef cattle production. Residual feed intake (RFI) is a measure of feed efficiency that allows to compare observed and estimated dry matter intake. The aim of this study was to identify potential biomarkers for feed efficiency through plasma proteomic analysis of Caracu beef cattle. The feed intake was recorded in electronic troughs for 71 days. Proteomic analysis was performed by high-resolution mass spectrometry. All proteins identified exclusively in the high (RFI-) and low (RFI+) efficient animals had their functions investigated through the Gene Ontology, Uniprot and KEGG databases. A total of 419 and 281 proteins were detected exclusively in RFI- and RFI+ animals, respectively. Among the proteins detected only in one group, 34 proteins have important functions in the protein digestion and absorption, thyroid hormone signaling pathway, retinol metabolism, inositol phosphate metabolism, steroid hormone biosynthesis, insulin secretion, salivary secretion, gastric secretion, biliary secretion and pancreatic acid secretion. These proteins are potential biomarkers, which after their validation, could be used to detect and select efficient animals, contributing to selection and animal breeding.

Keywords: *Bos taurus*, Caracu, metabolic pathways, proteins, residual feed intake, serum.

Introdução

A eficiência na conversão alimentar é um dos principais fatores utilizados para aumentar a eficiência de produção pecuária, uma vez que o custo com alimentação representa de 50% a 70% do custo total de produção. O consumo alimentar residual (CAR) é uma das principais características para avaliar eficiência alimentar, o qual é calculado como a diferença entre o consumo alimentar real e o esperado com base nos requisitos de crescimento e manutenção do animal (Koch et al., 1963). Os animais com baixo CAR são considerados eficientes para alimentação, pois consomem menos do que o esperado, enquanto os animais



com alto CAR são menos eficientes pois consomem mais do que o predito. A seleção de animais mais eficientes também apresenta impacto ambiental pela redução de metano e estrume.

Diversos processos biológicos que são influenciados por fatores genéticos e ambientais interferem no CAR, os quais destacam-se os associados à ingestão alimentar, digestão, metabolismo e estresse. Porém, os mecanismos moleculares subjacentes ao CAR são amplamente desconhecidos e, como essa característica é extremamente complexa, provavelmente várias proteínas de diversas vias metabólicas estão envolvidas. Descobrir esses fatores genéticos permite a identificação de biomarcadores que possam ser utilizados na seleção de animais mais eficientes. Diante do apresentado, o objetivo do presente estudo foi identificar potenciais biomarcadores para eficiência alimentar em bovinos da raça Caracu por meio de análise proteômica de plasma sanguíneo.

Material e Métodos

Foram utilizados 61 machos da raça Caracu com média de 9 meses de idade, os quais foram submetidos ao teste de eficiência alimentar por 71 dias no sistema de cochos eletrônicos Intergado®. A dieta foi composta por silagem de sorgo (60%), milho quebrado (25%), farelo de soja (13%), sal mineral (1,75%) e ureia (0,2%), a qual foi fornecida aos animais duas vezes ao dia, com ajuste diário do volume para manter cerca de 10% de sobras em todos os cochos. Os animais foram pesados em jejum de alimento e água por 16 horas antes e após o teste de eficiência alimentar.

Os valores de CAR foram obtidos como proposto por Koch et al. (1963). Amostras de sangue foram coletadas dos animais que apresentaram fenótipo extremo para CAR (4 animais CAR- e 4 animais CAR+), cujo plasma foi utilizado na identificação de proteínas por espectrometria de massa de alta resolução. Informações sobre funções das proteínas foram obtidas nos bancos Uniprot (<https://www.uniprot.org/>), KEGG (<https://www.genome.jp/kegg/>) e Gene Ontology (<http://geneontology.org/>).

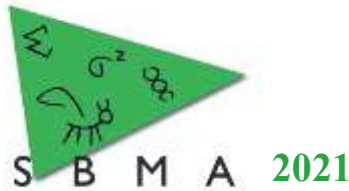
Resultados e Discussão

Foram detectadas 806 proteínas, das quais 132 foram detectadas em ambos os grupos de CAR, das quais 26 e 45 proteínas foram consideradas super expressas em animais com baixa e alta eficiência alimentar, respectivamente. Além disso, 255 proteínas foram detectadas apenas em animais com baixa eficiência alimentar e 419 proteínas foram detectadas apenas em animais com alta eficiência alimentar.

Entre os potenciais biomarcadores identificados em animais CAR-, destacam-se as seguintes proteínas, devido suas funções: *1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase β-4*; *anion exchange protein*; *β-3 adrenergic receptor*; *calcium-transporting ATPase*; *collagen type VI α-2 chain*; *collagen α-1(IV) chain*; *collagen α-1(XI) chain*; *cyclic AMP-responsive element-binding protein 3-like protein 4*; *low-density lipoprotein receptor*; *mepirin A subunit*; *multidrug resistance-associated protein 4*; *nuclear receptor subfamily 0 group B member 2*; *ryanodine receptor 2*; *sodium/potassium-transporting ATPase subunit α-2*; *solute carrier family 12 member 2*; e *voltage-dependent L-type calcium channel subunit α*. Tais proteínas estão relacionadas com importantes vias metabólicas, como Secreção salivar (bta04970), Secreção de ácido gástrico (bta04971), Secreção pancreática (bta04972), Digestão e absorção de proteínas (bta04974), Secreção de insulina (bta04911) e Secreção biliar (bta04976).

Entre os potenciais biomarcadores identificados apenas em animais CAR+, destacam-se as seguintes proteínas: *ABC-type glutathione-S-conjugate transporter*; *aldehyde oxidase 1*; *anion exchange protein*; *collagen type V α 2 chain*; *collagen type XXVII α 1 chain*; *collagen α-1(XVII) chain*; *inositol-3-phosphate synthase 1*; *integrin β*; *mediator complex subunit 12*; *notch receptor 4*; *nuclear receptor coactivator*; *nuclear receptor subfamily 4 group A member 1*; *phosphoinositide phospholipase C*; *serine/threonine-protein kinase*; *short chain dehydrogenase/reductase family 16C member 5*; *sodium/hydrogen exchanger 1 (Na(+)/H(+) exchanger 1)*; *steroid sulfatase*; e *voltage-dependent L-type calcium channel subunit α*. Tais proteínas estão relacionadas com Via de sinalização de hormônios da tireoide (bta04919), Secreção biliar (bta04976), Síntese e secreção de aldosterona (bta04925), Secreção salivar (bta04970), Secreção de ácido gástrico (bta04971), Secreção pancreática (bta04972), Digestão e absorção de proteínas (bta04974), Metabolismo de retinol (bta00830), Metabolismo de fosfato de inositol (bta00562) e Biossíntese de hormônios esteroidais (bta00140).

Mecanismos associados aos processos de digestão dos alimentos afetam a capacidade de ingestão e absorção de nutrientes pelos animais (Arthur; Herd, 2008) e representa um processo crítico de utilização de



nutrientes para fins produtivos, o que faz com que as proteínas envolvidas na via metabólica de digestão e absorção de proteínas sejam importantes candidatos a biomarcadores para eficiência alimentar.

As proteínas que atuam na secreção salivar também são importantes biomarcadores, uma vez que a saliva está associada a ingestão e taxa de passagem de alimentos, circulação de nutrientes, motilidade e função ruminal (Ricci et al., 2021). A secreção pancreática, por sua vez, é responsável pela hidrólise da maioria das moléculas presentes no alimento, com destaque para a secreção de insulina, que é um hormônio anabólico que apresenta diversas funções no metabolismo de carboidratos, lipídios e proteínas, além de ser um potente regulador da ingestão de alimentos. A ação de proteínas relacionada à secreção de insulina resulta em diferenças nos mecanismos de fome e saciedade devido à homeostase energética e ao crescimento (Nascimento et al., 2015), e na energia total extraída de alimento, que pode causar variação no ganho de peso sem que haja diferença no consumo de alimento (Rodriguez-Nunez et al., 2017). Animais com baixo CAR apresentam maior sensação de saciedade devido à sinalização da insulina, e as concentrações séricas desse hormônio podem ser utilizadas como indicadores de eficiência alimentar.

A bile é essencial para a digestão e absorção de lipídios e vitaminas lipossolúveis no intestino delgado. A via metabólica secreção biliar está relacionada à dieta e atua na solubilização das gorduras e posteriormente aumenta a absorção, afetando o consumo de ração e o ganho de peso em bovinos (Parsaie et al., 2007). O ácido gástrico é um fator chave nas funções gastrointestinais, incluindo digestão de proteínas e absorção de cálcio e ferro.

Conclusão

As proteínas identificadas como expressas exclusivamente no plasma de bovinos CAR- ou CAR+ são potenciais biomarcadores, os quais podem ser utilizados para classificar os animais com base na eficiência alimentar, uma vez que esses biomarcadores apresentaram especificidade para distinguir entre animais com alta e baixa eficiência alimentar. Porém, a validação dos resultados em um número maior de animais e em outras raças bovinas se faz necessária.

Agradecimentos

À FAPESP pelo auxílio (2018/19216-7) e bolsas (2019/10438-0, 2019/17251-2 e 2020/03699-9) e ao CNPq pela bolsa PIBIC.

Literatura citada

- Arthur P.F. & Herd R.M. 2008. Residual feed intake in beef cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 37, 269–279.
- Koch R.M., Swiger L.A., Chambers D. & Gregory K.E. 1963. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, 22, 486-494.
- Nascimento C.F., Branco R.H., Bonilha S.F.M., Cyrillo J.N.S.G., Negrão J.A. & Mercadante M.E.Z. 2015. Residual feed intake and blood variables in young Nellore Cattle. **Journal of Animal Science**, 93, 1318-1326.
- Parsaie S., Shariatmadari F., Zamiri M.J. & Khajeh K. 2007. Influence of wheat-based diets supplemented with xylanase, bile acid and antibiotics on performance, digestive tract measurements and gut morphology of broilers compared with a maize-based diet. **British Poultry Science**, 48, 594-600.
- Ricci S., Rivera-Chacon R., Petri R.M., Sener-Aydemir A., Sharma S., Reisinger N., Zebeli Q. & Castillo-Lopez, E. 2021. Supplementation with phytogenic compounds modulates salivation and salivary physico-chemical composition in cattle fed a high-concentrate diet. **Frontiers in Physiology**, 12, 645529.
- Rodriguez-Nunez I., Caluag T., Kirby K., Rudick C.N., Dziarski R. & Gupta D. 2017. Nod2 and Nod2-regulated microbiota protect BALB/c mice from diet-induced obesity and metabolic dysfunction. **Scientific Reports**, 7, 548.



Grupos geneticamente similares em população bovina da raça Nelore

Milena Aparecida Ferreira Campos^{1*}, Adriana Luize Bocchi²

¹Aluna de Pós Graduação em Biociência Animal; Unidade Acadêmica de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Jataí UFJ, Jataí, GO, Brasil.

²Professora adjunta; Unidade Acadêmica de Ciências Agrárias; Universidade Federal de Jataí UFJ; Jataí, GO; Brasil.

*Autor correspondente: milenacamposzootecnista@gmail.com

Resumo: Verificar a existência de variabilidade genética dentro de populações de seleção intensa permite aperfeiçoamento das técnicas de seleção e acasalamento. Objetivou-se identificar grupos geneticamente similares com base em seus valores genéticos. O banco de dados foi proveniente da empresa Genética Aditiva e os grupos de características formados foram: Carcaça e Maternas. Os animais foram agrupados por meio de clusterização hierárquica. Onde se verificou a presença de variabilidade genética dentro da população, possibilitando a seleção de animais superiores. A análise permite explorar a diversidade genética dentro dessa população e pode ser utilizada como critério para direcionar os acasalamentos dirigidos e auxiliar a seleção visando contínuo progresso genético.

Palavras-chave: acasalamento, agrupamento hierárquico, cluster, seleção

Genetic similarity in Nelore cattle population

Abstract: Verifying the existence of genetic variability within highly selective populations allows for the improvement of selection and mating techniques. The aim was to identify genetically similar groups based on their genetic values. The database came from the Genetica Aditiva company, the groups of characteristics formed were: Carcass and Maternal. The animals grouped through hierarchical clustering. Where the presence of genetic variability within the population was verified, enabling the selection of superior animals. The analysis allows exploring the genetic diversity within this population and can be used as a criterion for directing matings and assisting selection for continuous genetic progress.

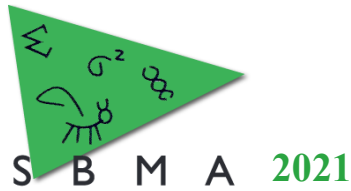
Keywords: mating, clustering, hierarchical grouping, selection

Introdução

As importações de *Bos tauros indicus*, se iniciaram na segunda metade do século XIV, e o gado Nelore como conhecemos hoje passou por longo processo de formação e permanece em seleção até os dias de hoje, onde se pretende obter animais cada vez mais eficientes para produção de carne de qualidade, boa reprodução, eficiência alimentar, adaptabilidade, resistência a doenças e bom temperamento. Com o desenvolvimento de pesquisas e tecnologias a seleção ganhou novas ferramentas possibilitando que o processo de melhoramento genético animal de bovinos esteja em contínuo progresso, explorando ao máximo a diversidade genética dentro de suas populações por meio de acasalamentos dirigidos. A presença de variabilidade genética é o que garante diferenças de desempenho dentro de populações e permite a escolha de animais superiores a serem utilizados como reprodutores.

Conhecer e identificar a existência de variabilidade genética para a seleção por meio do efeito aditivo possibilita a redução do intervalo de geração e conseqüente aumento no ganho genético, elevando a eficiência dos sistemas produtivos de gado de corte brasileiro (BARROS et al., 2018), por garantir maior objetividade e precisão para acasalamentos dirigidos na prática do melhoramento animal.

Objetivou-se identificar grupos geneticamente similares para características de interesse econômico em um rebanho de impacto na pecuária brasileira e de países da América do Sul, que utilizam a genética da raça Nelore.



Material e Métodos

O banco de dados foi proveniente da empresa Genética Aditiva por meio da Melhora Mais Consultoria Genética. Os dados continham informações de 30.419 animais, incluindo diferenças esperadas na progênie (DEPs) de avaliação genética e genômica, pedigree, sexo e nascimento. Dados inconsistentes de animais repetidos ou com falta de informação de pedigree foram excluídos da análise, totalizando 30.219 informações no arquivo final. A análise de agrupamento utilizou linguagem R Core Team 4.0.3 (2020). Com base nas distâncias euclidianas, por meio do método de Ward, os animais foram clusterizados, de acordo com a similaridade de seus valores genéticos e genômicos, dentro dos seguintes grupos de características: CARCAÇA: acabamento (ACAB), área de olho de lombo (AOL) e marmoreio (MAR); MATERNAS: maternal para peso aos 120 e 210 dias (MP120 e MP210).

Resultados e Discussão

Para os dois grupos de características o número ótimo de clusters foi três. A análise de agrupamentos evidenciou os animais com maior similaridade com relação aos grupos de características predefinidos, sendo que os resultados podem variar de acordo com cada população analisada e com os critérios de seleção eleitos por cada criador. Em via de regra o primeiro cluster contém os animais com os menores valores de DEP, e o terceiro contém os animais com as maiores médias. As características de carcaça e maternas são selecionadas sempre buscando valores mais elevados dentro do equilíbrio com os outros critérios. Verifica-se que dentro da população há grupos de animais com melhor desempenho, e que a seleção dentro desses grupos pode otimizar o ganho genético, utilizando os animais que foram agrupados no cluster três como reprodutores o progresso genético pode ser acelerado.

Por se tratar de uma população que passa por constante seleção, mesmo os valores médios dos demais clusters não são considerados inferiores, porém visando um ganho genético maior em menor tempo, os animais com maiores valores genéticos devem ser utilizados. Animais com valores inferiores de DEPs podem ser identificados, assim como a descendência e as famílias responsáveis por essas médias, e serem utilizadas como critério de descarte ou utilizados de modo estratégico quando se desejar fazer algum acasalamento corretivo, visto que nem sempre o animal apresenta médias indesejáveis em todas as características.

É estrategicamente importante conhecer a variabilidade genética das populações de bovinos para garantir uma resposta adequada às necessidades das gerações futuras (PERIPOLLI *et al.*, 2018), identificar esses animais e com base em seu o coeficiente de endogamia pode ser uma forma de classifica-los como linhagem especializada para características de carcaça e maternas.

TABELA 1. Número de animais, médias e desvio padrão dos agrupamentos realizados com base nas características de carcaça, assim como para as demais características analisadas

	CARCAÇA								
	Cluster 1			Cluster 2			Cluster 3		
	N	Med+dp		N	Med+dp		N	Med+dp	
ACAB (mm)	15371	0,060	0,202	5657	0,170	0,200	9144	0,522	0,277
AOL (cm ²)	15371	-0,048	0,988	5657	1,155	1,365	9144	2,200	1,418
MAR (%)	15371	-0,007	0,068	5657	0,173	0,087	9144	0,032	0,124
MP120 (kg)	15368	1,552	1,485	5657	1,426	1,658	9144	2,191	1,699
MP210 (kg)	15368	2,049	1,982	5657	1,808	2,290	9144	2,898	2,325

Médias mais equilibradas estão demonstradas no cluster 3. ACAB: acabamento; AOL: área de olho de lombo; MAR: marmoreio; MP120: peso maternal aos 120 dias; MP210: peso maternal aos 210 dias

TABELA 2. Número de animais, médias e desvio padrão dos agrupamentos realizados com base nas características maternas, assim como para as demais características analisadas

	MATERNAS								
	Cluster 1			Cluster 2			Cluster 3		
	N	Med+dp		N	Med+dp		N	Med+dp	
MP120 (kg)	10970	0,048	0,972	12653	2,061	0,500	6592	3,830	0,811
MP210 (kg)	10970	0,000	1,379	12653	2,727	0,671	6592	5,092	1,092
ACAB (mm)	10967	0,170	0,279	12653	0,220	0,299	6592	0,301	0,335
AOL (cm ²)	10969	0,463	1,535	12653	0,931	1,506	6592	1,345	1,537
MAR (%)	10929	0,055	0,112	12649	0,035	0,108	6592	0,018	0,122

Melhores médias estão demonstradas no cluster 3. ACAB: acabamento; AOL: área de olho de lombo; MAR: marmoreio; MP120: peso maternal aos 120 dias; MP210: peso maternal aos 210 dias

Conclusão

A identificação de grupos geneticamente semelhantes pode ser utilizada para fins de conhecimento da variabilidade genética de rebanhos e visando a identificação de novos reprodutores.

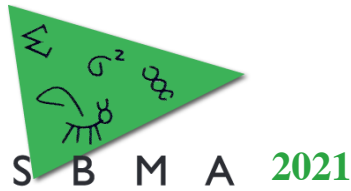
Agradecimentos

À empresa Melhora Mais e a Genética Aditiva pelo fornecimento dos dados e total disponibilidade para eventuais dúvidas. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001

Literatura citada

Barros, I.C.; Mota, R.R.; Da Silva, L.P.; Carneiro, P.L.S.; Filho, R.M.; Malhado, C.H.M. Genetic evaluation of the growth of Polled Nellore via multi-trait models. **Revista Ceres**, vol. 65, no. 5, p. 402–406, 2018. <https://doi.org/10.1590/0034-737X201865050004>.

Peripolli, E.; Metzger, J.; De Lemos, M.V.A.; Stafuzza, N.B.; Kluska, S.; Olivieri, B.F.; Feitosa, F.L.B.; Berton, M.P.; Lopes, F.B.; Munari, D.P.; Lôbo, R.B.; Magnabosco, C.D.U.; Di Croce, F.; Osterstock, J.; Denise, S.; Pereira, A.S.C.; Baldi, F. Autozygosity islands and ROH patterns in Nellore lineages: Evidence of selection for functionally important traits 06 Biological Sciences 0604 Genetics. **BMC Genomics**, vol. 19, no. 1, p. 1–14, 2018. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5060-8>.



Estudo de associação genômica ampla de emissão de metano em bovinos Nelore

Luana Lelis Souza^{1*}, Leandro Sannomiya Sakamoto², Nedenia Bonvino Stafuzza², Sarah Bernardes Gianvecchio², Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo², Lucia Galvão Albuquerque¹, Josineudson Augusto II Vasconcelos da Silva³, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante²

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, FCAV-UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Instituto de Zootecnia - Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Sertãozinho, SP, Brasil.

³Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, FMVZ-UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: luanalelis@gmail.com

Resumo: O objetivo do estudo foi realizar estudo de associação genômica ampla da característica emissão de metano em bovinos da raça Nelore que foram avaliados em teste de eficiência alimentar. As dietas consistiram em forragem (60%) e concentrado (40%). A emissão de metano (CH₄) foi avaliada por cinco dias consecutivos utilizando o método do gás traçador hexafluoreto de enxofre. Foram incluídas informações fenotípicas de 439 animais (391 machos e 48 fêmeas), 1.719 animais com genótipo e 9.776 animais no pedigree. Os dados foram analisados considerando o modelo animal no procedimento single-step GBLUP (BLUPF90 packages). A identificação dos genes foi realizada no BioMart/Ensembl (genoma bovino UMD 3.1). Foram identificadas 14 janelas nos cromossomos 2, 5, 6, 14 e 16, que explicam 16,6% da variância genética aditiva para CH₄. O cromossomo 14 se destacou por apresentar 10 janelas, que explicam 13,5% CH₄, sendo a região 21144012-22140363 bp responsável por 2,6% da variância genética aditiva. Dentro dessas 14 janelas, foram identificados 81 genes codificantes de proteína, muitos dos quais têm sido associados com características relacionadas a CH₄. Foi possível identificar, através da análise funcional, 22 termos significantes (P<0,05), dos quais 10 são vias metabólicas, oito são processos biológicos, dois componentes celulares e duas funções moleculares. Muitos termos identificados pela análise funcional estão associados com o rúmen, cujos genes atuantes podem estar relacionados com CH₄.

Palavras-chave: bovinos de corte, gases do efeito estufa, genes, variância genética aditiva.

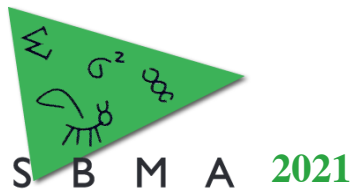
Genome wide association study of methane emission in Nelore cattle

Abstract: The aim of the study was to perform a genome-wide association study of methane emission in Nelore cattle, which were evaluated through a feed efficiency test. The diets consisted of forage (60%) and concentrate (40%). The methane emission (CH₄) was evaluated for five consecutive days using the sulfur hexafluoride tracer gas method. Phenotypic information from 439 animals (391 males and 48 females), genotypic from 1,719 animals and pedigree from 9,776 animals were included on analysis. Data were analyzed considering the animal model in the single-step procedure GBLUP (BLUPF90 packages). Gene identification was performed using BioMart/Ensembl database (bovine genome UMD 3.1). Fourteen windows were identified on chromosomes 2, 5, 6, 14 and 16, which together explain 16.6% of the additive genetic variance for CH₄. Chromosome 14 presented 10 windows, which together explain 13.5% CH₄, with region 21144012-22140363 bp being responsible for 2.6% of the additive genetic variance. A total of 81 protein-coding genes were identified in those 14 windows, which have been associated with CH₄-related traits. It was possible to identify, through functional analysis, 22 significant terms (P<0.05), of which 10 are KEGG pathways, eight are biological processes, two are cellular components and two are molecular functions. Several genes identified are associated with the rumen functions, and may be related to CH₄.

Keywords: additive genetic variance, beef cattle, genes, greenhouse gases.

Introdução

A emissão de metano é uma característica importante para estudo com ruminantes devido ao seu impacto ambiental e econômico. Os bovinos contribuem com cerca de 4,6 gigatoneladas de CO₂-eq, representando 65% das emissões causadas pela pecuária, sendo um dos principais contribuintes para as emissões no setor agropecuário (O'Mara, 2011).



O grande desafio do setor pecuário é aumentar a produção de alimento, sem aumentar as emissões de gases de efeito estufa, ou mesmo, mitigá-las. Por meio de tecnologias e práticas que melhoram a eficiência da produção animal e do rebanho é possível que ocorra redução nas emissões. Várias tecnologias promissoras, tais como aditivos alimentares, vacinas e métodos de seleção genética, tem grande potencial para reduzir as emissões (Gerber et al., 2013).

Painéis de alta densidade de marcadores do tipo polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) são utilizados para detectar variantes genéticas no genoma, como em estudos de associação genômica ampla (GWAS) que consiste na detecção de associações estatísticas entre a característica de interesse e SNPs, para identificar possíveis variações genéticas associadas às diferenças fenotípicas da característica em uma população (Visscher et al., 2017). Com isso, o objetivo do trabalho foi realizar o estudo de associação genômica ampla da característica emissão de metano em bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

Os animais foram avaliados em sete testes de eficiência alimentar nos anos de 2011, 2012, 2018, 2019 e 2020. Após a desmama, os animais pertencentes ao programa de seleção do Instituto de Zootecnia, permaneceram em piquetes coletivos equipados com cochos eletrônicos (GrowSafe®) durante $81 \pm 5,6$ dias para a coleta de consumo diário individual para o cálculo do consumo de matéria seca. As dietas consistiram de 60% de forragem (feno de braquiária e silagem de milho) e 40% de concentrado (farelo de milho).

A emissão de metano (CH_4) foi avaliada em 439 animais da raça Nelore, sendo 391 machos e 48 fêmeas (297 ± 54 kg de peso no meio do teste e 341 ± 59 dias de idade na coleta de CH_4), por cinco dias consecutivos utilizando o método do gás traçador hexafluoreto de enxofre (SF_6) em 12 grupos de coleta.

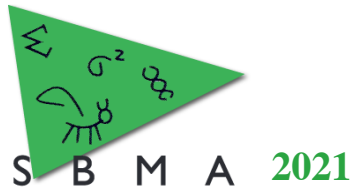
Foram incluídos nesse estudo informações fenotípicas da taxa diária de emissão de metano (CH_4 , g/dia) de 439 animais, além de 1.719 animais genotipados (773 animais com chip de alta densidade de 770k, e 788 com chip 75 ou 50 k). A imputação dos genótipos foi feita utilizando o programa FImpute v3, e uma população referência de 6862 animais genotipados com chip HD. Os dados foram analisados considerando modelo animal no procedimento single-step GBLUP (BLUPF90 packages). Os efeitos classificatórios foram grupos de coleta, mês de nascimento e as covariáveis idade do animal na coleta, e idade da mãe linear e quadrática. Os efeitos dos SNPs foram obtidos de forma iterativa com auxílio do programa postGSf90, de acordo com o algoritmo proposto por Wang et al. (2014). O mapeamento das regiões genômicas de maior efeito sobre a expressão da característica foi realizado por gráficos do tipo Manhattan, contendo a variância explicada por janelas de aproximadamente 1 Mb. A identificação dos genes presentes nas janelas de maior efeito foi realizada por meio da ferramenta BioMart no banco de dados Ensembl (genes 94 - <https://www.ensembl.org>), utilizando como referência a versão de anotação do genoma bovino UMD 3.1. Análise de enriquecimento funcional foi realizada com o DAVID v.6.8 (<https://david.ncifcrf.gov/>).

Resultados e Discussão

Foram identificadas 14 janelas distribuídas nos cromossomos 2, 5, 6, 14 e 16, que explicam mais de 0,5% da variância genética aditiva para a característica. Tais janelas juntas explicam 16,61% da variância genética aditiva para emissão de metano. O cromossomo 14 se destacou por apresentar 10 janelas, as quais juntas explicam 13,53% da emissão de metano. A região 21144012-22140363 bp no cromossomo 14 foi identificada como responsável pela maior porcentagem da variância genética aditiva da característica (2,61%).

Um total de 123 Ensembl IDs foram identificados dentro dessas 14 janelas, dos quais 81 são genes codificantes de proteínas, com destaque para os genes *ADCY6*, *LYPLA1*, *PLA2G2A*, *PLA2G2C*, *PLA2G2D4*, *PLA2G2E*, *PLA2G2F* e *PLA2G5*, os quais têm sido associados com características de qualidade de carne e carcaça, consumo alimentar, metabolismo de ácidos graxos e digestão de fosfolípidios (Lindhholm-Perry et al., 2012).

A análise de enriquecimento funcional a partir dos 81 genes codificantes de proteínas identificou 22 termos significantes ($P < 0,05$), dos quais 10 são vias metabólicas (KEGG pathways), oito são processos biológicos, dois são componentes celulares e dois são funções moleculares. Entre os termos significantes, destacam-se aqueles que podem estar relacionados com a emissão de metano, como digestão e absorção de gorduras (bta04975), secreção pancreática (bta04972), metabolismo de ácido alfa-linoleico (bta00592),



metabolismo de ácido linoleico (bta00591), metabolismo lipídico de éter (bta00565), metabolismo de glicerofosfolípidos (bta00564) e metabolismo de ácido araquidônico (bta00590).

Os ácidos graxos insaturados são tóxicos para muitas espécies de bactérias que habitam o rúmen, particularmente para as envolvidas na digestão das fibras. Além disso, devido ao ambiente anaeróbio do rúmen, há um excesso de hidrogênio no qual a população microbiana está continuamente interessada em se livrar, que é a principal razão pela qual o metano é produzido no rúmen, já que a eliminação de hidrogênio do rúmen é importante para manter a fermentação ruminal eficiente. Consequentemente, os ácidos graxos insaturados são liberados e rapidamente hidrogenados em ácidos graxos saturados. Em bovinos alimentados com dietas típicas, mais de 90% dos ácidos graxos insaturados serão bio-hidrogenados para produzir ácidos graxos saturados que fluem para o intestino delgado (Drackley, 2007). Estudos têm reportado que a adição de lipídeos na dieta de ruminantes tem se mostrado eficaz na redução da emissão de metano, com destaque para o ácido linoleico, que tem se mostrado mais efetivo (Rasmussen & Harrison, 2011).

Conclusão

As análises de associação genômica permitiram identificar regiões genômicas, localizadas principalmente no cromossomo 14, que contribuem com a variabilidade genética da emissão de metano em bovinos Nelore. Os genes identificados participam principalmente de processos biológicos associados com o rúmen, podendo estar relacionados com a emissão de metano.

Agradecimentos

Fundação de Amparo a Pesquisa de São Paulo (FAPESP) por suporte financeiro (Proc 2017/10630-2 e Proc 2017/50339-5) e por financiar bolsas para Luana Lelis Souza (Proc 2019/11738-7) e Leandro Sannomiya Sakamoto (Proc 2018/17313-5). Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, código 001) por financiar bolsa para Sarah Bernardes Gianvecchio.

Literatura citada

- Drackley J.K. 2007. **Overview of Fat Digestion and Metabolism in Dairy Cows**. USA: University of Illinois; Urbana, IL, 1–9.
- Gerber, P.J., Steinfeld, H., Henderson, B., Mottet, A., Opio, C., Dijkman, J., Falcucci, A., & Tempio, G. 2013. Tackling climate change through livestock: a global assessment of emissions and mitigation opportunities. **Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO)**.
- Lindholm-Perry, A. K., Kuehn, L. A., Smith, T. P. L., Ferrell, C. L., Jenkins, T. G., Freetly, H. C., & Snelling, W. M. (2012). A region on BTA14 that includes the positional candidate genes LYPLA1, XKR4 and TMEM68 is associated with feed intake and growth phenotypes in cattle 1. **Animal genetics**, 43, 216-219.
- O'mara, F.P. 2011. The significance of livestock as a contributor to global greenhouse gas emissions today and in the future. **Animal Feed Science and Technology**, 166, 7-15.
- Rasmussen, J., & Harrison, A. (2011). The benefits of supplementary fat in feed rations for ruminants with particular focus on reducing levels of methane production. **International Scholarly Research Notices**.
- Wang, H., Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., Fernando, R.L., Vitezica, Z., Okimoto, R., Wing, T., Hawken, R., & Muir, W.M. 2014. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens. **Frontiers in Genetics**, 134.



Alterações no perfil proteico do plasma sanguíneo em bovinos sob estresse térmico

Natalya Gardezani Abduch¹; Ana Claudia de Freitas²; Henrique Gonçalves Reolon³; Claudia Cristina Paro de Paz²; Nedenia Bonvino Stafuzza^{2*}

¹Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil.

²Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, SP, Brasil.

³Instituto Federal de Rondônia (IFRO), Colorado do Oeste, RO, Brasil.

*Autor correspondente: nedeniabs@gmail.com

Resumo: O estresse térmico altera os perfis proteicos e a identificação de mecanismos moleculares que resultam em fenótipos termotolerantes são essenciais para aumentar a eficiência na produção, reprodução e reduzir o impacto negativo na saúde e bem estar animal. Assim, o objetivo desse estudo foi identificar potenciais biomarcadores para estresse térmico em bovinos Caracu por meio da análise proteômica do plasma sanguíneo. A coleta de sangue foi realizada antes e após exposição ao sol por 8 horas. A análise proteômica foi realizada por espectrometria de massa de alta resolução. As proteínas identificadas exclusivamente ou diferencialmente expressas antes e após exposição ao sol foram investigadas quanto às suas funções nos bancos de dados Gene Ontology, KEGG e Uniprot. Após exposição ao sol, foram identificadas 54 proteínas expressas exclusivamente nesse grupo, 74 proteínas com redução da expressão e 75 proteínas com aumento da expressão. Entre essas proteínas, destacam-se 34 que atuam nas vias relacionadas com o sistema imune, cascatas de complemento e de coagulação sanguínea, interação receptor de matriz extracelular, via de sinalização PI3K-Akt e via de sinalização Rap1. A identificação dessas proteínas diferencialmente expressas e seus modos de ação contribuem para o entendimento dos mecanismos de resposta ao estresse térmico em bovinos de corte.

Palavras-chave: Caracu, proteínas, soro sanguíneo, termotolerância, vias metabólicas.

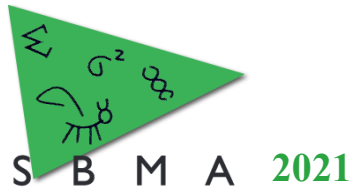
Changes in blood plasma protein profile in cattle under heat stress

Abstract: The heat stress changes protein profiles and the identification of molecular mechanisms responsible for thermotolerant phenotypes are essential to increase efficiency in production, reproduction and reduce the negative impact on animal health and welfare. Thus, the aim of this study was to identify potential biomarkers for heat stress in Caracu beef cattle through proteomic analysis of blood plasma. Blood collection was performed before and after exposure to the sun for 8 hours. Proteomic analysis was performed by high resolution mass spectrometry. Proteins identified exclusively or differentially expressed before and after sun exposure were investigated for their functions in the Gene Ontology, KEGG and Uniprot databases. After sun exposure, a total of 54 proteins were identified as expressed exclusively in this group, 74 proteins had their expression reduced and 75 proteins had their expression increased. Among these proteins, we highlighted 34 proteins that acts in pathways related to the immune system, complement and blood coagulation cascades, extracellular matrix receptor interaction, PI3K-Akt signaling pathway and Rap1 signaling pathway. The identification of these differentially expressed proteins and their functions contribute to understanding the mechanisms behind the response to heat stress in beef cattle.

Keywords: blood serum, Caracu, metabolic pathways, proteins, thermotolerance.

Introdução

A proteômica é uma ferramenta poderosa para pesquisas biológicas, a qual pode ser amplamente aplicada na exploração de perfis de proteínas diferencialmente abundantes, cuja presença ou ausência de proteínas específicas é um indicador do estado fisiológico de um organismo. O estresse térmico resulta em alterações em perfis proteicos e a identificação de mecanismos moleculares que atuam nas vias metabólicas que resultam em fenótipos mais termotolerantes são essenciais para se obter maior eficiência na produção, reprodução e reduzir o impacto negativo na saúde e bem estar animal. Embora muitos aspectos do estresse térmico tenham sido extensivamente estudados, pouco se sabe sobre as mudanças no perfil proteico que ocorrem durante a exposição ao calor. Análise proteômica do plasma é uma fonte rica em informações



biológicas para avaliar os estados fisiológicos normais e patológicos, uma vez que o plasma está em contato com todos os tecidos do corpo e fatores podem ser liberados desses tecidos para a circulação sanguínea. Tal estudo pode representar avanços consideráveis na pecuária em áreas como fisiologia, nutrição, saúde, reprodução, produção e bem-estar animal.

Dada a dificuldade em manter a produtividade animal em níveis elevados e promover o bem-estar em um clima tropical, o conhecimento dos mecanismos de resposta ao estresse térmico em raças crioulas é de extrema importância para o desenvolvimento de estratégias que possibilitem sua utilização tanto em rebanhos puros quanto em esquemas de cruzamento terminal para explorar heterose e complementaridade, uma vez que o material genético das raças crioulas pode se tornar mais produtivo em seus próprios ambientes do que as raças exóticas. Nesse contexto, o objetivo do presente estudo foi identificar potenciais biomarcadores para estresse térmico em bovinos da raça Caracu por meio de análise proteômica de plasma sanguíneo.

Material e Métodos

O experimento de estresse térmico ocorreu em fevereiro de 2020, em dias que a temperatura do globo negro atingiu valores acima de 45°C. A coleta de sangue e de temperatura retal foi realizada em 48 machos da raça Caracu com média de 17 meses de idade, antes (4:00 - 6:00 h) e após exposição ao sol (13:00 - 15:00 h). O estresse térmico foi determinado utilizando como referência o índice de tolerância ao calor (ITC), descrito por Baccari Junior (1986).

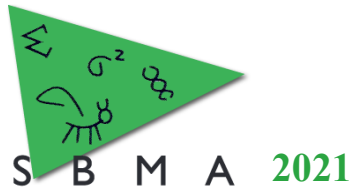
Alíquotas de 500 µL de plasma sanguíneo dos animais que apresentaram fenótipo extremo para termotolerância (8 animais com maior ITC e 8 animais com menor ITC), foram utilizadas na identificação de proteínas por espectrometria de massa de alta resolução, cuja metodologia consistiu em: remoção de albumina, quantificação de proteínas, SDS-PAGE, preparação das amostras para análise proteômica e análise por espectrometria de massas avançada. A preparação das amostras para a espectrometria de massas avançada consistiu em: redução e alquilação das proteínas, digestão enzimática das proteínas com tripsina, e limpeza/dessalinização das amostras. As amostras foram em seguida secas a vácuo e aplicadas no equipamento de nanocromatografia líquida Ultimate 3000 LC (Dionex) acoplado ao espectrômetro de massas Q-Exactive Hybrid Quadrupole-Orbitrap (Thermo Fisher Scientific). As amostras foram analisadas individualmente e a intensidade dos íons foi utilizada como indicativo aproximado de abundância.

Proteínas com concentrações acima de 2X em um dos grupos foram consideradas super expressas. Informações sobre a funções e tecidos em que as proteínas identificadas são secretadas, foram obtidas nos bancos de dados Uniprot (<https://www.uniprot.org/>), Gene Ontology (<http://geneontology.org/>) e KEGG (<https://www.genome.jp/kegg/>).

Resultados e Discussão

Foram identificadas 371 proteínas, das quais 279 foram detectadas em ambos os grupos, 38 apenas antes da exposição ao sol e 54 apenas após exposição ao sol. Além disso, 74 proteínas foram identificadas como super expressas antes da exposição ao sol e 75 proteínas foram identificadas como super expressas após exposição ao sol.

Entre os potenciais biomarcadores para o estresse térmico, destacam-se 34 proteínas expressas exclusivamente ou diferencialmente expressas após o estresse térmico, as quais são codificadas pelos seguintes genes: *AP3B1*, *APOA1*, *APOA2*, *C3*, *C4BPA*, *C9*, *CDH1*, *COL27A1*, *COL5A2*, *EPOR*, *FBLN1*, *FGA*, *FGG*, *IRS1*, *ITGA5*, *ITGB1*, *ITGB3*, *ITGB7*, *ITIH4*, *ITPR1*, *KNG1*, *LAMA2*, *ORM1*, *PDGFRA*, *PLCB4*, *PROC*, *SERPINC1*, *SERPINF2*, *SIPAI*, *TLN2*, *TNC*, *TNXB*, *VTN* e *VWF*. A análise de enriquecimento funcional revelou que a alteração do perfil proteico após o estresse térmico impacta importantes vias metabólicas e processos biológicos, como coagulação sanguínea (GO:0007596), via clássica de ativação do complemento (GO:0006958), cascatas de complemento e coagulação (bta04610), regulação negativa de coagulação sanguínea (GO:0030195), ativação de plaquetas (GO:0030168, bta04611), agregação de plaquetas (GO:0070527), formação de coágulo de fibrina (GO:0072378), via de sinalização mediada por integrina (GO:0007229), resposta de fase aguda (GO:0006953), oxidação de proteínas (GO:0018158), regulação negativa de secreção de citocina envolvida na resposta imune (GO:0002740), interação receptor de matriz extracelular (bta04512), via de sinalização PI3K-Akt (bta04151) e via de sinalização Rap1 (bta04015).



Diversos estudos têm reportado que o estresse térmico afeta negativamente as funções do sistema imune. O sistema complemento é um grande efetor da resposta imune pois se trata da principal linha de defesa contra infecções, além de desencadear diversos mecanismos imunoregulatórios, desempenhando papéis fundamentais nas imunidades inata e adaptativa. Animais deficientes em componentes do complemento exibem maior suscetibilidade a infecções, respostas de células T e B prejudicadas, atividade fagocítica reduzida e dificuldade na eliminação de patógenos (Min et al., 2016). Os resultados deste estudo indicam que o estresse térmico diminui a abundância de componentes do sistema complemento do plasma sanguíneo, sugerindo que o estresse térmico prejudica o sistema imune.

A matriz extracelular consiste em uma mistura complexa de macromoléculas estruturais e funcionais que desempenham importante funções na morfogênese de tecidos e órgãos e na manutenção da estrutura e função celular e tecidual, a qual desempenha importante papel em situações de estresse térmico (Contreras-Jodar et al., 2018). A via de sinalização PI3K-Akt é ativada por diversos tipos de estímulos celulares, o qual regula funções celulares fundamentais como transcrição, tradução, proliferação, crescimento e sobrevivência. Estudos têm reportado que essa via desempenha importante papel na prevenção da apoptose induzida pelo estresse térmico (Gao et al., 2013). Já a via de sinalização Rap1 está intimamente associada à regulação do balanço energético, incluindo a homeostase de glicose e o metabolismo lipídico, desempenhando um papel importante na regulação da homeostase energética em condições de estresse térmico (Kaneko et al. 2016).

Conclusão

Este estudo forneceu uma visão abrangente sobre o perfil de proteínas expressas em bovinos Caracu sob estresse térmico. As análises funcionais revelaram que os sistemas imune, de complemento e de cascatas de coagulação, foram influenciados pelo estresse térmico, bem como as vias de sinalização PI3K-Akt e Rap1. Tais resultados contribuem para expandir o conhecimento científico sobre o estresse térmico em bovinos de corte e fornece uma nova visão para futuras pesquisas nesse campo.

Agradecimentos

À FAPESP pelo auxílio (2018/19216-7) e bolsas (2019/10438-0, 2019/17251-2 e 2020/03699-9).

Literatura citada

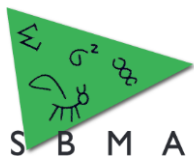
Baccari Junior, F., Polastre, R., Fré, C. A., Assis, P.S. Um novo índice de tolerância ao calor para bubalinos: correlação com o ganho de peso. **Anais...** In: Reunião Anual da Sociedade de Zootecnia, 1986, Campo Grande.

Contreras-Jodar, A., Salama, A. A., Hamzaoui, S., Vailati-Riboni, M., Caja, G., Llor, J. J. 2018. Effects of chronic heat stress on lactational performance and the transcriptomic profile of blood cells in lactating dairy goats. **Journal of Dairy Research**, 85, 423-430.

Gao, Z., Liu, F., Yin, P., Wan, C., He, S., Liu, X., Zhao, H., Liu, T., Xu, J., Guo, S. 2013. Inhibition of heat-induced apoptosis in rat small intestine and IEC-6 cells through the AKT signaling pathway. **BMC Veterinary Research**, 9, 241.

Kaneko, K., Xu, P., Cordonier, E. L., Chen, S. S., Ng, A., Xu, Y., Morozov, A., Fukuda, M. 2016. Neuronal Rap1 regulates energy balance, glucose homeostasis, and leptin actions. **Cell Reports**, 16, 3003–3015.

Min, L., Cheng, J., Zhao, S., Tian, H., Zhang, Y., Li, S., Yang, H., Zheng, N., Wang, J. 2016. Plasma-based proteomics reveals immune response, complement and coagulation cascades pathway shifts in heat-stressed lactating dairy cows. **Journal of Proteomics**, 146, 99-108.



Modelo de norma de reação genômica para detecção de interação genótipo × ambiente pré-natal sobre o crescimento pós-natal de bovinos Nelore

Mário Luiz Santana Júnior^{1*}, Annaiza Braga Bignardi¹, Rodrigo Junqueira Pereira¹, Gerson Antônio de Oliveira Júnior², Anielly de Paula Freitas³, Roberto Carvalheiro⁴, Joanir Pereira Eler⁵, José Bento Serman Ferraz⁵, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo³, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante³

¹Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), ICAT, Universidade Federal de Rondonópolis (UFR), Rondonópolis, MT, Brasil.

²University of Guelph, Guelph, ON, Canada.

³Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP, Brasil.

⁴Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, FCAV, Jaboticabal, SP, Brasil.

⁵Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB), FZEA, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: santana@ufr.edu.br

Resumo: O presente estudo foi projetado para identificar a interação genótipo × ambiente (IGA) pré-natal sobre o crescimento pós-natal de bovinos Nelore e revelar regiões genômicas relacionadas ao nível e à resposta do desempenho dos animais às mudanças ambientais. Um modelo de norma de reação foi aplicado aos dados de peso à desmama (PD) de duas bases de dados considerando como descritor do ambiente pré-natal (gestação) as soluções de grupos de contemporâneos para peso ao nascimento. Como evidência da ocorrência de IGA, foram observadas correlações genéticas abaixo da unidade entre PD em ambientes de gestação distintos. Adicionalmente, as normas de reação exibiram importante reclassificação de valores genéticos dos touros nos diferentes ambientes de gestação. Foram identificadas regiões genômicas candidatas do intercepto e inclinação das normas de reação, as quais foram previamente associadas a importantes características relacionadas à produção e qualidade do leite, saúde, reprodução e crescimento dos animais. Portanto, a IGA pré-natal é uma importante fonte de variação para o crescimento pós-natal e deveria ser considerada em avaliações genéticas.

Palavras-chave: gado de corte, interação genótipo ambiente, peso à desmama, programação fetal.

Genomic reaction norm model for detection of genotype × prenatal environment interaction on postnatal growth of Nelore cattle

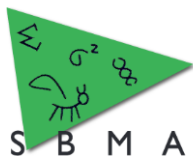
Abstract: The present study was designed to identify the genotype by prenatal environment interaction (G×E) on postnatal growth of Nelore cattle and to detect genomic regions associated with the level and response of animal performance to environmental changes. A reaction norm model was applied to weaning weight (WW) data of two databases considering the solutions of contemporary groups for birth weight as a descriptor of the prenatal environment (gestation). As evidence of the occurrence of G×E, genetic correlations below unity were obtained between WW in different gestational environments. Additionally, the reaction norms showed important reranking of breeding values of sires in different gestational environments. The detected candidate genomic regions associated with the intercept and the slope of the reaction norm model were previously associated with milk yield and quality, health, reproduction, and growth traits. Therefore, prenatal G×E is an important source of variation for postnatal growth and should be considered in genetic evaluations.

Keywords: beef cattle, fetal programming, genotype by environment interaction, weaning weight.

Introdução

O ambiente pré-natal é reconhecido como importante para o desenvolvimento do feto bovino e como um dos fatores determinantes do desempenho pós-natal desses animais. Diversos estudos têm demonstrado as consequências de curto e longo prazo da programação de desenvolvimento sobre o crescimento, reprodução e saúde da prole (Greenwood & Cafe, 2007).

Em regiões tropicais, os bovinos de corte são criados predominantemente em sistemas de pastejo, sendo expostos a diversas variáveis climáticas e parasitas. Além disso, nessas regiões, vacas prenhes comumente sofrem restrição alimentar durante o período final de gestação, o qual normalmente coincide com a estação de baixa quantidade e qualidade de forragem. Portanto, o ambiente pré-natal pode constituir fonte de interação genótipo × ambiente (IGA). O uso de marcadores genéticos do tipo polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) aliado a modelos de norma de reação tem potencial para identificar e contabilizar apropriadamente o efeito da IGA em avaliações genéticas (Hayes et al., 2016).



O presente estudo foi projetado para identificar a IGA pré-natal sobre o crescimento pós-natal de bovinos Nelore e revelar regiões genômicas associadas ao nível e à resposta do desempenho dos animais às mudanças ambientais.

Material e Métodos

Foram consideradas duas bases de dados de bovinos Nelore. O primeiro conjunto de dados compreendeu informações do rebanho mantido pelo Instituto de Zootecnia (IZ, Sertãozinho-SP). O rebanho IZ foi composto por linha controle, linha selecionada para maior peso pós-desmama e linha selecionada para maior peso pós-desmama (PD) e menor consumo alimentar residual. O segundo conjunto de dados foi referente a um grande rebanho selecionado pertencente à Agropecuária CFM, com animais nascidos em 12 fazendas distribuídas em diferentes estados brasileiros. Um total de 1.561 animais do rebanho IZ foram genotipados e/ou imputados para painel de alta densidade (~770k). Os animais foram pesados ao nascimento (IZ, n = 9.816; CFM, n = 287.705) e à desmama por volta dos 210 dias de idade (IZ, n = 9.003; CFM, n = 146.020). Os arquivos de pedigree incluíram 10.350 animais IZ e 356.730 CFM. Não foi nosso objetivo analisar diretamente o peso ao nascimento (PN), mas essa característica foi essencial para a definição do ambiente pré-natal (gestação). As soluções de grupos de contemporâneos (IZ = linha, ano e mês do nascimento; CFM = fazenda, ano, mês e grupo de manejo do nascimento) para o PN obtidas previamente usando um modelo animal padrão foram utilizadas como variável descritora do ambiente em um modelo de norma de reação para análise do PD.

O modelo de norma de reação (incluindo informações genômicas para animais IZ) foi aplicado aos dados considerando o efeito genético aditivo direto e materno, ambos regredidos sobre o descritor ambiental, ambiente permanente materno, grupo de contemporâneos, sexo, idade à mensuração como covariável linear, idade da mãe ao parto como covariável linear e quadrática e o resíduo. Amostras das distribuições posteriores dos componentes de (co)variância foram obtidas por amostragem de Gibbs. A correlação genética para o PD entre ambientes distintos foi estimada a fim de detectar a presença de IGA. Os efeitos dos marcadores para o intercepto e inclinação das normas de reação foram estimados usando o método ssGWAS (Wang et al., 2012). Para ilustrar a IGA pré-natal sobre o crescimento pós-natal, a norma de reação dos 50 touros com melhor valor genético (genômico) predito em ambientes extremos de gestação foram apresentadas. As três janelas genômicas móveis de cinco SNPs adjacentes que explicaram maior porcentagem da variância genética aditiva para o intercepto ou inclinação do PD (efeito direto) foram consideradas como potencialmente associadas ao nível e à resposta do desempenho dos animais às mudanças no ambiente. As análises foram executadas utilizando programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2002). O banco de dados QTLdb de bovinos foi explorado para verificar se alguma região genômica candidata foi relatada anteriormente como um locus de característica quantitativa (QTL).

Resultados e Discussão

As médias das estimativas de correlação genética direta para PD entre diferentes ambientes de gestação alcançaram valores abaixo da unidade para as duas populações analisadas (Tabela 1). Essas estimativas permitem afirmar que o PD não é essencialmente a mesma característica em condições ambientais distintas de gestação. De forma semelhante, Hay & Roberts (2018) reportaram para bovinos de corte compostos que o nível de suplemento alimentar fornecido às mães, resultou na programação fetal para medições fenotípicas coletadas nas progênies. Esses autores encontraram correlação genética de 0,73 para ganho em peso médio diário pós-desmama da progênie entre ambiente pré-natal com e sem restrição nutricional às mães durante a gestação.

Foi observada considerável reclassificação do mérito genético dos touros dependendo do ambiente pré-natal (Figura 1). Neste caso, a IGA devido ao ambiente pré-natal deveria ser considerada em avaliações genéticas do PD já que os melhores touros em um ambiente não são necessariamente os mesmos em outro.

Tabela 1. Médias (desvio padrão) das estimativas de correlação genética para efeitos diretos do peso à desmama entre diferentes ambientes de gestação de bovinos Nelore oriundos do Instituto de Zootecnia (IZ, abaixo da diagonal) e da Agropecuária CFM (acima da diagonal).

Descritor ambiental*	P10 (Desfavorável)	P40	P70	P90 (Favorável)
P10	1	0,959 (0,01)	0,885 (0,03)	0,722 (0,06)
P40	0,929 (0,01)	1	0,889 (0,02)	0,885 (0,03)
P70	0,646 (0,07)	0,882 (0,03)	1	0,961 (0,01)
P90	0,284 (0,11)	0,617 (0,07)	0,914 (0,02)	1

*expresso como percentis (P) das soluções de grupos de contemporâneos para peso ao nascimento

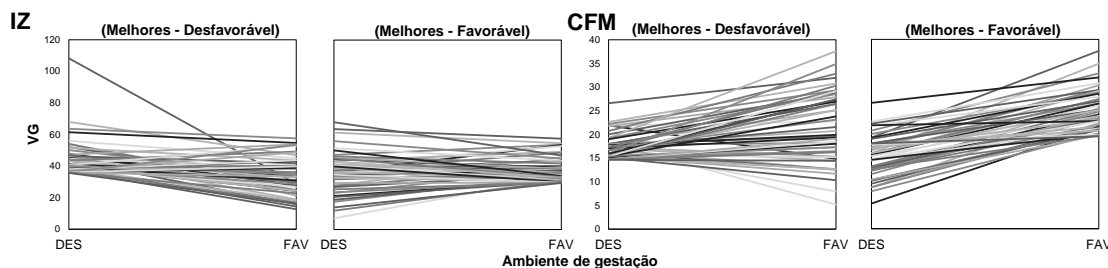


Figura 1. Normas de reação (valores genéticos preditos) dos top 50 touros (com pelo menos 25 progênies) em ambiente pré-natal desfavorável (DES) e favorável (FAV) para efeito genético direto do peso à desmama de bovinos Nelore oriundos do Instituto de Zootecnia (IZ) e da Agropecuária CFM.

As regiões genômicas candidatas do intercepto e inclinação foram previamente associadas a uma variedade de grupos de características como aquelas relacionadas à produção e qualidade do leite, saúde, reprodução e crescimento dos animais (Tabela 2). Essas regiões poderiam ser exploradas de forma mais minuciosa para melhor compreensão dos mecanismos biológicos subjacentes às respostas dos animais no período pós-natal devido às alterações ambientais ocorridas durante a gestação.

Tabela 2. Locus de características quantitativas (QTL) previamente identificados dentro das regiões genômicas potencialmente associadas ao intercepto e inclinação das normas de reação (efeito direto) do peso à desmama sobre o ambiente pré-natal de bovinos Nelore.

Parâmetro	BTA	Posição (pb)	VAR (%)	QTL
Intercepto	25	40619157-41019157	0,94	Consumo alimentar residual, taxa de concepção, velocidade de ordenha, ganho médio diário.
	21	14794265-15194265	0,71	Suscetibilidade à tuberculose bovina, idade ao primeiro parto, porcentagem de gordura nos rins, pelve e coração, teor de ácido graxo tridecílico do leite, pontuação de células somáticas.
	15	45597833-45997833	0,64	Rendimento de gordura do leite, ganho de peso corporal.
Inclinação	29	6736030-7136030	0,71	Força de cisalhamento.
	7	36882466-37282466	0,68	Porcentagem de alfa-S1-caseína do leite, velocidade de ordenha, gordura intramuscular.
	15	54575598-54975598	0,63	Produção de gordura do leite, concepção no primeiro serviço, inseminações por concepção, produção de leite em 305 dias, tempo de coagulação do leite, suscetibilidade a doenças respiratórias, taxa de concepção.

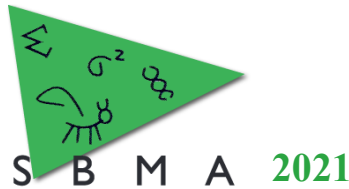
BTA = cromossomo; bp = par de base; VAR(%) = porcentagem da variância genética aditiva explicada.

Conclusão

A IGA pré-natal constitui uma importante fonte de variação para o crescimento pós-natal de bovinos Nelore, provavelmente mediada por programação fetal. O modelo de norma de reação (genômica) se mostra adequado para considerar a IGA em avaliações genéticas, além de possibilitar a identificação de regiões genômicas potencialmente associadas a uma série de características de importância econômica para a seleção dos animais.

Literatura citada

- Greenwood P.L. & Cafe L.M. 2007. Prenatal and pre-weaning growth and nutrition of cattle: long-term consequences for beef production. **Animal**, 1, 1283-1296.
- Hay E.H. & Roberts A. 2018. Genotype × prenatal and post-weaning nutritional environment interaction in a composite beef cattle breed using reaction norms and a multi-trait model. **Journal of Animal Science**, 96, 444-453.
- Hayes, B.J., Daetwyler, H.D., & Goddard, M.E. 2016. Models for genome × environment interaction: examples in livestock. **Crop Science**, 56, 2251-2259.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T. & Lee, D. H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Anais...In: Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production, 2002, Montpellier, France.
- 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, 73-83.



Efeito da idade da vaca sobre características de crescimento em bovinos compostos, considerando-se os efeitos de recombinação no modelo de análise

Elisângela Chicaroni de Mattos^{1*}, Gabriel Costa Medeiros¹, Luis Telo da Gama⁴, Joanir Pereira Eler¹, Gabriela Giacomini³, João Luis Oliveira³, Rafael Nuñez Domingues⁵, Fernando de Oliveira Bussiman², Felipe Eguti de Carvalho¹, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado¹, José Bento Sterman Ferraz¹

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

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

³Associação Internacional de Criadores de Montana, São José do Rio Preto, SP, Brasil.

⁴Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal.

⁵Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco, México.

*Autor correspondente: *limattos@usp.br*

Resumo: A idade da vaca é um efeito ambiental de grande importância para o bezerro, pois existem importantes diferenças na produção de leite e cuidados com a cria entre primíparas e multíparas. Dessa forma, o pecuarista que descarta vacas baseado no peso médio do bezerro desmamado tende a manter no rebanho, vacas multíparas e, conseqüentemente, aumenta a média de idade das vacas do rebanho. O objetivo desse estudo foi avaliar o impacto da idade da vaca em características de desempenho (peso à desmama, ganho de peso da desmama ao ano e peso ao ano) de bovinos compostos, efeito esse estimado coma inclusão dos efeitos de recombinação no modelo de análise. O banco de dados utilizado nesse estudo pertence ao Programa Montana Composto Tropical[®], e conta com cerca de 395.000 fenótipos para peso à desmama e 150.000 fenótipos para ganho de peso e peso ao ano. As análises foram conduzidas no software SAS 9.4. Pôde-se perceber que vacas com idades entre 70 e 150 meses de idade são as que tendem a desmamar bezerrões mais pesados. No entanto, quando são comparados os efeitos dos cuidados maternos após a desmama, percebe-se que os filhos de vacas adultas e que desmamam bezerrões mais pesados apresentam desempenho pior no ganho de peso pós-desmama. Conseqüentemente, em relação ao peso ao ano a diferença entre os bezerrões de vacas jovens e adultas diminui. Dessa forma, para o produtor de ciclo completo, animais gerados por novilhas ou vacas apresentam resultados semelhantes. Por outro lado, progênes de vacas com idade superior a 180 meses, apesar de apresentarem um bom ganho de peso da desmama ao sobreano, tendem a apresentar menores pesos à desmama e ao ano, portanto, suas mães são menos rentáveis tanto para o produtor de bezerrões.

Palavras-chave: bovinos de corte, desempenho, idade da vaca.

Effect of age of dam on growth traits in Composite Beef Cattle

Abstract: The age of the cow is an environmental effect of great importance for the calf growth, due to differences between primiparous and multiparous cows. Thus, the producer who discards cows based on the weaning weight of the calf tends to keep in the herd multiparous cows that take better care of their calves, consequently increasing the average age of the cows in the herd. The aim of this study was to evaluate the impact of cow age on performance traits (weaning weight, postweaning weight gain and yearling weight) in composite beef cattle, estimated with models of analysis that include the effects of recombination. The database used in this study belongs to the Montana Tropical[®] Composite breeding program has about 395,000 phenotypes for weaning weight and 150,000 phenotypes for postweaning weight gain and yearling weight. Analyzes were conducted using SAS 9.4 software. It could be noted that cows aged between 70 and 150 months are the ones that tend to wean heavier calves. However, when the effects of maternal care are compared after weaning, it is clear that the progeny of adult cows have a worse performance in postweaning weight gain. Consequently, in relation to yearling weight, the difference between calves of young and adult cows decreases. Thus, for the full-cycle producer, animals raised by heifers or adult cows have similar results, on the other hand, progenies of cows older than 180 months, despite having a good postweaning weight gain, tend to have lower weaning and yearling weights, therefore, their dams are less profitable for both: the calf producer and the full-cycle producer.

Keywords: beef cattle, performance, cow age.

Introdução

A pecuária de corte é responsável por 8,5% do Produto Interno Bruto do Brasil. Para a produção de carne de forma eficiente, é necessário conhecer os fatores genéticos e ambientais que influenciam a atividade. O desenvolvimento e uso de animais compostos, como o Montana Composto Tropical[®], através da combinação entre os diferentes tipos biológicos representa uma alternativa promissora para maximizar a produção devido à exploração da retenção de heterose e complementaridade entre as subespécies *Bos taurus* e *Bos indicus*. A idade da vaca tem impacto no desempenho da progênie, fato comprovado por diversos autores, em animais zebuínos, taurinos e cruzados (TEIXEIRA e ALBUQUERQUE, 2003; OLIVEIRA et al., 2000).

Dessa forma, o produtor que deseja ser mais eficiente na atividade deve considerar o desempenho da progênie e decidir quais as matrizes devem continuar no rebanho para tornar a atividade mais lucrativa. Como a maioria dos produtores ainda comercializa animais baseando-se nos pesos vivo e de carcaça, para as características de desempenho, o efeito de idade da vaca é imprescindível nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte. Quando as médias das progênies de novilhas e primíparas é comparada com a de vacas adultas de seis a oito anos de idade, os bezerros de vacas adultas tem maior peso à desmama e musculosidade (VAN VLECK et al., 1996), induzindo o produtor a usá-las por mais tempo e descartar uma maior quantidade de novilhas. No entanto, a produtividade das vacas, ao longo do tempo, apresenta uma curva bem definida, com ponto de máxima e decréscimo *a posteriori*.

O objetivo desse trabalho é avaliar o efeito da idade da vaca sobre as características peso à desmama, ganho de peso pós-desmama e peso ao ano de bovinos Montana Composto Tropical[®].

Material e Métodos

Foram utilizados, neste trabalho, fenótipos oriundos de dados coletados, desde 1994, pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Universidade de São Paulo, contendo cerca de 395.000 animais do Programa Montana Composto Tropical[®] para características de crescimento, mensurados aos 7 e 12 meses de idade. As características avaliadas foram: peso à desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP) e peso ao ano (P12). Essas características representam o potencial de ganho de peso do animal, o PD é muito importante para os produtores de bezerros, no entanto, considerando que o produtor deseja que seus clientes retornem na próxima safra, o GP também é importante pois reflete o potencial de adaptação do animal ao estresse da desmama. A característica P12 reflete o peso final do animal, o qual aliado à qualidade da carcaça, é o foco principal do produtor de bovinos de corte e consequentemente de carne.

Tabela 1. Estatística descritiva das características Peso à desmama (PD), Ganho de Peso Pós-Desmama (GP) e Peso ao Ano (P12) de Bovinos Montana Composto Tropical[®].

Característica	Número de Animais	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
PD (kg)	395612	194,64	39,08	60,00	349,00
GP (kg)	153400	77,15	49,93	-99,70	347,20
P12 (kg)	157202	272,92	59,29	92,00	550,00

As idades da mãe ao parto foram estimadas em meses considerando a diferença entre a data de nascimento do bezerro e da vaca. O banco de dados continha 398.520 animais com idade da mãe conhecida, a média de idade da vaca ao parto foi de 67,73 meses, com desvio padrão de 37,15 meses, idade mínima de 20 meses e máxima de 254 meses.

O modelo considerou o grupo de contemporâneos (definido como lote de manejo, dentro de fazenda, ano e estação do ano), composições raciais diretas e maternas para os tipos biológicos de raças zebuínas (N), taurinos adaptados (A), taurinos britânicos (B) e continentais (C), heterozigoses diretas e maternas totais, recombinações diretas e maternas totais, idade do animal à mensuração do fenótipo, idade da mãe e idade quadrática da mãe. As análises foram realizadas aplicando um modelo linear, com utilização do PROC HPMIXED (High performance mixed models) do software SAS 9.4.

Resultados e Discussão

Os efeitos de idade da mãe e idade quadrática da mãe apresentaram p-valor menores que 0,0001 para todas as características. Os resultados das estatísticas descritivas são semelhantes aos encontrados em literatura (MOURÃO, 2007).

Pôde-se notar que as vacas adultas com idades entre 60 e 150 meses são as que normalmente geram animais mais pesados à desmama e ao ano (PD e P12). No entanto, em relação ao ganho de peso pós-desmama, novilhas com idade inferior a 40 meses tendem a gerar animais com maior capacidade de ganho de peso, vacas adultas (com idades variando de 41 a 196 meses) tendem a produzir animais com pior capacidade de ganho de peso pós-desmama e vacas com idade superior aos 200 meses apresentam bezerros com maior ganho de peso, no entanto, como desmamam bezerros com baixo peso, suas progêneses apresentam peso final menor do que de vacas adultas e novilhas.

Os gráficos de efeito da idade da mãe ao parto pela idade da vaca em meses para cada característica estão apresentados na figura 1.



Figura 1. Efeito da idade da vaca sobre características de crescimento de Bovinos Montana Composto Tropical®.

Conclusão

Pôde-se perceber que vacas com idade muito avançada, mesmo desmamando um bezerro por ano tendem a produzir animais com menor desempenho à desmama e ao ano, apesar de apresentarem maior ganho de peso pós-desmama. Novilhas tendem a produzir animais com menor PD, no entanto, como apresentam progêneses com maior GP, a diferença no P12 diminui consideravelmente. Dessa forma, pode-se afirmar que as vacas adultas são mais rentáveis para o produtor. No entanto, vacas com idade superior a 180 meses são menos produtivas. Deve-se destacar que, a realização de seleção de novilhas com maiores valores genéticos para características de crescimento, aumentará os ganhos genéticos no rebanho e a rentabilidade do produtor, pois vacas muito velhas, além de aumentar os intervalos de gerações, produzem animais com menores PD e P12.

Agradecimentos

À Fundação de Amparo à pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, processo 2021/03714-0) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, processo 88887.571363/2020-0) pelo financiamento deste estudo.

Literatura citada

Mourão, G. B.; Ferraz, J. B. S.; ELER, J. P. et al. 2007. Genetic parameters for growth traits of a Brazilian *Bos taurus* x *Bos indicus* beef composite. **Genetics and Molecular Research**, 6, 1190-1200.

Oliveira F. F.; Ferraz, J. B. S.; ELER, J. P. et al. 2000. Efeito da idade da vaca sobre desempenho à desmama de bezerros Nelore. Anais ... In: SIMPÓSIO PECUÁRIA 2000 – PERSPECTIVAS PARA O III MILÊNIO, 2000, Pirassununga.

Teixeira, R. A. & Albuquerque, L. G. 2003. Efeitos ambientais que afetam o ganho de peso pré-desmama em animais Angus, Hereford, Nelore e mestiços Angus-Nelore e Hereford-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 32, 887-890.

Van Vleck, L. D.; Gregory, K. E. & Bennett, G. L. 1996. Direct and maternal genetic covariances by age of dam for weaning weight. **J. Anim. Sci.**, 74, 1801-1805.



Caracterização de novos lncRNA associados ao marmoreio da carne em bovinos Nelore

Bruna Maria Salatta^{1*}, Maria Malane Magalhães Muniz^{1,2}, Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹, Gabriela Bonfá Frezarim¹, Danielly Beraldo dos Santos Silva^{1,3}, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,4}

1Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV- UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil

2Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Ontario, Canada.

3Universidade José do Rosário Vellano (UNIFENAS), Alfenas, MS, Brasil.

4Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: bruna_salatta@hotmail.com

Resumo: O objetivo deste estudo foi identificar novos lncRNA diferencialmente expressos (DE) entre animais divergentes para a características de marmoreio em bovinos Nelore. Amostras do músculo *Longissimus thoracis* de 20 animais com fenótipos divergentes para marmoreio (de um conjunto de 80 novilhos) foram selecionadas para realizar a análise transcriptômica usando o sequenciamento de RNA (RNA-Seq). Os resultados obtidos mostraram que os lncRNAs foram enriquecidos em vias associadas à sinalização de integrina, que está envolvida nos sinais intracelulares em resposta à matriz extracelular, além de vias como biossíntese de 2-araquidonoilglicerol, orientação de axônio mediada por semaforinas, sinalização de interleucina, resposta ao estresse oxidativo. Essas descobertas trazem novas perspectivas para auxiliar no entendimento dos mecanismos biológicos envolvidos na regulação gênica para a característica de marmoreio, o que será valioso para estudos futuros.

Palavras-chave: lincRNAs, lncRNAs, marmoreio, Nelore.

Characterization of novel lncRNA associated with meat marbling in Nelore cattle

Abstract: The aim of this study was to identify novel lncRNA differentially expressed (DE) between divergent animals for marbling trait in Nelore cattle. *Longissimus thoracis* muscle samples from the 20 most extreme bulls (out of 80 bulls set) for marbling trait were used to perform transcriptomic analysis using RNA-Sequencing. Results showed that lncRNAs were enriched pathways associated with integrin signaling, in addition to pathways as 2-arachidonoylglycerol biosynthesis, axon guidance mediated by semaphorins, interleukin signaling, oxidative stress response. These findings bring new sights to better understanding the biology mechanisms involved in the gene regulation of marbling trait, which will be valuable for further studies.

Keywords: lincRNAs, lncRNAs, marbling, Nelore

Introdução

Produtos cárneos que contém propriedades organolépticas específicas e que atendem às exigências dos consumidores são cada vez mais valorizadas no mercado. Alguns nichos de mercado têm preferência por carcaças que apresentem alto índice de marmorização, uma vez que essa característica está associada à suculência e sabor. No entanto, como todas as outras características que definem a qualidade da carne, essas são características complexas, controladas por muitos genes e influenciadas por fatores ambientais. Além disso, essas características são caras e de difícil mensuração, pois requerem o abate dos animais, dificultando ainda mais a aplicação da seleção tradicional. Uma abordagem que pode colaborar para aumentar o conhecimento sobre a regulação genética dessas características é a transcriptômica. Os RNAs longos não-codificantes (lncRNAs) têm um papel significativo numa ampla variedade de importantes processos biológicos, tal como regulação da expressão e controle de tradução do gene (Wucher et al., 2017). No entanto, poucos estudos sobre os padrões gerais de expressão de lncRNAs no músculo *Longissimus thoracis* foram realizados (Sun et al., 2016, Zhang et al., 2020), sendo ainda mais escassos para características de qualidade da carne e principalmente na raça Nelore. Assim, ainda há muito a ser descoberto sobre as funções do lncRNAs envolvidos nas vias de regulação celular que atuam para a expressão de características de qualidade da carne. Sendo assim, o objetivo deste estudo foi identificar

novos lncRNAs gênicos e integênicos, diferencialmente expressos no músculo *Longissimus thoracis* de bovinos Nelore divergente para a características de marmoreio.

Material e Métodos

Foram abatidos 80 animais provenientes da fazenda Capivara, localizada no estado de São Paulo, Brasil. Os bovinos da raça Nelore eram pertencentes ao programa de melhoramento *Nelore Qualitas* e foram abatidos em frigorífico comercial. Foram coletadas amostras do músculo *Longissimus thoracis* em dois momentos: uma amostra no momento do abate, para extração de RNA, e outra amostra 24 horas após o abate para avaliação dos escores de marmoreio de acordo com o método *Quality and Yield Grade* (2000) do USDA. Após as análises de qualidade de carne, foram selecionados 20 animais divergentes para escore de marmoreio (alto (n=10) e baixo (n=10)). Para a extração do RNA total utilizou-se o RNeasy Lipid Tissue Mini Kit (Qiagen, Valencia, CA, USA) segundo as recomendações do fabricante. Para análise de RNAseq, as bibliotecas de cDNA foram sequenciadas pelo HiSeq 2500 por meio do protocolo paired-end (2x100). A ferramenta "Large Gap Read Mapping", implementada no software CLC Genomics Workbench 20.0.4 (CLC Bio, Aarhus, Dinamarca), foi usada para mapear as leituras com base no genoma de referência ARS.UCD1.2 e a identificação dos transcritos foi realizada por meio do plugin Transcript Discovery do CLC Genomic workbench (CLC Bio, Aarhus, Dinamarca; Versão 20.4). A identificação de potenciais RNAs longos não codificantes foi realizada por meio do software Feelnc. Além disso, foi calculado o "coding potential score (CPS)" dos transcritos, classificando-os como lncRNAs putativos e RNAs codificadores de proteínas. As análises de expressão diferencial foram realizadas usando o software CLC Genomics Workbench 20.0.4. A ferramenta FEELnc (software FEELnc) foi usada para classificar os lncRNAs em gênicos e intergênicos, de acordo com suas localizações e direcionamento no genoma de referência em relação aos mRNAs associados aos mesmos.

Resultados e Discussão

Os lncRNAs foram caracterizados de acordo com sua localização gênica e identificados de acordo com as categorias: gênicos (o transcrito do lncRNA se sobrepõe a um locus do gene codificador de proteínas) e intergênicos (o transcrito do lncRNA está localizado na região intergênica). Os lncRNAs gênicos também foram classificados em lncRNAs exônicos (se sobrepõem a região de exons do mRNA de interação) e lncRNAs intrônicos (se sobrepõem a região de introns do mRNA de interação). Foram observados quatro lncRNAs exônicos (lncRNA_2890.1, lncRNA_2887.7, lncRNA_646.1, e lncRNA_3191.1), sobrepondo parte dos genes *CCDC13*, *MAU2* e *ITGAL*; e quatro lncRNAs intrônicos (lncRNA_512.1, lncRNA_3721.1, lncRNA_41.5, e lncRNA_41.4) sobrepondo os genes *KRAS* e *MASPI*. Estes genes (*KRAS* e *ITGAL*) foram enriquecidos nas vias associadas com a sinalização de integrina, que está envolvida nos sinais intracelulares em resposta à matriz extracelular, incluindo forma celular, mobilidade e medeia a progressão através do ciclo celular. (Figura 1).

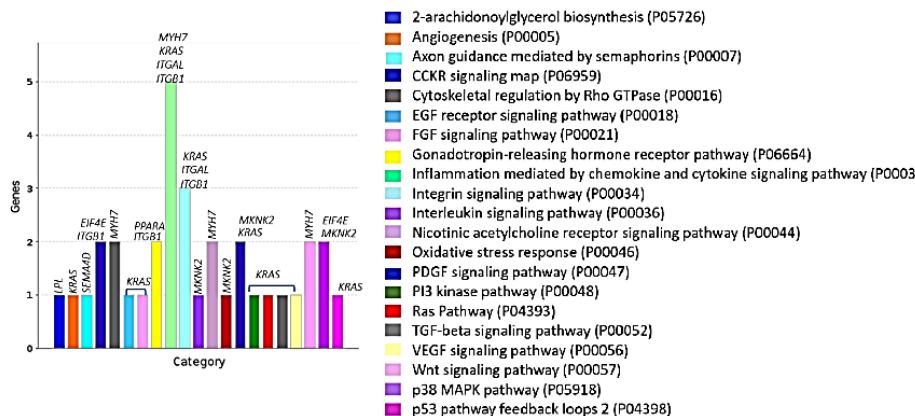
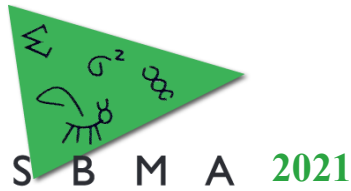


Figura 1. Vias biológicas associadas à genes sobrepostos por lncRNA associados a característica de marmoreio.



O gene KRAS codifica uma proteína que é membro da superfamília GTPases. Este gene foi associado ao lncRNA intrônico (lncRNA_512.10), regulado positivamente em animais com alto marmoreio em relação aos animais com baixo marmoreio. Essa associação pode desempenhar um papel importante na deposição de gordura intramuscular, uma vez que este lncRNA diferencialmente expresso (DE) parece atuar em várias vias e pode ser um gene chave, desencadeando múltiplos processos biológicos complexos.

Foram encontrados 26 RNAs não-codificadores longos intergênicos (lincRNAs) DE em animais com alto marmoreio em relação ao grupo de baixo marmoreio, sendo que, 15 lincRNAs foram regulados positivamente (induzidos) e 11 foram regulados negativamente (reprimidos). Os lincRNAs reprimidos foram associados com vários mRNAs relacionados à ligação ao cálcio, estrutura muscular, hipertrofia do músculo esquelético, lipase, e a migração de células endoteliais, vias que parecem desenvolver papel importante nos processos fisiológicos relacionados à qualidade da carne. Os lincRNAs induzidos (lncRNA_828.6, lncRNA_845.1, lncRNA_589.1, lncRNA_1932.1, lncRNA_970.1, lncRNA_556.1 e lncRNA_724.2) estavam intimamente associados aos genes *LPL*, *SEMA4D*, *IF4E*, *ITGB1*, *MYH7*, *PPARA* e *MKNK2*, respectivamente, enriquecidos em vias importantes, como biossíntese de 2-araquidonoilglicerol, orientação de axônio mediada por semaforinas, regulação do citoesqueleto por Rho GTPase, sinalização de interleucina, resposta ao estresse oxidativo, sinalização de PDGF e Wnt, vias do mapa de sinalização CCKR e p38 MAPK (Figura 1). A maior parte dessas vias apresentam rotas metabólicas compartilhadas que desencadeiam vários processos biológicos e funções moleculares envolvidas no metabolismo lipídico, restauração de junções neuromusculares durante reparo muscular, regeneração do músculo esquelético, retardo da maturação esquelética, hipertrofia do músculo esquelético, aumento do metabolismo da glicose, redução da inflamação no músculo esquelético e síntese de colágeno.

Conclusão

Esses resultados fornecem novas informações para auxiliar no entendimento dos mecanismos moleculares envolvidos na regulação gênica da característica de marmoreio da carne bovina, e contribuiu para a descoberta de novos lncRNAs que foram associados a genes candidatos atuantes na expressão de fenótipos de marmorização em bovinos Nelore, sendo um importante passo para desventar a arquitetura genética dessa característica.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) processos nº 2016/239376; 2017/10630-2 e 2018/20026-8.

Literatura citada

Sun, X., Li, M., Sun, Y., Cai, H., Lan, X., Huang, Y., ... & Chen, H. 2016. The developmental transcriptome sequencing of bovine skeletal muscle reveals a long noncoding RNA, lncMD, promotes muscle differentiation by sponging miR-125b. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular Cell Research**. 1863(11), 2835-2845.

Wucher, V., Legeai, F., Hedan, B., Rizk, G., Lagoutte, L., Leeb, T., Jagannathan, V., Cadieu, E., David, A., Lohi, H., Cirera, H., Fredholm, M., Botherel, N., Leegwater, P, A, G., Béguet C, L., Fieten, H., Johnson, J., Alföldi, J., André, A., Lindblad-Toh, K., Hitte, D., Derrien, T. 2017. FEELnc: a tool for long non-coding RNA annotation and its application to the dog transcriptome. **Nucleic acids research**. 45(8), e57-e57.

Zhang, X., Chen, M., Liu, X., Zhang, L., Ding, X., Guo, Y., Li, X., Bai, Y., Qi, X., Guo, H. 2020. A novel lncRNA, lnc403, involved in bovine skeletal muscle myogenesis by mediating KRAS/Myf6. **Gene**. 751, 144706.



Indicativo de nova característica para selecionar matrizes nelore produtivas e longevas

Millena Fraga Santana¹, Milena Aparecida Ferreira Campos^{2*}, Adriana Luize Bocchi³

¹Aluna de Graduação em Zootecnia, Unidade Acadêmica de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Jataí UFJ, Jataí, GO, Brasil.

²Aluna de Pós Graduação em Biociência Animal; Unidade Acadêmica de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Jataí UFJ, Jataí, GO, Brasil.

³Professora adjunta; Unidade Acadêmica de Ciências Agrárias; Universidade Federal de Jataí UFJ; Jataí, GO; Brasil.

*Autor correspondente: milenacamposzootecnista@gmail.com

Resumo: Atualmente as características utilizadas para indicar produtividade e longevidade das fêmeas no rebanho são: a habilidade de permanência no rebanho (stayability) e produtividade acumulada (PAC), porém existem dúvidas se são as mais adequadas para a seleção de matrizes longevas. O objetivo deste estudo foi definir uma nova característica que engloba a produtividade e longevidade das matrizes nelore. Foram utilizadas informações de DEP para Stayability (STAY) e Produtividade Acumulada (PAC) como dados fenotípicos de 350 animais da raça Nelore de uma fazenda do Centro-Oeste participante do programa de melhoramento da ANCP. Foram estimados os valores de três novas características PSTAY utilizando as seguintes variáveis: PD (peso à desmama médio da progênie em kg); QBZ (quantidade de bezerros filhos da matriz); IUP (idade da vaca no último parto em dia); IPP (idade ao primeiro parto); IEP (intervalo entre partos). As correlações entre as três novas características e IUP, PD e QBZ foram altamente significativas (PSTAY3 com QBZ, IUP e PD de 87,40%; 55,77%; 24,56%) e altas em relação às correlações entre DSTAY e PAC, alterando também de forma significativa o rank dos animais. Desta forma, conclui-se que há uma indicação da necessidade de reformulação das características de STAY e PAC com maiores estudos por meio de estimação de valores genéticos para essas novas características e parâmetros genéticos.

Palavras-chave: bovinocultura, critérios de seleção, longevidade.

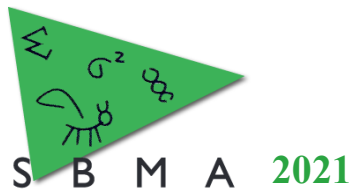
Indicative of new characteristic to select productive and long-lived Nelore matrices

Abstract: Currently, the characteristics used to indicate the productivity and longevity of the cows in the herd are: the ability to remain in the herd (stayability) and accumulated productivity (PAC), but there are doubts as to whether they are the better for the selection of long-lived matrices. The aim of the study was to define a new characteristic that encompasses the productivity and longevity of Nelore cows. DEP information was used for the Stability (STAY) and Accumulated Productivity (PAC) characteristics of 350 animals from a farm located in the Brazilian Midwest participating in the ANCP breeding program. The values of three new PSTAY traits were estimated following the following characteristics: PD (average weaning weight of the progeny in kg); QBZ (number of matrix children); IUP (age of the cow at the last calving in day); IPP (age at first birth); IEP (delivery interval). The correlations between the three new characteristics and IUP, PD and QBZ were highly relevant (PSTAY3 with QBZ, IUP and PD of 87.40%; 55.77%; 24.56%) and high in relation to the correlations between DSTAY and PAC, also altering the rank of the animals. Thus, it is concluded that there is an indication of the need for reformulation of STAY and PAC traits with further studies through the estimation of breeding values for these new traits and genetic parameters.

Keywords: cattle, selection criteria, longevity.

Introdução

Atualmente as características utilizadas para indicar produtividade e longevidade das fêmeas no rebanho são: a habilidade de permanência no rebanho (stayability) e produtividade acumulada (PAC). A



stayability é uma característica que visa a longevidade, no entanto ela possui um teto máximo de seis anos, período no qual acredita-se que a vaca consiga se pagar, mas não possuem estudos suficientes provando que em todas propriedades seja dessa forma. Considerando que a vaca consiga se pagar em seis anos a stayability não privilegia animais que realmente sejam mais longevos, pois produzindo três bezerros em 76 meses ela já é considerada longeva, outro aspecto que merece atenção é o fato de que com a precocidade sexual, fêmeas estão engravidando aos 14 meses, fato que pode estar contribuindo para que se paguem antes dos 76 meses.

A PAC considera que o primeiro parto ocorre aproximadamente em trinta meses de idade. E atualmente existem animais parindo antes dos trinta meses, talvez estas idades não estejam sendo consideradas no cálculo, prejudicando o desempenho dos animais avaliados. Além disso, em idades mais jovens a subtração da constante de 550 dias, faz com que a razão seja alta entre o numerador e denominador quando comparada às idades mais avançadas. Portanto, quando matrizes com produtividade similares são comparadas com as matrizes mais jovens, estas são privilegiadas em relação às mais longevas, não levando em comparação a produtividade acumulada destas matrizes. Embora estas características sejam utilizadas para expressar a qualidade reprodutiva dos rebanhos, podem não ser as mais adequadas para a seleção de matrizes longevas. A longevidade é uma característica altamente relacionada com a lucratividade do negócio, permitindo reposição somente com novilhas de alto potencial genético. Além disso, o aumento na longevidade permite maior resposta à seleção para as outras características produtivas, pois é possível aplicar maior intensidade de seleção.

O objetivo deste estudo foi definir uma nova característica que engloba a produtividade e longevidade das matrizes nelore. Obter parâmetros genéticos e comparar a classificação dos animais entre a nova característica, PAC e STAY. Definir qual a melhor característica para avaliar a longevidade e a produtividade de matrizes nos rebanhos.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de uma fazenda participante do Programa Nelore Brasil da Associação de Produtores e Pesquisadores (ANCP) e os animais são da raça Nelore. Foram utilizados pesos padronizados aos 210 dias (P210) e descartados animais com pesos mais ou menos 3,5 desvios-padrão da média e grupos contemporâneos contendo menos de quatro animais. Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos como fazenda, sexo, ano, estação de nascimento e grupo de manejo. Foram obtidos os desvios dos P210 de cada animal em relação ao seu grupo e somados com uma constante de 200 obtendo um peso aos 210 dias ajustado para os efeitos de GC (P210A). Após a padronização dos dados foram calculadas três opções de cálculo da nova característica PSTAY (produtividade por unidade por tempo de vida da matriz) utilizando as seguintes variáveis: PD (peso à desmama médio da progênie em kg); QBZ (quantidade de bezerros filhos da matriz); IUP (idade da vaca no último parto em dia); IPP (idade ao primeiro parto); IEP (intervalo entre partos). A partir destas variáveis foram desenvolvidas as seguintes fórmulas:

$$PSTAY1 = (PD \times QBZ) / IUP;$$

$$PSTAY2 = (PD \times QBZ) / (IUP + IPP);$$

$$PSTAY3 = (PD \times QBZ) / (IUP + IPP + IEP);$$

Foram calculadas as correlações fenotípicas entre as novas variáveis e as características de peso a desmama médio da progênie, quantidade de bezerros filhos da matriz, idade da vaca no último parto e entre as DEPs de PAC e STAY e as mesmas características.

Resultados e Discussão

A característica proposta PSTAY3 foi a que apresentou maior correlação com QBZ e IUP, sendo respectivamente de 88,26% e 56,83%. Já a correlação com PD foi maior com PSTAY2 (26,27%), sendo todas altamente significativas. Quando se analisa as correlações para DSTAY e PAC observamos valores bem inferiores. As correlações de DSTAY com PD, QBZ e IUP foram de -3,12%, -7,4% e -22,36%, sendo que somente a última foi significativa. Já as correlações com DPAC foram de 21,44%, -3,5% e -13,69% para PD, QBZ e IUP, com valores não significativos para QBZ. Para a PAC a correlação com PD foi menor (14,37%), para QBZ o valor foi bem superior (31,53%) e IUP semelhante (-12,48%).

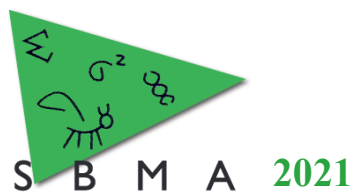


Tabela 1. Correlações entre as variáveis avaliadas

Característica	DSTAY	DPAC	PD	QBZ	IUP	PAC
PSTAY1	0,21617	0,2035	0,23513	0,66965	0,26156	0,89471
PSTAY2	0,11808	0,13793	0,26268	0,84808	0,51158	0,72083
PSTAY3	0,08924	0,11857	0,25914	0,88259	0,56829	0,6718
DSTAY		0,68685	0,03126	-0,07425	-0,22357	0,32977
DPAC			0,21439	-0,03515	-0,1369	0,30508
PD				0,14015	0,21076	0,14367
QBZ					0,85315	0,31539
IUP						-0,12478

$PSTAY1=(PD \times QBZ)/IUP$; $PSTAY2=(PD \times QBZ)/(IUP+IPP)$; $PSTAY3= (PD \times QBZ)/ (IUP+IPP+IEP)$;
DSTAY=DEP para Stayability; DPAC=Dep de Produtividade Acumulada; PD=Peso a desmama médio da progênie; QBZ=quantidade de bezerros filhos da matriz; IUP=Idade da vaca no último parto; PAC= $(PD \times QBZ \times 365)/(IUP-550)$

De acordo com a correlação encontrada entre PAC e PD (14,37%) podemos perceber que a característica possui uma correlação fraca com peso a desmama médio da progênie. Indo ao contrário a vários estudos que afirmam que a PAC conduziria à obtenção de fêmeas mais produtivas, desmamando bezerros mais pesados SCWENGBER et al. (2001); AZEVÊDO et al. (2005);

A correlação entre DSTAY e DPAC foi de 68,68% altamente significativa, mostrando que a relação entre as duas características é alta, mas que ambas não representam bem o número de bezerros produzidos e a longevidade da matriz. PAC apresenta boa relação com PD, com valores semelhantes de correlação para PSTAY1, PSTAY2 e PSTAY3. A característica proposta que apresentam um conjunto de correlação mais harmônico com PD, QBZ e IUP é a PSTAY3. Portanto, o cálculo desta característica poderá identificar os animais superiores em longevidade e produção acumulada por matriz, desta forma possibilitando a seleção mais adequada dos animais

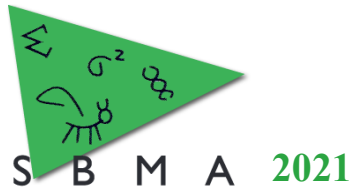
Conclusão

Há uma indicação que o cálculo das características de STAY e PAC devem ser reformuladas para melhor representar a longevidade e produtividade das matrizes, por meio de cálculo dos valores genéticos para as características propostas e parâmetros genéticos.

Literatura citada

Azevêdo, D.M.M.R.; Martins Filho, R.; Lôbo, R.N.B. et al. Produtividade acumulada (PAC) das matrizes em rebanhos Nelore do Norte e Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.1, p.54-59, 2005.

Scwengber, E.B; Bezerra, L.A.F; Lôbo, R.B. **Produtividade acumulada como critério de seleção em fêmeas da raça nelore**. 2001, v. 31, n. 3, pp. 483-486. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0103-84782001000300020>>. Acesso em 05 agosto.2021.



**Efeito da Recombinação na Estimação de Valores Genéticos Aditivos de Animais de Raça
Composto Montana® para Ganho de Peso a Desmama**

Filipe Ribeiro Rodrigues^{1*}, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado¹, Luis Telo da Gama², Joanir Pereira Eler¹, Elisângela C.M. Oliveira¹, Gabriela Giacomini³, João Luis Oliveira³, Rafael Nuñez Dominguez⁴, Gabriel Costa Medeiros¹, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Felipe Eguti de Carvalho¹, José Bento Sterman Ferraz¹

¹Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, USP, Pirassununga, SP, Brasil.

²Faculdade de Veterinária da Universidade de Lisboa, Portugal

³Associação Internacional de Criadores de Montana

⁴Universidad Autónoma de Chapingo, México

*Autor correspondente: *filiperodrigue@gmail.com*

Resumo: A utilização de cruzamentos de raças diferentes se apresenta frequentemente como uma alternativa para o incremento produtivo devido à heterose ou vigor híbrido. No entanto, na reprodução de animais resultantes desse primeiro cruzamento, ocorre o fenômeno da recombinação, que, muitas vezes, resulta na diminuição desse aumento de produção. Neste estudo, foram avaliadas informações ganho de peso a desmama de 116.978 animais, estimando, através da família BLUPF90, os componentes de variância e o valor genético desses animais. Os parâmetros genéticos resultantes foram semelhantes quando estimados com e sem o efeito de recombinação, porém ao se avaliar o ranking dos valores genéticos foram encontradas diferenças.

Palavras-chave: *Heterose, recombinação, seleção, cruzamento*

**Recombination effects on additive genetic values of composite beef cattle of the Montana
Tropical® program for weight gain at weaning**

Abstract: The use of crosses animals from different breeds normally produces better performance due to heterosis, however breeding the offspring of this first generation can result in decreased performance increment due to recombination of genes. On the present study, the post weaning weight gain of 116978 animals was evaluated using through BLUPF90 family the variance components and genetic values of this offspring. The genetic parameters estimated were similar when estimated with or without recombination effect, although differences were observed when evaluating the genetic value rankings.

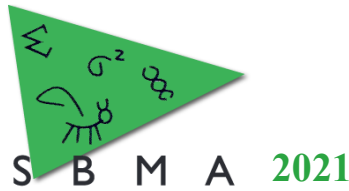
Keywords: *Heterosis, recombination, selection, crossbreeding*

Introdução

A constante busca por animais com melhores índices produtivos implica em um esforço intermitente de se entender os mínimos detalhes de toda a cadeia produtiva. Dentro do melhoramento genético, a utilização de animais cruzados ou compostos vem ganhando um grande espaço no mercado nas duas últimas décadas, devido ao incremento de produção proporcionado pela heterose e complementariedade, sem a necessidade de utilização de touros de raças europeias cobrindo a pasto em regiões tropicais (Ferraz et al., 1999). O composto Montana Tropical® é um exemplo de composto originado do cruzamento de animais zebuínos (*Bos indicus*) e taurinos Adaptados, Britânicos e Continentais (*Bos taurus*), os 4 tipos biológicos, N, A, B e C, com o objetivo de obterem-se animais adaptados ao ambiente tropical e subtropicais (Ferraz et al., 1993).

Apesar do avanço em relação aos cruzamentos, é necessário a existência de modelos de avaliação genética que considerem os efeitos epistáticos nas características produtivas de animais multirraciais ou compostos, que resultam na perda de heterose decorrente da redução da heterozigose, descrita por Dickerson (1973) como “perdas por recombinação” (Bueno et al., 2011). Portanto, o objetivo do presente trabalho é avaliar alterações na estimação de parâmetros e no valor genético dos animais através da inclusão do efeito de recombinação na equação de predição.

Material e Métodos



Os dados fenotípicos e de pedigree utilizados neste estudo são provenientes do programa de melhoramento genético do Composto Montana. Na formação dos grupos contemporâneos foram considerados o sexo, fazenda de nascimento, safra e grupo de manejo. A quantidade de informações utilizadas para os testes dos modelos foram 116.978 observações do fenótipo, 245.399 animais no pedigree e 2.580 grupos contemporâneos, 2.103 grupos de manejo, média fenotípica de 77,94 kg e desvio padrão de 48,6kg. Os valores da recombinação, para cada observação foi obtido como proposto por Dickerson (1973):

$$Het \quad (1)$$

$$(2)$$

Os componentes de variância e os valores genéticos foram estimados utilizando os programas da família BLUPF90: RENUMF90 version 1.146 with zlib, AIREMLF90 1.145 e BLUPF90 1.68, de acordo com o modelo proposto por Santana (2013):

$$(3)$$

onde y é o vetor de fenótipos, b é o vector de efeito fixos (grupos contemporâneos e covariâncias), a é o vector de valores genéticos diretos, m é o vector de efeito genético materno, p é o vector de efeito ambiente permanente materno, c é o vector de efeito aleatório de grupo de manejo, e X, Z, H, T e W são as matrizes de incidência destes efeitos. Nos efeitos fixos deste modelo são incluídas como covariáveis os efeitos lineares da heterose individual e materna, e do efeito de recombinação individual e materna. Para comparar o impacto de incluir os efeitos de recombinação, os parâmetros genéticos foram estimados com um modelo que incluiu ou não estes efeitos fixos no modelo.

Resultados e Discussão

A estimação dos componentes de variância foi realizada através da metodologia AIREML, os quais estão descritos na tabela 1 e apresentaram valores muito próximos, o que implica em pouco impacto da recombinação nos componentes estimados.

Tabelas 1 – Componentes de variância estimados para ganho de peso a desmama de bovinos compostos Montana Tropical®

Recombinação	σ^2G	σ^2gman	σ^2e	h^2	AIC
Sem	56,28	105,44	531,46	0,096	1.071.109
Com	56,31	105,35	531,40	0,096	1.081.591

Sem resultados do modelo sem recombinação, Com resultados do modelo com recombinação, σ^2A é a variância do efeito genético aditivo, σ^2gman é a variância do efeito aleatório do grupo de manejo, σ^2e é a variância residual, h^2 é a herdabilidade da característica e AIC é o critério de informações de Akaike.

Na tabela 2, estão as estatísticas descritivas dos valores genéticos estimados para ganho de peso a desmama sem e com efeito de recombinação. Mesmo com resultados distintos não existe uma diferença significativa entre os valores genéticos dos modelos com e sem a inclusão da recombinação.

Tabela 2 – Valores Genéticos (VG) estimados para ganho de peso a desmama de bovinos compostos Montana Tropical®

Recombinação	n	Min	Max	μVG	σ^2VG
Sem	245.399	-17.4509	28.8850	0.7208	8.147788
Com	245.399	-17.927	28.2398	0.6484	8.109629

Sem resultados do modelo sem recombinação, Com resultados do modelo com recombinação, ^a e ^b não apresentaram diferença significativa com teste F, 95% de confiança. μVG é a média do valor genético, σ^2VG é a variância do valor genético

Na figura 1, estão distribuídas as estimações dos valores genéticos com e sem o efeito de recombinação, nas quais os melhores animais estão no canto inferior esquerdo e os piores no canto superior direito. Os animais localizados acima da linha azul apresentaram redução no seu valor genético

após a inclusão da recombinação, enquanto aqueles localizados abaixo da linha azul são os que apresentaram aumento no seu valor genético. A figura 1 A apresenta a correlação de todos os animais, sendo aqueles presentes nas extremidades mais correlatos, enquanto o terço médio teve correlação bem inferior, sendo o $R^2=1$. Já na figura 1 B está a correlação do TOP 10 animais, com um resultado de correlação $R^2=0,88$, o que indica uma melhoria, mesmo que pequena, do ranking dos animais favorecidos pela recombinação e uma redução significativa daqueles que perderam com a recombinação.

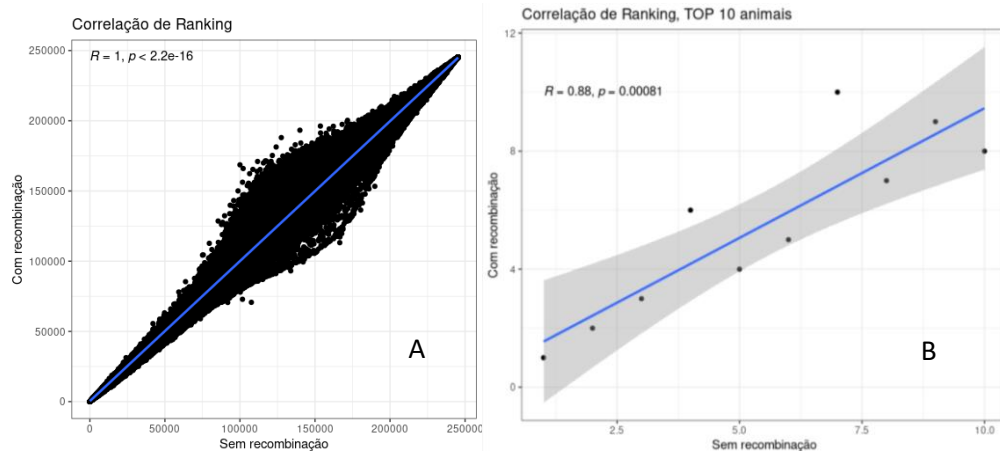


Figura 1 – Correlação de Ranking do valor genético dos animais para ganho de peso a desmama sendo A, o geral e B o TOP 10 dos animais.

Conclusão

No presente estudo ficou constatado que a diferença do modelo incluindo os efeitos de recombinação é pequena quando comparado ao modelo que não os considera. Porém, sugere-se a utilização do modelo com efeito de recombinação na predição do mérito genético de animais compostos, devido à mudança de ordenação de muitos animais.

Agradecimentos

Agradecemos à Associação Internacional de Criadores de Montana e à Capes (Brasil), bolsa Capes/Print, processo 88887.571363/2020-00 e Bolsa de Mestrado, Código de Financiamento 001

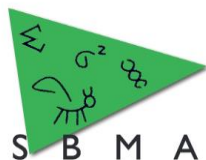
Literatura citada

BUENO, R. S.; TORRES, R. A.; FERRAZ, J. B. S.; LOPES, P. S.; ELER, J. P.; ALMEIDA E SILVA, M.; EUCLYDES, R. F.; MATTOS, E. C. Inclusão de epistasia em modelo de avaliação genética de bovinos de corte compostos. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., V.63, n.4, p.984-953, 2011.

DICKERSON, G. E. INBREEDING AND HETEROSIS IN ANIMALS. *Journal of Animal Science*, v. 1973, n. Symposium, p. 54–77, 1 jan. 1973.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. Rev. Bras. Reprod. Animal, v. 23, p. 115-117, 1999.

SANTANA, M. L.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Alternative contemporary group structure to maximize the use of field records: Application to growth traits of composite beef cattle. *Livestock Science*, v. 157, n. 1, p. 20–27, out. 2013.



Análise de dados com medidas ultrassonográficas repetidas em bovinos de corte

Leonardo de Oliveira Seno^{1*}, Éric Renan Zancanaro¹, Alexandre Rodrigo Mendes Fernandes¹, Maria Fernanda de Castro Burbarelli¹, Humberto Tonhati²

¹Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados, MS, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (FCAV/Unesp), Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: leonardoseno@ufgd.edu.br

Resumo: Objetivou-se analisar dados de medidas ultrassonográficas repetidas em bovinos de corte. Foram utilizados dados de machos da raça Nelore de um rebanho comercial. De cada indivíduo, foram mensurados, ao desmame (210 dias) e ao sobreano (550 e 660 dias), as medidas repetidas de peso e ultrassom (área de olho de lombo – AOL, marmoreio – MARM e espessura de gordura subcutânea – EGS). Foram ajustados modelos tendo como variáveis explicativas ano de nascimento, medidas e as classes para as variáveis respostas (peso, AOL, MARM e EGS), que foram dicotomizadas. O procedimento MIXED do software SAS foi utilizado para realizar o ajuste dos modelos. Com a inclusão da variável dicotomizada no modelo, observou-se interação das classes com as medidas, sendo verificado efeito significativo das classes (“alto” e “baixo”), indicando que ao longo do período avaliado não há alteração na classificação das médias dos grupos formados. Assim, a formação de classes dicotômicas e a manutenção da classificação dos grupos ao longo das mensurações indica que as medidas ultrassonográficas no desmame podem ser uma alternativa de seleção precoce dos animais.

Palavras-chave: crescimento dos tecidos, *longissimus dorsi*, modelo misto, zebu.

Data analysis with repeated ultrasound measurements in beef cattle

Abstract: This study aimed to analyze data from repeated ultrasound measurements in beef cattle. Data from Nelore males from a commercial herd were used. For each animal, at weaning (210 days) and yearling (550 and 660 days), repeated measures of weight and ultrasound (loin eye area - AOL, marbling - MARM and subcutaneous fat thickness - EGS) were measured. Models were adjusted with year of birth, measures and classes for the response variables (weight, AOL, MARM and EGS) as explanatory variables, which were dichotomized. The SAS software MIXED procedure was used to adjust the models. The inclusion of the dichotomized variable in the model demonstrated an interaction of classes with measures, with significant effect of classes ("high" and "low"), indicating that over the period evaluated there is no change in the classification of the averages of the groups. Thus, the formation of dichotomous classes and the maintenance of the classification of groups throughout the measurements indicate that ultrasound measurements at weaning can be an alternative for early selection of animals.

Keywords: tissue growth, *longissimus dorsi*, mixed model, zebu.

Introdução

Do ponto de vista do produtor, o animal que apresenta qualidade zootécnica, é o que produz maior quantidade com a máxima qualidade, no menor espaço tempo, com menor custo. Entende-se como qualidade, “aquilo” que recebe sistematicamente um preço mais elevado (Osório et al., 2014) e que atenda os mais diferentes graus de exigência do consumidor. A produção de carne está conformada por círculos biológicos nos quais avaliação do crescimento mostra-se essencial, devido a sua relação com a quantidade de produto que se coloca no mercado (Goyache, 2005).

A ultrassonografia tem por objetivo conhecer o potencial dos indivíduos e do rebanho como um todo sendo usada majoritariamente na avaliação da composição corporal quanto à deposição de músculo e gordura. De acordo com Sugisawa et al. (2013), a técnica possibilita o exame *in vivo*, em tempo curto, boa precisão a custos relativamente baixos. É importante ressaltar que a avaliação em tempo real permite também ajustar o ponto ideal de abate, considerando os protocolos de tipificação de carcaça e bonificações pela indústria.

Observamos a intensificação da produção, aumento na eficiência produtiva e crescente demanda por carne bovina de qualidade sendo a avaliação ultrassonográfica precoce uma ferramenta na seleção de animais eficientes com qualidade de carne. O presente estudo visa analisar dados de peso e medidas ultrassonográficas repetidas em bovinos de corte, bem como, a formação de classes dicotômicas das variáveis resposta para verificar a alteração da classificação dos animais.

Material e Métodos

No estudo foram utilizados os dados fenotípicos para as características de peso e medidas ultrassonográficas de carcaça provenientes da Fazenda Nelore Birigui, localizada no município de Bela Vista, Mato Grosso do Sul. Todos os animais foram mantidos, do nascimento ao sobreano, em pastagem da *Brachiaria brizantha* cv. MG-5, com sal mineral *ad libitum*. Após esta fase, aos 550 dias de idade, aproximadamente, os animais receberam silagem de milho e concentrado em confinamento. Um total de 300 machos inteiros (77 nascidos em 2017, 88 em 2018 e 135 em 2019) foram mensurados, ao desmame e ao sobreano (550 e 660 dias) para as medidas repetidas de peso e ultrassom. Os pesos obtidos foram ajustados nas diferentes idades (P205, P550 e P660), conforme recomendado pelo BIF (1996).

As imagens ultrassonográficas foram coletadas e analisadas por técnicos credenciados a Associação de Técnicos de Ultrassom do Brasil – ATUBRA, para mensurar área de olho de lombo (AOL), em cm², no músculo *longissimus dorsi* (contrafilé) entre a 12^a e 13^a costelas; escore de marmoreio ou gordura intramuscular (MARM), em escore e em porcentagem de lipídeos avaliado a partir da leitura da imagem com o transdutor disposto longitudinalmente entre a 11^a e 13^a costelas; e espessura de gordura subcutânea (EGS), mm, no músculo *longissimus dorsi* (contrafilé) entre a 12^a e 13^a costelas.

Inicialmente, o modelo linear generalizado empregado foi: $y_{ijk} = m + A_i + S_{ij} + M_k + (AM)_{ik} + e_{ijk}$, em que y_{ijk} são as variáveis respostas (peso, AOL, MARM e EGS); m é o efeito médio; A_i é o efeito i -ésimo ano de nascimento; S_{ij} é o efeito do j -ésimo animal dentro do i -ésimo ano; M_k é o efeito da k -ésima medida; $(AM)_{ik}$ é o efeito de interação de ano e medida e e_{ijk} , o erro aleatório suposto normalmente distribuído, com média zero, identicamente distribuído e com variância constante. Em seguida, foram criadas duas classes (“alto” e “baixo”), a partir da dicotomização, para cada variável resposta. A nova variável explicativa (Class_Peso, Class_AOL, Class_MARM e Class_EGS) foi incluída no modelo, bem como a sua interação com as demais variáveis. Em todas as análises utilizou-se o procedimento MIXED do SAS, com a opção de estruturas de covariâncias de composto simétrico (CS). Para a comparação das médias das duas classes foram considerados os testes F da análise. Para todas as análises foram considerados nível de significância de 5%.

Resultados e Discussão

Para as análises iniciais, aquela que não considerou efeito de classes dicotômicas, verificou-se efeito significativo para ano de nascimento, medida e sua interação para todas as variáveis respostas (Tabela 1).

Tabela 1. Médias dos pesos, área de olho de lombo, marmoreio e espessura de gordura subcutânea.

Características	Ano	Medida			Ano	Valor de P	
		210	550	660		Medida	Ano*Medida
Peso, kg	2017	212,01Ac	450,26Ab	557,59Ca	<0,0001	<0,0001	<0,0001
	2018	200,91Ac	458,65Ab	599,99Ba			
	2019	215,54Ac	458,95Ab	627,80Aa			
AOL, cm ²	2017	46,01Ac	76,19Ab	90,01Ba	<0,0001	<0,0001	<0,0001
	2018	48,67Ac	78,04Ab	89,26Ba			
	2019	46,11Ac	76,74Ab	106,18Aa			
MARM	2017	2,92Ba	2,41Bb	3,02Ba	<0,0001	<0,0001	<0,0001
	2018	3,24Aa	3,34Aa	3,33Aa			
	2019	2,97Ba	2,44Bb	2,90Ba			
EGS, mm	2017	2,76ABb	2,94Bb	4,48Ba	<0,0001	<0,0001	<0,0001
	2018	3,05Ac	3,66Ab	5,99Aa			
	2019	2,44Bc	3,06Bb	5,89Aa			

Peso = peso ajustado nas diferentes idades; AOL = área de olho de lombo; MARM = escore de marmoreio ou gordura intramuscular; EGS = espessura da gordura subcutânea; ⁽¹⁾Médias seguidas pela mesma letra maiúscula, na coluna, e minúscula, na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey, à 5% de probabilidade.

Para todas as variáveis estudadas observou-se interação significativa entre as medidas e ano de nascimento. Desdobrando-se os efeitos o peso dos animais, AOL e EGS encontram-se diferenças nas médias nos diferentes momentos de mensuração em todos os anos de avaliação, sendo maiores as médias de cada uma das variáveis de acordo com a idade a mensuração. Este resultado era esperado pois os animais se encontram em fase de crescimento e desenvolvimento dos tecidos. Comparando-se as médias de cada uma destas variáveis ao longo dos anos, pode-se observar resultados superiores para o ano de 2019, comportamento encontrado também esperado, visto que os animais foram selecionados com uso da ultrassonografia para acasalamento com objetivos de aumento de desempenho e produtividade. Estes resultados sinalizam a importância da inclusão do efeito de ano de nascimento nos modelos de avaliação genética para as características avaliadas.

Avaliando-se MARM nos anos 2017 e 2019 aos 550 dias observou-se menores médias em relação as demais idades a mensuração. No ano de 2018, não foi encontrada diferença nas médias de marmoreio nas diferentes idades à mensuração. Quando comparadas as médias anuais em cada uma das idades à mensuração, no ano de 2018 os animais obtiveram os maiores índices de marmoreio em todas as idades.

Após a inclusão da variável dicotomizada (Class_Peso, Class_AOL, Class_MARM e Class_EGS) no modelo, não foi verificado efeito significativo da interação tripla (ano, medida e classe) para as variáveis respostas. Observou-se interação das classes com as medidas (Figura 1), sendo verificado efeito significativo das classes (“alto” e “baixo”), pelo teste F, em todas as medidas. Indicando que ao longo do período avaliado não há alteração na classificação das médias dos grupos formados. Também se observou ao desdobramento o efeito quadrático positivo para todas as variáveis.

Para peso e AOL, o efeito quadrático reflete a fase de desenvolvimento em que os animais estão, ou seja, do período pré-púbere, do desmame, até a pós-púbere (660 dias), em que o animal apresenta ímpeto de crescimento acentuado. Por outro lado, MARM e EGS, apresentaram comportamento distinto, como esperado. Na fase estudada, a deposição de EGS pode ser dividida em duas: 1) até os 550 dias ou pré-confinamento, pelo efeito da testosterona, os machos destinam seu metabolismo para o desenvolvimento muscular e características sexuais secundárias, implicando em baixa deposição de gordura subcutânea; 2) no confinamento, há a retomada da deposição de gordura, uma vez que, os animais têm acesso a dietas de elevado conteúdo energético. Este comportamento, não é observado para a gordura intramuscular, sendo que estas se mantem razoavelmente constante nos animais definidos pelas classes “alto” e “baixo”.

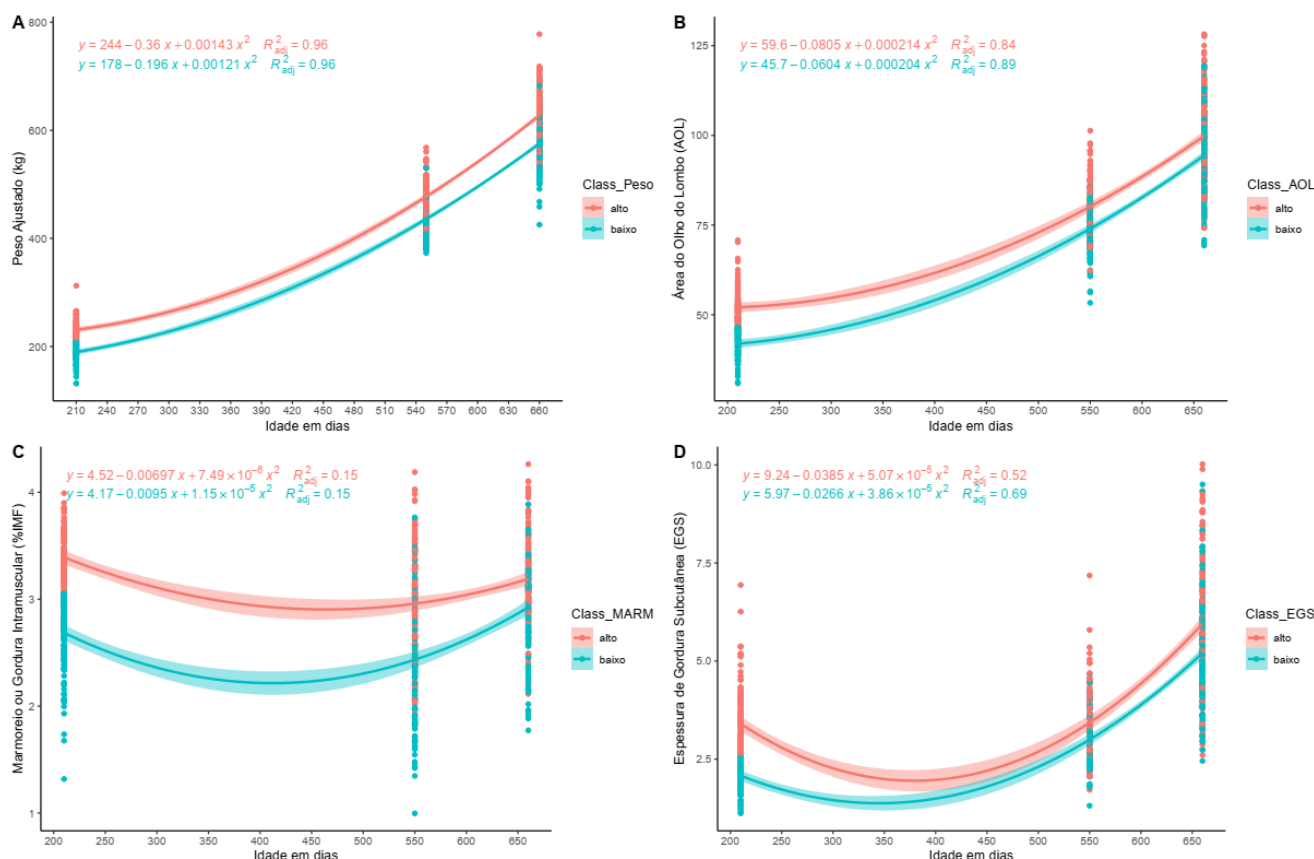


Figura 1. Gráfico dos pesos ajustados (A), área de olho de lombo (B), escore de marmoreio (C) e espessura da gordura subcutânea (D) obtidas por ultrassom, considerando as classes dicotômicas.

Conclusão

As análises de dados repetidos nos animais indicam efeito importante de ano de nascimento nas características avaliadas. A formação de classes dicotômicas e a manutenção da classificação dos grupos ao longo das mensurações indica que as medidas ultrassonográficas no desmame podem ser uma alternativa de seleção precoce dos animais.

Literatura citada

Bif (1996). Guidelines for uniform beef improvement programs. Raleigh: U. S. Dept. Agriculture, North 385 Carolina State University.
 Goyache F. 2005. **Crecimientos, consumos y medidas corporales**. In: Cañeque V., Sañudo C. (Eds.) Estandarización de las metodologías para evaluar la calidad del producto (animal vivo, canal, carne y grasa) en los rumiantes. Madri: INIA, 448 p.
 Osório J.C.S., Osório M.T.M., Fernandes A.R.M., Vargas Junior F.M., Seno L.O. 2014. **Técnicas de Avaliação In Vivo, na Carcaça e na Carne**. In: Selaive-Villarroel A.B. & Osório J.C.S. (Eds.). Produção de ovinos no Brasil, 1ed. (pp.527-550), São Paulo: Editora Roca.
 Suguisawa L., Matos B.C., Suguisawa J.M. 2013. **Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e de qualidade da carne**. In: Rosa A.N., Martins E.N., Menezes G.R.O., Silva L.O.C. (Eds.). Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa, 1ed. (Cap, 9, p, 97-107), Campo Grande, MS.



Influência das estimativas de componentes de variância sobre as predições genômicas para circunferência escrotal em bovinos Nelore

Daniel Cardona Cifuentes^{1*}, Juan Diego Rodriguez Neira¹, Raysildo Barbosa Lôbo², Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}, Fernando Sebastián Baldi Rey^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brazil

² Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto, SP, Brazil.

³ Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: daniel.cardona@unesp.br

Resumo: Predizer valores genéticos genômicos (GEBV) acurados requer componentes de variância (CVar) adequados. O objetivo foi avaliar a influência dos CVar sobre as predições genômicas da geração mais jovem, para circunferência escrotal (CE) em bovinos Nelore. Três bases de dados foram formadas: uma usando a totalidade de informação fenotípica, e dos para animais nascidos antes e após 2010 (ano de nascimento dos primeiros animais genotipados). Um BLUP foi desenvolvido para estimar CVar para as três bases de dados e posteriormente ssGBLUP foi usado para obter GEBV com esses CVar e usando o total de informações fenotípicas. Um segundo cenário uso os CVar e informações coletadas após 2010. Acurácia de predição e viés dos GEBV foram calculados. Usar a base de dados com informações anteriores ao 2010 levou a menores estimativas de herdabilidade e variância genética, mas também a uma maior acurácia de predição e menor viés ao comparar os três casos do primeiro cenário. O segundo cenário apresentou menor acurácia de predição ao mesmo tempo que os GEBV com menor viés. Quando a base total vai ser usada para prever GEBV, é necessário diminuir a variância genética para controlar viés. Se desejar usar informações atuais para estimar CVar, informações antigas devem ser desconsideradas para prever GEBV.

Palavras-chave: Gado de corte, modelo animal, variância genética, seleção genômica, ssGBLUP.

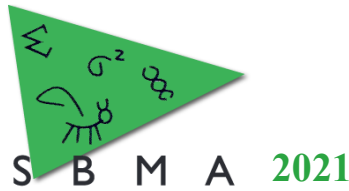
Variance components estimates from different datasets and their influence on genomic predictions for scrotal circumference in Nelore cattle

Abstract: Estimating accurate genomic breeding values (GEBV) requires adequate variance components (CVar). The main was to evaluate CVar influence on genomic prediction of young animals, for scrotal circumference in Nelore cattle. Three databases were formed: one using all the phenotypic information, and two for animals born before and after 2010 (year of birth of the first genotyped animals). A BLUP was developed to estimate CVar for the three databases and later ssGBLUP was used to obtain GEBV with these CVar and using all phenotypic information. A second scenario used CVar and information collected after 2010. Prediction accuracy and bias of GEBV were calculated. Using the database with information prior to 2010 led to lower estimates of heritability and genetic variance, but also to a higher prediction accuracy and lower bias when comparing the three cases of the first scenario. Second scenario had low accuracy of prediction at the same time as the the lowest biased GEBV. When the complete database will be used to predict GEBV, it is necessary to decrease additive genetic variance to control bias. If desired to use current information to estimate CVar, old information should be ignored to predict GEBV.

Keywords: Beef cattle, animal model, genetic variance, genomic selection, ssGBLUP.

Introdução

Estimar valores genéticos genômicos (GEBV) com boa acurácia de predição, requer componentes de variância (CVar) adequados, porém, a genotipagem seletiva é uma característica comum da seleção genômica (SG); fato importante, já que, na estimação de CVar frequentemente são misturadas informações antigas da população base sometida a seleção por pedigree (SPed), com informações da população atual sob SG (Wang et al., 2020). Por tanto, para evitar viés nos GEBV, o conjunto de dados usado na estimação



de CVar deve considerar possível pré-seleção por genotipagem seletiva e mudanças nos CVar (Cesarini et al., 2020; Wang et al., 2020). O objetivo foi avaliar a influência dos CVar sobre as predições genômicas da geração mais jovem, para circunferência escrotal (CE) em bovinos Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de CE ajustada para 365 dias, de animais do programa Nelore Brasil para melhoramento da raça Nelore, da Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto, SP, de fazendas nas regiões Sudeste, Centro-oeste e Norte do Brasil. Para estimação dos CVar, as informações fenotípicas foram classificadas em três bases de dados: usando todas as informações disponíveis (Total); animais nascidos antes de 2010 como população base sob SPed (≤ 2010); e animais nascidos após 2010 (>2010), ano de nascimento dos primeiros animais genotipados para SG (Tabela 1).

Tabela 1. Estatística descritiva para a circunferência escrotal em animais nascidos ^aantes de 2010 (≤ 2010), depois de 2010 (>2010) ou considerando o total de informações.

^a Base de dados	Média \pm ^b DP (cm)	Mínimo (cm)	Máximo (cm)	Número de Observações	^c PF	^d GC
≤ 2010	22,8 \pm 3,1	11	37	67682	4627	2632
>2010	24,97 \pm 3,4	14	39	80981	4931	3086
Total	24.00 \pm 3,4	11	39	148663	8671	5718

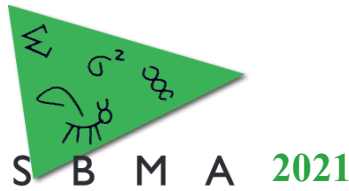
^bDP: desvio padrão; ^cPF: número de pais com filhos com observações; ^dGC: número de grupos contemporâneos.

Para estimar CVar foi utilizada a metodologia BLUP (sem incluir informação genômica), onde CE foi a variável resposta, se incluíram efeitos fixos de grupo contemporâneo e idade da vaca ao parto; e efeitos aleatórios genético aditivo e resíduo para cada animal. No primeiro cenário, mesmos efeitos foram incluídos em um ssGBLUP para prever GEBV usando respectivamente os CVar das três bases de dados e as informações fenotípicas da base Total. Posteriormente foi provado um segundo cenário em que foram consideradas informações fenotípicas da base >2010 e seus correspondentes CVar. Em todos os casos foram usados genótipos para 5923 animais, dos quais 1633 animais nascidos em 2019 (último ano de nascimento registrado) foram selecionados como animais de validação e seus fenótipos foram retirados na predição dos GEBVs. Acurácia de predição foi calculada como a correlação entre o fenótipo ajustado pelos efeitos fixos (y^*) e o GEBV, dividida pela raiz quadrada da herdabilidade (Acurácia = $\text{cor}(y^*, \text{GEBV}) / h$), onde y^* foi estimado através de BLUP como descrito acima. Além disso, o coeficiente de regressão (b_1) do y^* no GEBV, foi usado como uma medida de viés do GEBV. Quanto mais diferente de 1 é o valor do b_1 , maior viés existe no GEBV. As estimativas de CVar, foram executadas através do algoritmo AIREML usado pelo programa AIREMLF90, enquanto as predições do GEBV e y^* , foram usados os programas BLUPF90 e PREDICTF90 respectivamente (Miszta et al., 2014).

Resultados e Discussão

Foi observado um aumento nas estimativas da variância genética aditiva e herdabilidade da base ≤ 2010 para >2010 , enquanto as estimativas da base de dados Total foram intermediárias (Tabela 2). A maior acurácia de predição foi alcançada usando componentes de variância da base de dados ≤ 2010 , além de um menor viés quando comparado com componentes de variância das bases de dados >2010 e Total, quer dizer, que quando são usadas informações, tanto da população base como da população sob SG, para prever o GEBV, uma menor variância genética e herdabilidade permitiria as melhores predições (Tabela 3). Tem sido evidenciado que genotipagem seletiva acrescentam estimativas de variância genética e podem levar a GEBV viesados, como foi observado para os CVar da base >2010 ; em estes casos animais de fenótipos contrastante devem ser genotipados para evitar viés (Wang et al., 2019).

Estes resultados não corroboram com Cesarini et al. (2019), quem para bovinos Simmental encontraram que informações atuais permitiriam CVar mais apropriados, produzindo GEBV menos tendenciosos. Tsuruta et al. (2019) sugeriram que para controlar viés no GEBV, a variância genética aditiva precisava ser reduzida e que parâmetros genéticos atuais deveriam ser estimados. Os resultados de este



trabalho corroboram que essa redução é necessária, mas deve ser aplicada embora os CVar sejam estimados com informações recentes.

Tabela 2. Estimativas de componentes de variância e herdabilidades, com o seu erro padrão, usando bases de dados de animais nascidos ^aantes de 2010 (≤ 2010), depois de 2010 (>2010) e base total.

^a Base de dados	Variância genética aditiva	Variância residual	Herdabilidade
≤ 2010	1,67 \pm 0,08	3,07 \pm 0,06	0,35 \pm 0,02
>2010	2,47 \pm 0,09	2,82 \pm 0,07	0,47 \pm 0,02
Total	2,05 \pm 0,06	2,98 \pm 0,05	0,41 \pm 0,01

Tabela 3. Acurácia de predição de predição e ^acoeficiente de regressão do fenótipo ajustado (y^*) no GEBV (b_1) para diferentes componentes de variâncias e bases de dados

	Acurácia	^a b_1
<2010	0,66	0,90
>2010	0,57	0,81
Total	0,61	0,86
Cénario 2	0,48	0,93

O cenário 2 apresentou o menor viés comparado com os demais casos, apesar de apresentar perdas na acurácia de seleção. Assim, no caso de usar uma base atual sob SG para estimar CVar, o GEBV deve ser calculado para essa mesma base evitando informações fenotípicas antigas sob SPed (Tabela 3). Tem sido destacado que a compatibilidade entre as matrizes A e G é importante para obter GEBV não viesados (Tsuruta et al., 2019). Neste sentido, quando GEBV foi predito usando a base >2010 a diferença dos elementos da diagonal e fora da diagonal A e G foi 0,007 e 0,033 respectivamente, enquanto para a base Total foi de 0,011 e 0,039 respectivamente. As menores diferenças ao considerar a base >2010 , são devidas à mudança da A, toda vez que G é constante, pois são considerados mesmos animais genotipados; situação que levou a predições genômicas menos viesadas.

Conclusão

Para obter GEBV para CE mas acurados e menos tendenciosos, quando é usada uma base que combina informações fenotípicas sob SPed e SGde, é necessário diminuir a variância genética aditiva. Além, se os CVar serão estimados usando uma base de dados atual sob SG, as predições genômicas devem ser realizadas desconsiderando informações antigas sob SPed, bem, apesar de diminuição na acurácia, menor viés será alcançado.

Literatura citada

Cesarani A., Hidalgo J., Garcia A., Degano L., Vicario D., Masuda Y., Misztal I. & Lourenco D.A.L. 2020. Beef trait genetic parameters based on old and recent data and its implications for genomic predictions in Italian Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, 98(8), 242.

Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D. A. L., Aguilar I., Legarra A., & Vitezica Z. 2014. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Disponível em: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf. Acesso em: 25 de junho de 2021.

Tsuruta S., Lourenco D.A.L., Masuda Y., Misztal I. & Lawlor T.J. 2019. Controlling bias in genomic breeding values for young genotyped bulls. **Journal of Dairy Sciences**, 102(11), 9956-9970.

Wang L., Janss L.L., Madsen P., Henshall J., Huang C-H., Marois D., Alemu S., Sørensen A.C., & Jensen J. 2020. Effect of genomic selection and genotyping strategy on estimation of variance components in animal models using different relationship matrices. **Genetics Selection Evolution**, 52, 31.



Avaliação genômica utilizando o método de passo único para características reprodutivas em bovinos Nelore

Gabriel Soares Campos^{1*}, Delvan Alves Silva¹, Haroldo H. R. Neves², Ivan Carvalho Filho¹, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}, Roberto Carneiro^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil.

²GenSys Consultores Associados S/S, Porto Alegre/RS, Brasil.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*gabrielsoarescampos@hotmail.com

Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar o ganho em acurácia e a capacidade preditiva utilizando informação genômica em comparação com a predição considerando o pedigree (BLUP) para características reprodutivas em bovinos Nelore. As características utilizadas foram idade ao primeiro parto, probabilidade de prenhez aos 18 meses, stayability, reconcepção de primípara, número de partos até os 53 meses de idade e perímetro escrotal. Um modelo animal foi usado para prever os valores genéticos (EBV) pelo método BLUP e incorporando informações genômicas (GEBV) com o método ssGBLUP. A validação foi realizada com o método de regressão linear usando animais jovens sem fenótipos no conjunto de dados reduzido e com registros no conjunto de dados completo. As estatísticas LR de acurácia e dispersão foram calculadas para animais jovens e touros jovens genotipados. As acurácias de predição com ssGBLUP superaram o BLUP para todas as características reprodutivas. A acurácia do GEBV variou de 0,37 a 0,54. Em comparação ao EBV, a acurácia do GEBV foi, em média, 25% superior para animais jovens e 52% superior para touros genotipados jovens. Os valores de dispersão foram para a maioria das características mais próximo de 1 com ssGBLUP do que com BLUP, indicando predições menos infladas/deflacionadas. Os resultados indicaram que as informações genômicas podem ajudar a melhorar a predição dos valores genéticos para características reprodutivas e, portanto, o progresso genético em bovinos Nelore.

Palavras-chave: bovinos de corte, desempenho reprodutivo, seleção genômica, ssGBLUP

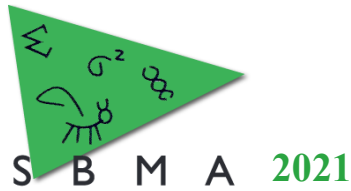
Genomic evaluation using single-step method for reproductive traits in Nelore cattle

Abstract: The main objective of this study was to evaluate the increase in accuracy using genomic information compared to the traditional genetic evaluation using only pedigree (BLUP) for reproductive traits in Nelore cattle. The traits studied were age at first calving (AFC), heifer pregnancy at 18 months of age (HP18), stayability (STAY), heifer rebreeding (HR), number of calves at 53 months of age (NC53) and scrotal circumference (SC). An animal model was used to calculate the estimated breeding values (EBV) using BLUP and genomic enhanced breeding values (GEBV) using the ssGBLUP method. Validation was carried out by the linear regression (LR) method using young animals with no phenotypes in the reduced dataset (r) but with records in the complete dataset (c). LR statistics (accuracy and dispersion) were calculated for young animals and genotyped young bulls. Predictive accuracies with ssGBLUP outperformed BLUP for all reproductive traits. The accuracy of GEBV ranged from 0.37 to 0.54. The ssGBLUP improved GEBV accuracies by 25% for young animals and 52% for young genotyped bulls on average. LR coefficients (dispersion) were for most of traits closer to 1 with ssGBLUP than with BLUP method, indicating less inflated/deflated predictions. Our study indicated that genomic information could help to improve the prediction of GEBV for reproductive traits and, consequently, genetic progress in Nelore cattle.

Keywords: beef cattle, genomic selection, ssGBLUP, reproductive performance

Introdução

Diversos estudos têm destacado a importância econômica de características reprodutivas em rebanhos comerciais de cria e ciclo completo em bovinos de corte. No entanto, a incorporação destas características em programas de melhoramento nem sempre é efetiva devido à baixa herdabilidade,



dificuldade de obtenção dos fenótipos ou observadas em idades avançadas e em apenas um dos sexos, impactando de forma negativa o intervalo de geração e a resposta à seleção.

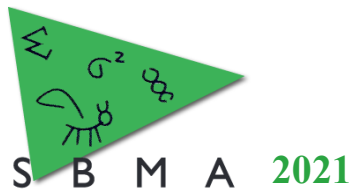
Com a implementação de informações genômicas na avaliação genética de programas de melhoramento, será possível produzir ganhos genéticos maiores que em programas tradicionais com base somente no pedigree e fenótipos para as características de difícil mensuração, como as reprodutivas. Um dos métodos de avaliação genômica amplamente utilizado é o método de passo único GBLUP (ssGBLUP; Aguilar et al., 2010). Este método combina o pedigree, fenótipos e genótipos em uma única análise para calcular os valores genéticos aprimorados pela genômica (GEBV) para todos os animais no pedigree. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar a o ganho em acurácia e a capacidade preditiva de modelos utilizando informação genômica com o método ssGBLUP em comparação com a predição “tradicional” (BLUP) para 6 características reprodutivas em bovinos Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizados dados fenotípicos de 401.885 fêmeas e 552.331 machos da raça Nelore pertencentes a diferentes programas de melhoramento genético que compõem a base de dados Aliança Nelore. As características reprodutivas estudadas foram idade ao primeiro parto (IPP), probabilidade de parto aos 18 meses de idade (PP18), stayability ou habilidade de permanência produtiva no rebanho (STAY), reconcepção de primípara (RP), número de partos até os 53 meses de idade (NP53) e perímetro escrotal (PE). Posteriormente à consistência dos dados, o número de animais com fenótipos para cada característica foi de 531.262 para PE, 224.219 para IPP, 166.842 para PP18, 154.763 para RP, 356.472 para NP53 e 119.609 para STAY. Foram utilizadas informações genotípicas de 25.000 animais genotipados com o painel de alta densidade (HD; 777K SNPs) ou genotipados com um painel de média densidade (30-90K) com genótipos imputados para o HD. Um modelo animal considerando os efeitos fixos de cada característica, efeito aleatório genético aditivo e efeito residual foi utilizado para a predição dos valores genéticos (EBV) pelo método BLUP. Como efeitos fixos foi o usado somente o grupo de contemporâneos (GC) para PP18, NC53 e IPP; GC, classes de partos (fêmeas super precoces < 15 meses; fêmeas precoces entre 15 e 18 meses e fêmeas com partos acima de 18 meses) e sexo do produto para RP; GC, classes de partos para STAY; GC e idade do animal linear e quadrática para PE. Os valores genéticos incorporando a informação genômica (GEBV) foram preditos após ajuste de modelo animal equivalente pelo método de passo único GBLUP (ssGBLUP). O método ssGBLUP combina simultaneamente as matrizes de parentesco genômico (animais genotipados) e de parentesco tradicional para todos os animais (genotipados e não genotipados) (Aguilar et al., 2010). O método BLUP foi usado como base de comparação para avaliar os ganhos em acurácia ao usar informações genômicas, além de pedigree e fenótipos. A validação foi realizada com o método de regressão linear (LR) proposto por Legarra et al. (2018) usando animais jovens sem fenótipos no conjunto de dados reduzido (r) e com registros fenotípicos no conjunto de dados completo (c). A acurácia de predição (\widehat{acc}), que considera a covariância entre o (G)EBV nos conjuntos de dados completo e reduzido, foi calculada da seguinte forma: $\widehat{acc} = \sqrt{cov[(G)EBV_c, (G)EBV_r] / (1 - \bar{F}_r) * \sigma_a^2}$, em que \bar{F}_r é o coeficiente médio de endogamia para os animais da validação e σ_a^2 é a estimativa da variância genética aditiva. O coeficiente de regressão do (G)EBV_c sobre o (G)EBV_r foi usado para avaliar a dispersão ou o grau de inflação/deflação das predições genômicas. As estatísticas foram calculadas para todos os animais jovens com fenótipos (genotipados e não genotipados) e para touros jovens genotipados com no máximo dois anos de idade.

Resultados e Discussão

As acurácias de predição do GEBV com o método ssGBLUP para animais jovens variaram de 0,35 a 0,57 para todas as características reprodutivas e, para os touros jovens genotipados, as acurácias variaram de 0,37 a 0,72 (Tabela 1). As acurácias de predição do ssGBLUP foram superiores às estimadas pelo BLUP para todas as características, com uma superioridade média de 25% e 52% para animais jovens e touros jovens genotipados, respectivamente. As maiores acurácias de predição com o método ssGBLUP possivelmente ocorreram porque as informações genômicas forneceram relações de parentesco mais precisas entre os indivíduos e ajudaram a estimar a amostragem Mendeliana (Goddard et al., 2010). Essa melhora na acurácia pode resultar em maiores ganhos genéticos para características reprodutivas em



bovinos Nelore após a implementação da seleção genômica, possibilitando a seleção mais acurada de animais jovens.

Os valores de dispersão foram para a maioria das características mais próximo de 1 com ssGBLUP do que com BLUP, indicando predições menos infladas/deflacionadas (Tabela 1). A dispersão variou de 0,88 a 1,02 para ssGBLUP e de 0,87 a 1,07 para o BLUP para os animais jovens. Para touros jovens genotipados, os coeficientes variaram de 0,86 a 0,96 para ssGBLUP e de 0,86 a 1,08 para BLUP. A inflação ou deflação pode ser um problema quando as predições de animais genotipados e não genotipados precisam ser comparadas para decisões de classificação e seleção.

Tabela 1. Estatísticas da validação de regressão linear (LR) usando os métodos BLUP e ssGBLUP para animais jovens e touros jovens genotipados.

Característica ¹	Método ²	Animais jovens		Touros jovens genotipados	
		acurácia	dispersão	acurácia	dispersão
IPP	BLUP	0,35	0,87	0,37	0,89
	ssGBLUP	0,42	0,88	0,56	0,93
PP18	BLUP	0,29	0,87	0,26	0,86
	ssGBLUP	0,37	0,88	0,43	0,90
PE	BLUP	0,49	0,90	0,51	0,91
	ssGBLUP	0,57	0,92	0,72	0,96
STAY	BLUP	0,26	1,07	0,25	0,86
	ssGBLUP	0,38	1,02	0,47	0,91
RP	BLUP	0,29	0,91	0,28	1,08
	ssGBLUP	0,35	0,90	0,37	0,86
NP53	BLUP	0,42	0,93	0,37	0,86
	ssGBLUP	0,52	0,94	0,50	0,93

¹IPP: idade ao primeiro parto; PP18: probabilidade de parto precoce; PE: perímetro escrotal; STAY: stayability; RP: reconcepção de primípara; NP53: número de partos até os 53 meses de idade.

²BLUP: melhor preditor linear não-viesado; ssGBLUP: single step GBLUP.

Conclusão

O método ssGBLUP permitiu obter maiores acurácias de predição do que o método BLUP para todas as características reprodutivas avaliadas, indicando que a implementação da seleção genômica seria benéfica. Estudos futuros utilizando dados de sequenciamento completo do genoma serão conduzidos objetivando identificar variantes causais para contribuir com o aumento da acurácia de predição.

Agradecimentos

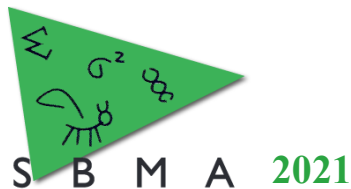
À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, código de financiamento 001) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, #2017/10630-2, #2018/20026-8 e #2020/03975-6) pelo auxílio financeiro, e aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore (www.gensys.com.br) por disponibilizarem os dados.

Literatura citada

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

Goddard, M. E., Meuwissen, T. H. E., and B. J. Hayes. Genomic selection in farm animal species -Lessons learnt and future perspectives. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod, 2010, Leipzig, Germany.

Legarra, A., and A. Reverter. 2018. Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genetics Selection Evolution**, 50:53.



Efeito do cromossomo X nas avaliações genômicas de idade ao primeiro parto

Louise Sarmiento Martins de Oliveira¹, Iara Del Pilar Solar Diaz¹, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Isis da Costa Hermisdorff¹, Caio Victor Damasceno Carvalho², Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹, Lucia Galvão de Albuquerque³, Raphael Bermal Costa¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Universidade Federal do Oeste da Bahia (UFOB), Barra, BA, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: louise.sarmiento@ufba.br

Resumo: O objetivo deste estudo foi avaliar se existem vantagens preditivas para valores genômicos com inclusão de marcadores do cromossomo X para a variável reprodutiva idade ao primeiro parto em bovinos de corte da raça Nelore. Foram utilizados dados de 2017 fêmeas genotipadas. Os valores genômicos foram estimados considerando dois cenários: apenas a presença de cromossomos autossômicos e a presença de cromossomos autossômicos acrescidos do cromossomo X. Para avaliar o efeito da inclusão do cromossomo sexual foram realizadas estimativas de resposta à seleção. Os valores de herdabilidade calculados foram maiores na presença do cromossomo X. Os valores genômicos calculados no cenário autossômico foram de 1,9 a 2,5% menores se comparados com o segundo cenário. A correlação preditiva média para essa característica foi de 0,98. A inclusão dos marcadores presentes no cromossomo X pode melhorar a predição de valores genômicos.

Palavras-chave: IPP, nelore, reprodução, seleção genômica, SNP.

Effect of X chromosome on genomic evaluations of Age at First Calve trait

Abstract: The aim of this study was to evaluate whether there are advantages in estimation of breeding values with inclusion of X chromosome markers for age at first calving in Nelore cattle. A total of 2017 genotypes of females were used. There were breeding value estimates considering two scenarios: autosomal markers only and autosomal markers plus chromosome X markers. To evaluate effects of inclusion of X chromosome markers on selection, responses to selection were compared in both scenarios. There were greater heritability estimates when analyses included information of the X chromosome. There were about 1.9-2.5% lower breeding values for autosomal scenario. There was an average predictive correlation of 0.98. These estimates indicate inclusion of the X chromosome markers information in the analysis can improve prediction of genomic breeding values.

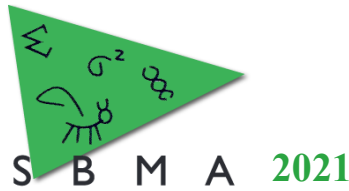
Keywords: AFC, genomic selection, nellore, reproduction, SNP.

Introdução

O cromossomo X é o segundo maior presente no cariótipo bovino e conseqüentemente contém uma gama de genes que podem afetar diversos fenótipos (Berry et al., 2017). Apesar de seu tamanho significativo, os marcadores nele presentes usualmente são excluídos de estudos de avaliação genômica devido ao mecanismo de compensação de dose (CD) de genes ligados em fêmeas, visto que os machos são hemizigotos para o cromossomo X (Couldrey et al., 2017).

Esse cromossomo contém grande concentração de genes relacionados ao desenvolvimento corporal e reprodução. As proteínas traduzidas a partir destes genes trazem impacto na eficiência reprodutiva, incluindo o desenvolvimento testicular, espermatogênese, taxa de concepção, diferenciação sexual, entre outras características. No ovário, não há inativação do cromossomo X, o que enfatiza a importância desse cromossomo em funções reprodutivas.

O estudo desse cromossomo pode ser importante para trazer aumento de lucratividade para produtores, pois, características reprodutivas são até 13 vezes mais importantes economicamente em sistemas de produção de carne bovina nos trópicos (Brumatti et al., 2011). O objetivo do presente trabalho



foi, portanto, avaliar as estimativas de valores genômicos da característica idade ao primeiro parto (IPP) com e sem a presença dos marcadores genômicos do cromossomo X de modo a gerar conhecimento acerca da herança não autossômica em variáveis reprodutivas importantes.

Material e Métodos

As informações presentes nesse estudo são de fêmeas Nelore nascidas entre 1996 e 2012, oriundas de propriedades rurais da região Nordeste e Sudeste do país, com dados desses rebanhos sendo usados no programa DeltaGen®. O manejo reprodutivo adotado consistiu em duas estações de monta com duração aproximada de 70 dias. Foi implementado o uso de inseminação artificial, monta controlada e sistema de reprodutores múltiplos. Os grupos de contemporâneos foram formados usando o procedimento GLM do *software SAS 9.2 (SAS Institute, Inc., Cary, NC)* e concatenaram as seguintes informações: grupo de manejo no nascimento e sobreano, estação, ano e fazenda de nascimento.

Dados de 2017 fêmeas foram utilizados. Os animais foram genotipados usando o chip de alta densidade *Illumina BovineHD BeadChip array (Illumina Inc., San Diego, CA, USA)* contendo 777.962 SNPs. O controle de qualidade dos SNPs foi realizado com base nos seguintes critérios: *call rate* menor que 0,9 e MAF menor que 0,05. Para anotação dos genótipos do cromossomo X, o valor 0 foi atribuído a animais homocigotos para o primeiro alelo (A), o valor 1 para heterocigotos, e o valor 2 para animais homocigotos para o segundo alelo (B).

Para a realização da predição genômica foram considerados 2 cenários: o primeiro em que consta apenas marcadores autossômicos e o segundo em que são acrescentados os marcadores presentes no cromossomo X. As análises foram realizadas utilizando inferência bayesiana utilizando o THRGBBIS1F90 (Misztal, 2020). As cadeias foram analisadas no programa POSTGIBBSF90 para verificar convergência e dependência entre as amostras. O modelo em notação matricial utilizado pode ser escrito como:

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

onde y é o vetor de observações, X e Z são matrizes de incidência que associam β e u às observações, β é o vetor de efeitos de grupo de contemporâneo, u é o vetor de efeitos genéticos aditivos e por fim, o vetor de resíduos. Com base nas estimativas médias dos componentes de (co)variância obtidas com o modelo que incluiu o cromossomo X mais autossomos e o modelo que incluiu apenas autossomos, os animais foram classificados de acordo com os valores genômicos calculados usando o método *Single-step* (Aguilar et al., 2010). Para avaliar o efeito dos dados do cromossomo X na seleção, foram calculadas as respostas à seleção, o valor genômico médio e a acurácia de predição nos dois cenários já descritos.

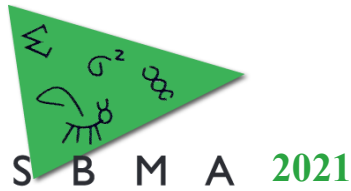
Resultados e Discussão

A inclusão das informações do cromossomo X somada as dos cromossomos autossômicos permitiram a obtenção de maior valor de herdabilidade para IPP ($h^2 = 0,11$), quando comparado ao uso de informações contidas apenas nos autossomos, essa diferença foi significativa.

Os valores genômicos médios em três intensidades de seleção distintas (1%, 5% e 10% dos machos elite selecionados) foram todos maiores na presença das informações do cromossomo sexual em respectivamente 1,91%, 2,87% e 2,48%. A análise da acurácia de predição utilizando 50 conjuntos diferentes e aleatórios de 39k SNPs dos autossomos (densidade de SNPs do cromossomo X no estudo), revelou que não houve alteração dos valores médios calculados visto que o coeficiente de correlação de Pearson foi de 0,98.

A realização deste tipo de estudo comparativo abre espaço para o questionamento sobre a melhoria do desempenho preditivo, se este melhorou devido às funções biológicas que foram aprimoradas como resultado dos SNPs ou se simplesmente houve um ajuste do modelo a uma maior quantidade de informação. Neste caso, foi possível observar resultados superiores devido à influência que cromossomo X possui sobre as características produtivas.

Uma das explicações para esses resultados é o cromossomo X ser o responsável pelos efeitos aditivos e pela interação dos genes ali contidos. É importante apontar que os efeitos dos marcadores contidos no cromossomo sexual não costumam ser incluídos em avaliações genômicas porque nem o mecanismo de compensação de dose nem a codificação de genótipos são baseados na matriz genética de relacionamento, fatores que poderiam explicar o efeito nas fêmeas.



Para variáveis quantitativas, a herdabilidade atribuível ao cromossomo X vai depender do estado de inativação dos loci ligados ao X que afetam a característica. Por fim, a dupla dosagem dos genes que não são afetados pela inativação teria efeitos sobre o valor médio da característica de interesse em fêmeas em comparação com machos e podem contribuir para diferenças entre os sexos.

Conclusão

A inclusão dos marcadores presentes no cromossomo X pode melhorar a predição de valores genômicos de idade ao primeiro parto e estudos futuros para simular a compensação de dose devem ser feitos.

Agradecimentos

Essa pesquisa foi apoiada pelo Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia [bolsa CNPq nº 422799 / 2016-5]; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo [bolsa FAPESP números 2009 / 16118-5] e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia [bolsa FAPESB BOL0545/2018].

Literatura citada

Berry, D.P., Wolfe, A., O'donovan, J., Byrne, N., Sayers, R.G., Dodds, K.G., McEwan, J.C., O'Connor, R.E., McClure, M., Purfield, D.C., 2017. Characterization of an X chromosomal non-mosaic monosomy (59, X0) dairy heifer detected using routinely available single nucleotide polymorphism genotype data. *Journal of Animal Science*, 95, 1042-1049.

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*, 743, 752–793.

Brumatti, R.C., Ferraz, J.B.S., Eler, J.P., Formigoni, I.B., 2011. Desenvolvimento de índice de seleção em gado corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. *Archivos de Zootecnia*, 60, 205–213.

Couldrey, C., Johnson, T., Lopdell, T., Zhang, I.L., Littlejohn, M.D., Keehan, M., Sherlock, R.G., Tiplady, K., Scott, A., Davis, S.R., Spelman, R.J., 2017. Bovine mammary gland X chromosome inactivation. *Journal of Dairy Science*, 100, 5491–5500.

Misztal, I., 2020. Fev 20. BLUPF90 – A Flexible Mixed Model Program in Fortran 90. Retrieved from. University of Georgia. <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90.pdf>.



Influência de genearcas e novos genearcas da raça Nelore na composição genética de touros de centrais de inseminação artificial no Brasil

Filipe Ribeiro Rodrigues^{1*}, Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado¹, José Bento Sterman Ferraz¹

¹Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, USP, Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: *filiperodrigue@gmail.com*

Resumo: As importações de animais da raça Nelore que ocorreram na década de 1960 foram fundamentais para a construção da raça como é conhecida hoje, isso devido à participação de animais reconhecidos pelo seu mérito genético. Esses poucos animais posteriormente foram definidos como genearcas e fizeram parte da formação de novos genearcas que, já nascidos no Brasil, continuaram a propagar a genética de seus ancestrais. O objetivo deste trabalho foi analisar a participação desses reprodutores na composição da genealogia de touros Nelore presentes nas principais centrais de reprodução do Brasil.

Palavras-chave: *Nelore, Genearcas, Inseminação Artificial*

Influence of genearchs and new breeders of the Nelore breed on the genetic composition of bulls from artificial insemination centers in Brazil

Abstract: The imports of Nelore breed animals that occurred in the 1960s were fundamental to the construction of the breed as it is known today, due to the participation of animals qualified by their genetic merit. These few animals were later defined as genearchs and were part of the formation of new genearchs, born in Brazil, continued to propagate the genetics of their ancestors. The objective of this work was to analyze the participation of these breeders in the composition of the genealogy of Nelore sires present in the main breeding centers in Brazil.

Keywords: *Nelore, Genearchs, Artificial Insemination*

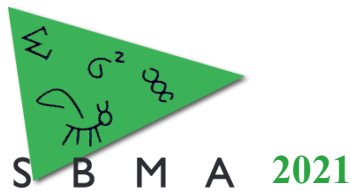
Introdução

A raça Nelore foi introduzida no Brasil em meados do século XIX, quando houveram as primeiras importações de animais zebuínos da Índia, mas foram os reprodutores trazidos na década de 1960 os responsáveis pela consolidação da raça, por serem animais com ótimas características raciais e de desenvolvimento, se tornando os principais raçadores (MAGNABOSCO et al., 1997).

Aliada a seleção intensa está o crescimento da utilização de biotecnologias, principalmente a inseminação artificial e a inseminação artificial em tempo fixo, o que fez com que esses touros tivessem seu material genético propagado em escala comercial por todo país, formando linhagens reconhecidas por seus méritos genéticos ((MAGNABOSCO et al., 1997)). O uso destas técnicas se deve aos inúmeros avanços possibilitados, como maior aproveitamento dos reprodutores, tendo em vista que um só ejaculado pode ser utilizado em centenas de vacas, facilidade para implantação de programas de cruzamentos, redução de serviços e do tempo das estações reprodutivas e a viabilização do uso de touros com alto valor zootécnico, sem a necessidade de aquisição e manutenção do animal (PEGORARO et al., 2016).

Em 2020, no Brasil, foram comercializadas 1.597.326 doses de sêmen de animais de aptidão para corte, sendo aproximadamente 43% de touros da raça Nelore, de acordo com Índice da Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASBIA, 2021).

O objetivo deste trabalho foi fazer um extenso levantamento das genealogias dos touros oferecidos pelas principais centrais de Inseminação Artificial do Brasil, com a intenção de analisar a contribuição dos principais genearcas e das principais linhagens de touros da raça Nelore para a constituição genética do material disponível para a venda nessas empresas, que respondem por mais de 99% do mercado de sêmen brasileiro.



Material e Métodos

Foi levantado o banco de dados contendo as informações de pedigree de 1.199 touros Nelore que estiveram disponíveis em catálogos das principais centrais de inseminação artificial do Brasil em 2020, sendo elas: ABS Pecplan, Accelerated Genetics, Araucária Genética Bovina, Alta Genetics, CRV Lagoa, Genex Brasil, Select Sires do Brasil, Seleon Biotecnologia, Semex Brasil e STRepro. As informações genealógicas foram obtidas através dos sites das próprias centrais, na consulta pública de animais da Associação Brasileira de Criadores de Zebu e do programa de Certificado Especial de Identificação e Produção da Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores, traçando a ancestralidade até os ancestrais mais antigos da raça, formando um pedigree contendo 5.312 animais.

Os genearcas e novos genearcas buscados foram os definidos por Bonin, 2012, sendo os genearcas Akasamu, Godhavari, Golias, Cacique, Karvadi, Kurupathy, Nagpur, Padhu, Rastã, Taj Mahal e Bima, sendo adicionados a eles Suvarna, Marduk, Gonthur e os novos genearcas 1646 da MN, CFM Diamante, CFM Tiete, Cívico, Gim de Garça, Himalaya do Br, Iguaçu da Pagador, Inca POI da 3 Cox, Kulal AJ, Marisco do IZ, Rambo da MN, Vindouro, Visual da ZEB VR. A busca no pedigree foi feita através do programa CFC (SARGOLZAEI et al., 2006) extraindo um sub pedigree contendo o número de descendentes desses indivíduos.

Resultados e Discussão

O número de descendentes e a porcentagem de animais aparentados de cada um desses genearcas e novos genearcas está descrito na Tabela 1 onde é possível perceber a enorme contribuição de alguns poucos touros, mesmo em um grupo já pequeno, o que ilustra a importância desses animais na formação da genética do Nelore. Karvadi se destaca por ser o ancestral de 77,40% dos doadores de sêmen presentes nas centrais de inseminação, que se justifica com as informações da Figura 1, onde estão marcados os genearcas que contribuíram para a formação dos novos genearcas, sendo 6 destes, 1646 da MN, CFM Tiete, Gim de Garça, Inca POI da 3 COX, Marisco do IZ e Visual da ZEB VR, descendentes de Karvadi, pois foram dois animais muito utilizados nos programas de melhoramento genético.

Outros animais que também se destacam pelo número de descendentes são Golias (45,87%), Suvarna (49,04%), Cacique (41,78%), Taj Mahal (40,20%), Marduk (25,69%) e Rastã (21,02%), o que também se justifica por estarem presentes na linhagem de novos genearcas que se destacaram como doadores de sêmen. Tais como 1646 da MN (27,27%), Gim de Garça (48,96%), Iguaçu da Pagador (25,60%), Rambo da MN (19,60%) e Visual da ZEB VR (18,68%).

Tabela 1. Número de descendentes (N) e porcentagem de contribuição genética dos genearcas e novos genearcas nos animais presentes nas centrais de inseminação.

Genearcas	N	% de contribuição	Novos Genearcas	N	% de contribuição
Akasamu	7	0,58	1646 da MN	327	27,27
Godhavari	156	13,01	CFM Diamante	58	4,84
Golias	550	45,87	CFM Tiete	35	2,92
Cacique	501	41,78	Cívico	3	0,25
Karvadi	928	77,40	Gim de Garça	587	48,96
Kurupathy	164	13,68	Himalaya do Br	76	6,34
Nagpur	1	0,08	Iguaçu da Pagador	307	25,60
Padhu	2	0,17	Inca POI da 3 Cox	38	3,17
Rastã	252	21,02	Kulal AJ	66	5,50
Taj Mahal	482	40,20	Marisco do IZ	109	9,10
Bima	3	0,25	Rambo da MN	235	19,60
Suvarna	588	49,04	Vindouro	19	1,58
Marduk	308	25,69	Visual da ZEB VR	224	18,68
Gonthur	2	0,17			

% de contribuição = proporção de descendentes em ralação ao rebanho total.

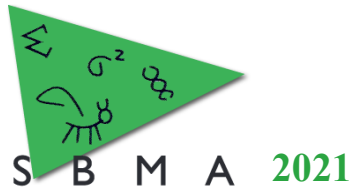


Figura 1. Novos genearcas que possuem em sua ascendência a presença de genearcas.

	1646 DA MN	CFM TIETE	GIM DE GARÇA	HIMALAYA DO BR	IGUACU DA PAG	INCA POI DA 3 COX	MARISCO DO IZ	RAMBO DA MN	VINDOURO	VISUALDAZEBVR
GODHAVARI				✓		✓				
GOLIAS	✓	✓					✓			
CACIQUE	✓							✓		
KARVADI	✓	✓	✓			✓	✓			✓
KURUPATHY				✓		✓				
RASTA									✓	✓
SUVARNA			✓							
MARDUK					✓					
TAJ MAHAL						✓				✓

Conclusão

É possível concluir que a participação dos genearcas e novos genearcas na composição da genealogia dos touros Nelore presentes nas centrais de inseminação artificial do Brasil é enorme e da necessidade de se atentar a esses fatos em programas de melhoramento genético, principalmente através da inclusão de cálculos de endogamia no momento de seleção.

Literatura citada

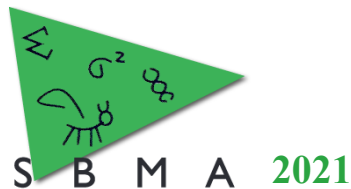
Associação Brasileira de Inseminação Artificial. **Índex ASBIA 2020**. Janeiro, 2021. Disponível em: <http://www.asbia.org.br/wp-content/uploads/2021/07/Index-ASBIA-2020-M%C3%ADdia-Revis%C3%A3o-1.pdf>. Acesso em: 08 de Agosto de 2021.

BONIN, M. N. **Avaliação de características de desempenho e qualidade de carne em linhagens e touros representativos da raça Nelore, utilizando ultrassonografia, análises de imagens e NIRS**. Pirassununga: USP, 135 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2012.

MAGNABOSCO, C. U. et al. Catálogo de Linhagens do germoplasma zebuino raça Nelore. 1997.

PEGORARO, L. M. C., SAALFELD, M. H., PRADIEÉ, J. **Inseminação artificial em bovinos**. Embrapa Clima Temperado, Pelotas, 2016. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1058124>. Acesso em: 07 de Agosto de 2021.

SARGOLZAEI, M., IWAISAKI, H., COLLEAU, J. J. A software package for pedigree analysis and monitoring genetic diversity. 2006.



Efeito do cromossomo X nas avaliações genômicas da característica Prenhez Precoce

Victoria Camilla Parente Rocha¹, Louise Sarmento Martins de Oliveira¹, Iara Del Pilar Solar Diaz¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Isis da Costa Hermisdorff¹, Caio Victor Damasceno Carvalho², Lúcia Galvão de Albuquerque³, Raphael Bernal Costa¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil

²Universidade Federal do Oeste da Bahia (UFOB), Barra, BA, Brasil

³Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Jaboticabal, SP, Brasil

*Autor correspondente: victoriacamilla_24@hotmail.com

Resumo: Objetivou-se avaliar se há vantagens preditivas para o cálculo dos valores genômicos da característica Prenhez Precoce (P16) com a inclusão de marcadores genômicos do cromossomo X em gado de corte Nelore. Foram utilizados dados de 2017 fêmeas analisando-os em duas situações: apenas com informação autossômica e acrescido o cromossomo X. O efeito da inclusão foi avaliado através de estimativas de resposta à seleção. Os valores de herdabilidade calculados foram maiores na presença do cromossomo X (0,43 e 0,38). Os valores genômicos calculados apenas para a presença do autossomo foram 4% menores em relação a inclusão do cromossomo X. A correlação preditiva média para esta característica foi de 0,84. O estudo identificou aumento dos valores genômicos com a inclusão dos marcadores do cromossomo X.

Palavras-chave: nelore, prenhez precoce, seleção genômica, snp, valor genético.

Effect of X chromosome on genomic evaluations of the Early Pregnancy trait

Abstract: This study aims to evaluate if there are predictive advantages for genomic values estimation of early pregnancy with the inclusion of X chromosome genomic markers in Nelore beef cattle. There were used data from 2017 females, analyzing them under two hypotheses: only with autosomal information and the addition of the X chromosome. The inclusion effect was evaluated through response to selection. The calculated heritability was higher in the presence of the X chromosome in comparison with autosomal (0.43 and 0.38). Calculated genomic values only with autosomal were 4% lower than X chromosome inclusion. An average predictive correlation for this trait was 0.84. The study identified an increase in genomic values with the inclusion of X chromosome markers.

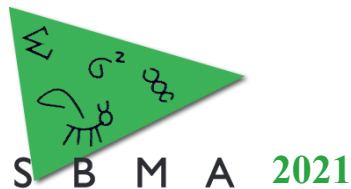
Keywords: breeding value, early pregnancy, genomic selection, nelore, snp.

Introdução

A utilização de marcadores moleculares tem promovido resultados positivos em termos produtivos e econômicos na pecuária. Geralmente, os efeitos desses marcadores são estimados por meio de avaliações que consideram apenas os cromossomos autossômicos, no entanto, os cromossomos sexuais possuem efeito essencial na reprodução devido sua contribuição genética para o desenvolvimento embrionário, além de interferir em outros fenótipos (Berry et al., 2017).

Entre suas atribuições, o cromossomo X alberga funções na produção de gametas e são ricos em genes relacionados ao desenvolvimento corporal e reprodução. Podem interferir no desenvolvimento testicular, espermatogênese, taxa de concepção e diferenciação sexual.

Diante do seu papel na eficiência reprodutiva, a quantificação dos seus efeitos é de suma importância para aumentar ganhos genéticos e retorno econômico. Assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar as estimativas de valores genéticos da característica ocorrência de Prenhez Precoce (P16) com e sem a presença dos marcadores genômicos do cromossomo X de modo a gerar conhecimento acerca da herança não autossômica em variáveis reprodutivas importantes.



Material e Métodos

Neste estudo foram utilizadas informações de eficiência reprodutiva de fêmeas Nelore, provenientes das regiões Sudeste e Nordeste do Brasil, nascidas entre 1996 e 2012. Os dados dos rebanhos são utilizados no programa DeltaGen[®]. O manejo reprodutivo foi dividido em duas estações de monta com duração aproximada de 70 dias utilizando as técnicas de inseminação artificial, acasalamento controlado e reprodutores múltiplos. A confirmação da gestação ocorreu 60 dias após o fim da estação de monta.

A ocorrência de prenhez precoce foi definida com base na data de concepção e na data de parto da novilha. Grupos de contemporâneos foram determinados utilizando o procedimento GLM do *software SAS 9.2 (SAS Institute, Inc., Cary, NC)* e reuniram as seguintes informações: grupo de manejo no nascimento e sobreano, estação, ano e fazenda em que o nascimento ocorreu. A estação reprodutiva iniciou-se a partir dos 16 meses de idade das novilhas. O valor 2 (sucesso) foi atribuído a novilhas que pariram com menos de 31 meses e o Valor 1 (falha) foi atribuído às novilhas que não pariram aos 31 meses de idade.

Foram obtidos dados genotípicos de 2017 fêmeas a partir do chip de alta densidade *Illumina BovineHD BeadChip* abrangendo 777.962 SNPs. O controle de qualidade dos SNPs tem como critérios um *call rate* menor que 0,9 e MAF abaixo de 0,05. Para melhor compreensão das informações, foi adotada uma anotação de genótipos do cromossomo X de 0 a 2. Atribuiu-se o valor 0 atribuído a animais homocigotos para o primeiro alelo (A), o valor 1 para heterocigotos, e o valor 2 para animais homocigotos para o segundo alelo (B).

A predição genômica realizada consistiu na comparação entre dois cenários: um primeiro no qual é avaliado apenas os marcadores autossômicos e um segundo, no qual são acrescentados os marcadores presentes no cromossomo X. As análises foram realizadas mediante a inferência bayesiana utilizando o *THRBBIS1F90 (Misztal, 2020)*. As cadeias foram analisadas no programa *POSTGIBBSF90* para verificar convergência e dependência entre as amostras. O modelo em notação matricial utilizado pode ser escrito como:

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

onde y é o vetor de observações, X e Z são matrizes de incidência que associam β e u às observações, β é o vetor de efeitos de grupo de contemporâneo, u é o vetor de efeitos genéticos aditivos e por fim, o vetor de resíduos.

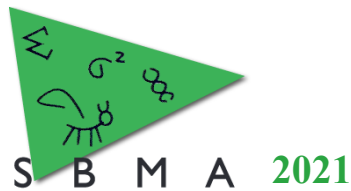
Os animais foram classificados de acordo com seus valores genéticos calculados a partir da metodologia *Single-step* (Aguilar et al., 2010) com base nas estimativas médias dos componentes de (co)variância obtidas com o modelo que incluiu o cromossomo X mais autossomos e o modelo que incluiu apenas autossomos. O efeito dos dados do cromossomo sexual na seleção foi avaliado através dos cálculos de resposta à seleção, valor genômico médio e acurácia de predição nos dois cenários descritos.

Resultados e Discussão

O incremento de informação do cromossomo X acarretaram maiores valores de herdabilidade para P16, em comparação a análises com dados autossômicos apenas (0,43 e 0,38 respectivamente) e em uma redução de 4% no valor genômico médio. O coeficiente de correlação de Pearson foi calculado comparando os dois casos e o resultado obtido foi 0,84. O aumento das estimativas de herdabilidade indica que a inclusão da informação reduz a variabilidade associada às ações gênicas não aditivas, aumentando a previsibilidade dos efeitos.

Este resultado pode ser explicado a partir do conhecimento que o cromossomo X contém três vezes mais genes expressos no sistema reprodutor feminino e 15 vezes mais genes relacionados a sistema masculino do que os cromossomos autossomos (Liu, 2019). Quando não há inclusão dos marcadores do cromossomo sexual, o efeito dos marcadores autossômicos é superestimado.

Além disso, não estimar o cromossomo X em SNPs pode acentuar a ocorrência de erros em previsões, já que esses marcadores têm efeitos pleiotrópicos importantes. Ademais, o cromossomo X pode ter efeitos epistáticos sobre os genes autossômicos, o que aumenta a variância genética aditiva (Irano et al., 2016). Assim, dados dos marcadores genômicos para o cromossomo sexuais fornecem



resultados de estimativas mais confiáveis de valores genômicos, considerando efeitos genéticos e ambientais que afetam o fenótipo para a característica P16.

Conclusão

A inclusão de marcadores presentes no cromossomo X gerou valores genéticos maiores para a característica P16 quando comparados aos valores calculados APENAS a presença de dados genômicos autossômicos.

Agradecimentos

Essa pesquisa foi apoiada pelo Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia [bolsa CNPq nº 422799 / 2016-5]; Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia [bolsa CNPq nº 126642 / 2020-6]; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo [bolsa FAPESP números 2009 / 16118-5].

Literatura citada

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**, 743, 752–793.

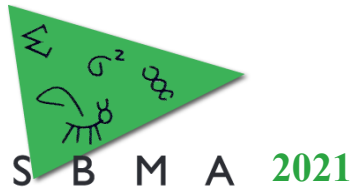
Berry, D.P., Wolfe, A., O'donovan, J., Byrne, N., Sayers, R.G., Dodds, K.G., McEwan, J.C., O'Connor, R.E., McClure, M., Purfield, D.C., 2017. Characterization of an X chromosomal non-mosaic monosomy (59, X0) dairy heifer detected using routinely available single nucleotide polymorphism genotype data. **Journal of Animal Science**, 95, 1042-1049.

Carvalho, C.V.D, Hermisdorff, I.C, Souza, I.S, Junqueira, G.S.B, Magalhães, A.F.B, Fonseca, L.F.S, Albuquerque, L.G, Tonhati, H., Carvalheiro, R., Camargo, G.M.F., Costa, RB, 2019. Influência de marcadores do cromossomo X em características reprodutivas de bovinos de corte. **Livest. Sci.** 220, 152-157.

Irano, N., de Camargo, G.M, Costa, R.B, Terakado, A.P, Magalhães, A.F, Silva, R.M, Dias, M.M, Bignardi, A.B, Baldi, F., Carvalheiro, R., de Oliveira, HN , de Albuquerque, LG, 2016. Estudo de associação do genoma para traços indicadores de precocidade sexual em bovinos Nelore. **PLoS One** 8, 11.

Liu, W.S., 2019. Mammalian sex chromosome structure, gene content, and function in male fertility. **Annual Review of Animal Biosciences**, 7, 103–124.

Misztal, I., 2020. **A Flexible Mixed Model Program in Fortran 90**. Georgia: UGA. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90.pdf>. Acesso em: fevereiro de 2020.



Análise da estrutura de uma população da raça Senepol

Ana Carolina de Jesus Oliveira^{1*}, Priscila Arrigucci Bernardes², Alejandro Barrera Carvajal¹, Thomaz Marques Sena¹, Raysildo Barbosa Lôbo³, Danísio Prado Munari¹

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil.

³Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, ANCP, Ribeirão Preto, SP

*Autor correspondente: ana.j.oliveira@unesp.br

Resumo: O controle de acasalamentos é essencial para evitar o aumento da endogamia pois esta pode afetar o desempenho produtivo e reprodutivo dos animais. Neste estudo, o objetivo foi estudar a estrutura de uma população de bovinos de corte da raça Senepol com a finalidade de fornecer suporte ao programa de melhoramento da raça. Neste estudo foram utilizados registros de pedigree de 4.053 animais nascidos entre 1975 e 2018 e oriundos de 15 fazendas. As análises de estrutura da população foram conduzidas pelo software CFC. Da população total, 1.048 animais (25,86%) eram endogâmicos e a população estudada foi oriunda de 204 fundadores. O coeficiente médio de endogamia (F) foi baixo (0,0356), e o F máximo de (0,25) e o mínimo de (0,0001), indicando que a endogamia está controlada na população em estudo.

Palavras-chave: ancestrais, bovinos de corte, endogamia, genealogia, número de fundadores, seleção genética

Analysis of population structure in Senepol cattle

Abstract: The mating control is essential to avoid the increase of inbreeding as it can reduce the productive performance of the animals. The objective was to study a population structure in order to guide genetic improvement program of the Senepol breed. Data from 4,053 animals born between 1975-2018 from 15 farms were used. Pedigree structure analyzes were conducted by the CFC software. Of the total population, 1,048 animals (25.86%) were inbred and had 204 founders. The mean coefficient of inbreeding (F) was low (0.009), and the maximum F of (0.25) and the minimum of (0.0001) indicating that the inbreeding is controlled in the studied population.

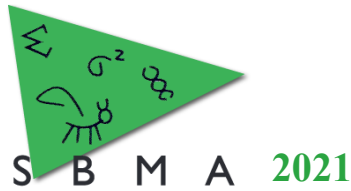
Keywords: ancestors, beef cattle, inbreeding, genealogy, number of founders, genetic selection

Introdução

A raça Senepol é uma raça de taurinos adaptados que vêm sendo difundida pelo país devido a sua adaptabilidade e tolerância em climas tropicais dado que seu pelame *slickhair* facilita sua termorregulação assim como pela resistência à parasitas (Olson et al., 2003). No relatório ASBIA (2017), a raça ocupa a sétima posição em produção de sêmen de bovinos de corte, demonstrando crescimento da população da raça ao longo dos anos. Assim, maior cuidado deve ser tomado nos acasalamentos pois o uso contínuo dos mesmos reprodutores nos acasalamentos pode resultar em aumento da endogamia e redução da variabilidade genética pelo aumento da homozigose (Danchin-Burge et al., 2012). Como consequência, o aumento da endogamia pode afetar o desempenho produtivo e reprodutivo dos animais. O conhecimento da estrutura da população auxilia os programas de melhoramento genético a definir estratégias de acasalamentos para que se tenha maior progresso genético da raça. Portanto, neste trabalho, o objetivo foi estudar a estrutura de uma população de bovinos de corte da raça Senepol, visando fornecer suporte ao programa de melhoramento da raça.

Material e Métodos

Neste estudo foram utilizados registros de pedigree de 4.053 animais nascidos entre 1975 e 2018 e oriundos de 15 fazendas. Os dados foram cedidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). As análises da estrutura desta população foram realizadas utilizando o programa CFC (Sargolzaei, Iwaisaki, Colleau, 2006). O CFC calcula a distribuição e variação de coeficientes de endogamia na população, número de fundadores, grupos de irmãos completos, tamanho médio das famílias e número médio, mínimo e máximo de gerações discretas equivalentes.



Resultados e Discussão

Dentre os animais não fundadores, ou seja, aqueles que tem pelo menos um ascendente conhecido, 95,9% possuíam registro de pai e mãe conhecidos. Segundo Danchin-Burge et al. (2012), o desconhecimento do pedigree dos animais pode subestimar o coeficiente de endogamia em animais mais velhos assim como para a média de endogamia da população. Do total, 204 animais são fundadores (que não tem progenitores conhecidos), sendo 154 mães e 50 pais. Em estudo de Okamura et al. (2015), foram verificados 537 fundadores em uma população de 20.228 animais da raça Senepol. No presente estudo, 212 pais tiveram 3.839 progênes (média de 18,1 progênes/pai) enquanto que 1.076 mães tiveram 3.700 progênes (média de 3,4 progênes/mãe). As famílias foram constituídas em média por três indivíduos, variando entre 2 e 15 indivíduos. O total de 732 famílias eram de irmãos completos.

Observou-se a presença de 1048 animais endogâmicos (25,86 %), proporção menor do que aquela encontrada por Okamura et al. (2015), que relataram 96% em animais Senepol. Neste trabalho, os coeficientes de endogamia variaram entre 0,00012 e 0,25, com média de 0,0356. Entre os endogâmicos, 79 indivíduos (7,54 %) tiveram coeficientes de endogamia entre 0,10 e 0,25. Assim, grande parte dos animais endogâmicos possuem baixo nível de endogamia indicando que os acasalamentos estão sendo controlados a fim de se evitar o uso de parentes.

O número médio de gerações equivalentes foi de 2,51, com variação de 0 a 4,46. Em estudo conduzido por Okamura et al. (2015) encontrou-se valor de 6,79 para um conjunto de dados 5 vezes maior do que a do presente estudo. O maior número de gerações equivalentes indica o quão completo é o pedigree e sendo assim mais confiáveis as estimativas dos parâmetros genéticos (Bernardes et al., 2016). Poucos animais (0,07%) apresentaram informações até a décima geração, sendo que a maior parte destes (73,89%) tiveram informações até a sexta geração. Embora a baixa porcentagem de animais contendo informações de gerações mais distantes possa indicar falta de informação ao longo das gerações, no presente estudo este resultado pode ser justificado pelo fato de que 82,68% dos animais da população estudada nasceram após 2010. Adicionalmente, a alta proporção de animais com pai e mãe conhecidos juntamente com os resultados de número máximo e médio de gerações equivalentes, indicam que a estrutura de pedigree considerada apresentou adequada quantidade de informação para as gerações consideradas, porém demonstram que a população é composta por animais de gerações mais recentes.

Conclusão

A baixa média de coeficiente de endogamia e a baixa proporção de animais endogâmicos para esta população indicam que os acasalamentos estão sendo controlados nestas gerações recentes que foram consideradas no presente estudo, a fim de se evitar o uso de animais aparentados. Este controle deve ser mantido objetivando-se evitar os efeitos negativos da endogamia.

Agradecimentos

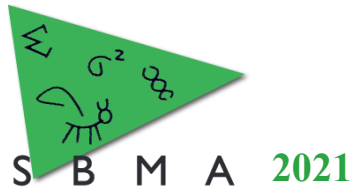
À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudos e à Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) pela concessão dos dados.

Literatura citada

Associação Brasileira de Inseminação Artificial – ASBIA. INDEX ASBIA 2017, 2017. Disponível em: https://www.asbia.org.br/wp-content/uploads/2018/10/INDEX-ASBIA2017_completo.pdf. Acesso em: 06 de setembro de 2021.

Bernardes, P.A., Grossi D.A., Savegnago R.P., Buzanskas M.E., Ramos S.B., Romanzini E.P., Guidolin D.G.F., Bezerra L.A.F., Lôbo R.B., Munari D.P. 2016. Population structure of Tabapuã beef cattle using pedigree analysis. *Livestock Science*, 187, 96–101.

Danchin-Burge, C., Leroy, G., Moureaux, S. & Verrier, E. 2012. Evolution of the genetic variability of 8 French dairy cattle breeds assessed by pedigree analysis. *J. Anim. Breed. Genet.*, 129: 206–217

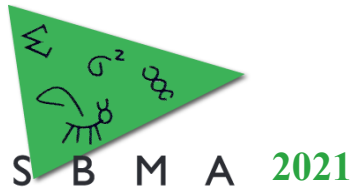


XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

Okamura, V.. Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree. Dissertação 2015. 42 f. (Mestrado em Ciência Animal). Universidade Federal do Mato Grosso do Sul. Campo Grande. 2015.

Olson, T. A., Lucena, C., Chase, C. C. Jr., and Hammond, A. C. (2003). Evidence of a major gene influencing hair length and heat tolerance in *Bos taurus* cattle. *J. Anim. Sci.* 81, 80–90.

Sargolzaei, M., H. Iwaisaki, and J. J. Colleau. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, Brazil. CD-ROM Communication 27–28.



Inclusão da característica *stayability* no Índice de Qualificação Genética do Programa Embrapa Geneplus

André Luis Romeiro de Lima^{1*}, André Luiz Julien Ferraz², Gustavo Garcia Santiago³, Paulo Roberto Costa Nobre³, Luiz Otávio Campos da Silva⁴, Roberto Augusto de Almeida Torres⁴, Guilherme Costa Venturini⁵, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes⁴

¹Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, Aquidauana, MS, Brasil.

²Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, Aquidauana, MS, Brasil.

³Programa Embrapa Geneplus, Campo Grande, MS, Brasil.

⁴Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

⁵Universidade de Uberaba, Uberaba, MG, Brasil.

*Autor correspondente: alrl_andre@hotmail.com

Resumo: *Stayability* (STAY) é a característica que indica a capacidade das fêmeas bovinas de se manterem ativas no rebanho, estando fortemente relacionada com o lucro na pecuária de corte. Com isso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a inclusão da STAY no Índice de Qualificação Genética (IQG) do Programa Embrapa Geneplus, analisando diferentes ponderadores e possíveis alterações no ranking de touros. Os dados utilizados continham informações de 63.779 touros presentes na Avaliação Genética Genômica 2019/2 realizada de maneira conjunta pelo Programa Embrapa Geneplus e o Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ/ABCZ). Foram criados novos índices testes com ponderações de 10, 15, 20, 25 e 30% para STAY, fixando o peso em 10% para área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS). Foram calculadas Correlações de Pearson entre os índices e características, e também os Níveis de Coincidência para verificar mudanças no ranking dos touros. O modelo de IQG teste STAY 20 apresentou melhores resultados, elevando a correlação entre o IQG e a *Stayability* (0,5241) sem perdas consideráveis nos valores para as demais características, dessa forma não alterando drasticamente o ranking dos animais.

Palavras-chave: stayability, índice de seleção, bovinos de corte, produtividade, zebu

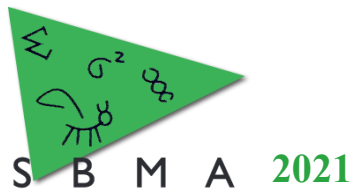
Inclusion of the stayability in the Genetic Qualification Index of the Embrapa Geneplus Program

Abstract: Stayability (STAY) indicates the capacity of cattle to remain active in the herd and is strongly related to profit in beef cattle. Thus, the objective was to evaluate the inclusion of STAY in the Genetic Qualification Index (IQG) of the Embrapa Geneplus Program, testing different weights and verifying possible changes in the animals ranking. The data contained information of 63,779 bulls from 2019/2 Genomic Evaluation carried out jointly by the Embrapa Geneplus Program and the Zebu Genetic Improvement Program (PMGZ / ABCZ). New tested indices were created with weights of 10, 15, 20, 25 and 30% for STAY, setting the weight at 10% for the rib eye area (AOL) and subcutaneous fat thickness (EGS). Pearson correlations between the indexes and traits were calculated, as well as the Coincidence Levels to verify changes in the bulls ranking. The STAY 20 test IQG model shows better results, increasing the correlation between the IQG and the Stayability (0.5241) without great losses in the values for the other characteristics, not drastically changing the animals ranking.

Keywords: stayability, selection indexes, beef cattle, productivity, zebu

Introdução

Stayability (STAY) ou habilidade de permanência é a medida que representa a capacidade da fêmea ou das filhas de um touro, de se manterem ativas no rebanho (Hudson e Van Vleck, 1981). Essa característica considera longevas, vacas que aos seis anos de idade possuem no mínimo três partos, recebendo assim nota 1 (sucesso), e 0 (fracasso) quando não atendem a esse critério. A importância da *Stayability* na pecuária de corte brasileira foi demonstrada nos biomas Cerrado (Portes et al., 2020) e



Pantanal (Portes et al., 2021), como sendo o componente que maior influência no lucro dos sistemas de produção. Ainda segundo os autores, a seleção para essa característica aumenta a produtividade de bezerras por safra e reduz a necessidade de fêmeas para reposição. O Índice de Qualificação Genética (IQG), particular do Programa Embrapa Geneplus, é um critério de seleção que considera múltiplas características, integrando as mesmas de acordo com seus valores econômicos. O IQG contém características de desenvolvimento ponderal, carcaça e reprodutivas, não considerando STAY. Portanto, o objetivo desse estudo foi avaliar a inclusão de STAY no IQG com diferentes ponderadores e seu impacto na classificação dos animais.

Material e Métodos

Os dados utilizados continham informações de 63.779 touros presentes na Avaliação Genética Genômica 2019/2 realizada de maneira conjunta pelo Programa Embrapa Geneplus e o Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ/ABCZ). Além do IQG atualmente utilizado, foram desenvolvidos índices denominados IQG's testes (Tabela 1) com pesos fixados para STAY (10, 15, 20, 25, e 30%), área de olho de lombo (AOL) (10%) e espessura gordura subcutânea (EGS) (10%).

Tabela 1. Modelos de Índices de Qualificação Genética testados, modelo atual e ponderadores percentuais (%) para as características avaliadas no Programa Embrapa Geneplus

¹Características	Índices de Qualificação Genética					
	IQG Atual	STAY 10	STAY 15	STAY 20	STAY 25	STAY 30
STAY	0	10	15	20	25	30
PD	10	9	8	7	8	7
TMD	20	16	15	14	12	11
PS	15	12	11	10	10	9
GPD	20	16	15	14	12	11
PES	15	12	11	10	9	8
IPP	5	5	5	5	4	4
AOL	10	10	10	10	10	10
EGS	5	10	10	10	10	10
TOTAL	100	100	100	100	100	100

¹STAY: stayability; PD: peso à desmama; TMD: total materno a desmama; PS: peso ao sobreano; GPD: ganho de peso pós-desmama; PES: perímetro escrotal ao sobreano; IPP: idade ao primeiro parto; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea.

Os IQG's testes foram aplicados ao *software* GP PLUS de entrega de resultados aos criadores, gerando novos valores em cada índice para todos os touros. Foram executadas análises de Correlação de Pearson via *software* Excel entre todos os índices analisados e as características avaliadas para a raça Nelore. Ao final, foi calculado o Nível de Coincidência para verificar as mudanças no ranking dos animais (percentis 1 e 10%) à medida que se alterava o índice.

Resultados e Discussão

Foi escolhido o modelo de IQG teste STAY 20, elevando a correlação entre o IQG e a *Stayability* (0,5241; Tabela 2) sem alterações consideráveis nos ponderadores das demais características. O ponderador 20% é próximo ao recomendado por Brumatti et al. (2011) (22%), porém inferior aos valores propostos por Portes et al. (2021) (entre 61 e 67%) e Portes et al. (2020) (entre 48 e 61%) estudando diferentes índices para a raça Nelore.

Tabela 2. Correlações de Pearson entre os IQG's testes e Atual e as características avaliadas no Programa Embrapa Geneplus para a raça Nelore.

¹ Características	² Índices de Qualificação Genética					
	IQG Atual	STAY 10	STAY 15	STAY 20	STAY 25	STAY 30
STAY	0,3835	0,4767	0,5241	0,5732	0,6162	0,6671
PN	0,3860	0,3534	0,3356	0,3153	0,3050	0,2799
P120	0,5413	0,5351	0,5327	0,5283	0,5128	0,5033
TM120	0,8020	0,7823	0,7700	0,7542	0,7382	0,7144
PD	0,8003	0,7762	0,7588	0,7374	0,7285	0,6989
TMD	0,8407	0,8216	0,8094	0,7935	0,7776	0,7535
PS	0,9638	0,9475	0,9358	0,9200	0,9066	0,8816
GPD	0,8748	0,8703	0,8673	0,8610	0,8466	0,8325
CFD	0,8670	0,8615	0,8538	0,8426	0,8341	0,8149
CFS	0,8220	0,8352	0,8369	0,8359	0,8342	0,8266
PES	0,6981	0,6982	0,6949	0,6889	0,6801	0,6678
IPP	-0,5391	-0,5667	-0,5777	-0,5876	-0,5882	-0,5945
AOL	0,7084	0,7302	0,7342	0,7359	0,7346	0,7310
EGS	0,1810	0,2438	0,2586	0,2736	0,2831	0,2978
MAR	0,1923	0,2314	0,2424	0,2534	0,2624	0,2728

¹STAY: stayability; PN: peso ao nascimento; P120: peso aos 120 dias; TM120: total materno aos 120 dias; PD: peso à desmama; TMD: total materno a desmama; PS: peso ao sobreano; GPD: ganho de peso pós-desmama; CFD: conformação frigorífica a desmama; CFS: conformação frigorífica ao sobreano; PES: perímetro escrotal ao sobreano; IPP: idade ao primeiro parto; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea e MAR: marmoreio.

Para os Níveis de Coincidência, o IQG STAY 20 apresentou altos valores tanto com o IQG Atual (acima de 0,8427), quanto quando comparados entre si (acima de 0,9470). Tais resultados demonstram que a inserção de STAY no índice leva a alterações mínimas no ranking, onde os touros deslocam poucas posições permanecendo a grande maioria no mesmo percentil (TOP).

Conclusão

É possível verificar o aumento da correlação entre *Stayability* e o índice sem alteração drástica na classificação dos touros quando utilizando o novo IQG, sustentando assim a alteração dos ponderadores.

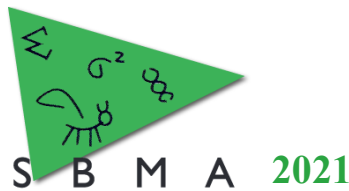
Literatura citada

Brumatti R.C., Ferraz J.B.S., Eler J.P., Formigoni I.B. 2011. Desenvolvimento de índice de seleção em gado de corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. **Archivos de Zootecnia**, 60, 205-213.

Hudson G.F.S.; Van Vleck L.D. 1981. Relations between production and stayability in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, 64, 2246-2250.

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

Portes, J.V., Menezes, G.R.O., MacNeil, M.D., da Silva, L.O., Gondo, A., Braccini Neto, J. 2020. Selection indexes for Nelore production systems in the Brazilian Cerrado. **Livestock Science**, 242, 104309.



Estimação de parâmetros genéticos para características dependentes do sexo relacionadas a eficiência reprodutivas em bovinos da raça Nelore

Felipe Eguti de Carvalho^{1*}, Fernando de Oliveira Bussiman², Luiz Fernando Brito³, Fernando A. Cançado¹, Gabriel C. Medeiros¹, Fernanda Scheneberguer¹, Caroline A. Almeida¹, Rafael Espigolan¹, Elisângela C. Mattos Oliveira¹, Joanir Pereira Eler¹, José Bento Sterman Ferraz¹

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil.

²Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ/USP), São Paulo, SP, Brasil.

³Purdue University, Department of Animal Sciences, West Lafayette, IN, Estados Unidos.

*Autor correspondente: *felipe.eguti@usp.br*

Resumo: Objetivou-se com o desenvolvimento deste estudo estimar os parâmetros genéticos de características reprodutivas dependentes do sexo, relacionadas a precocidade em bovinos da raça Nelore. As informações fenotípicas são oriundas do programa de melhoramento genético da raça Nelore da Agropecuária CFM. Informações de pedigree contendo 600.000 animais. As características fenotípicas do estudo para novilhas e vacas são: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), *Stayability* (capacidade de permanência no rebanho até 4 anos - STAY) e recria das fêmeas, divididas em: *Rebreeding* geral das fêmeas (REB), *Rebreeding* das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), e *Rebreeding* das novilhas precoces (REBA). A característica para os touros é a circunferência escrotal (CE) medida em centímetros. A estimação dos componentes de (co)variância e herdabilidade foi feita a partir do modelo *single-step GBLUP* e inferência Bayesiana. As estimativas de herdabilidade foram de 0,16, 0,17, 0,20, 0,20, 0,39 e 0,40, para REBA, STAY, REB, REBB, PP14 e CE, respectivamente. As estimativas de correlação genética para as características dependentes do sexo variaram de 0,18 a 0,83. Portanto, seleção genética para essas características deverá aumentar e melhorar a eficiência reprodutiva dos animais da raça Nelore.

Palavras-chave: Precocidade, Associação, Produtividade da fêmea

Estimation of genetic parameters for sex-dependent traits related to reproductive efficiency in Nelore cattle

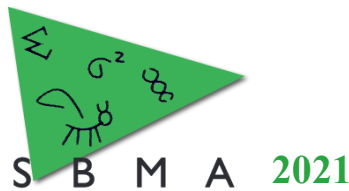
Abstract: The objective of this study was to estimate genetic parameters for sex-dependent reproductive traits related to reproductive efficiency in Nelore cattle. The phenotypic dataset belongs to the Agropecuária CFM Genetic Improvement Program for the Nelore breed. The pedigree file contained 600,000 animals. The traits included in the study for heifers and cows are: the probability of pregnancy at 14 months (PP14), stayability (capacity to remain in the herd up to 4 years - STAY), general rebreeding of females (REB), rebreeding of females firstly bred at two years old (REBB), and rebreeding of precocious heifers (REBA). The bull trait is scrotal circumference (SC) measured in centimeters. The (co)variance and heritability components were estimated using the ssGBLUP model and Bayesian inference. The heritability estimates were 0.16, 0.17, 0.20, 0.20, 0.39, and 0.40 for REBA, STAY, REB, REBB, PP14, and CE, respectively. Genetic correlation estimates for sex-dependent traits ranged from 0.18 to 0.83. Therefore, genetic selection for these traits should improve the reproductive efficiency of Nelore animals.

Keywords: Precocity, Association, Female Productivity

Introdução

Um dos grandes problemas que acometem os sistemas de bovinos de corte, quase sempre está relacionada à eficiência reprodutiva dos animais do rebanho (FERRAZ; DE FELÍCIO, 2010). Desta forma, a estimativa de herdabilidade e correlações genéticas para características de fertilidade, torna-se relevante, pois permite a predição do sucesso da seleção e auxilia na definição de critérios de seleção. Neste sentido, características de maior importância econômica devem ser priorizadas e combinadas em um índice de seleção, a fim de aumentar a lucratividade da indústria.

Apesar da importância das características reprodutivas na vida do animal e no sistema de produção, há dificuldade em empregá-las nos programas de melhoramento genético devido aos problemas de mensuração e às baixas correlações genéticas com outras características. Outro problema com relação às características reprodutivas é o fato de as mesmas se expressarem em apenas um sexo e tardiamente na vida



do animal (ABREU SILVA et al., 2018). Deste modo, objetivou-se com o desenvolvimento deste estudo estimar os parâmetros genéticos e correlações genéticas de características reprodutivas dependentes do sexo, relacionadas a precocidade em bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

As informações fenotípicas são oriundas do programa de melhoramento genético da raça Nelore da Agropecuária CFM, localizadas nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul, Brasil. Estes dados estão sob responsabilidade do GMABT da FZEA de Pirassununga, São Paulo, que é parte do Núcleo de Apoio à Pesquisa em Melhoramento Animal, Biotecnologia e Transgenia da Universidade de São Paulo (USP). Informações de pedigree contendo aproximadamente 600.000 animais de 10 gerações foram utilizadas para a construção da matriz de relacionamento genético aditivo. As características medidas em novilhas e vacas são: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), stayability (capacidade de permanência no rebanho até 4 anos - STAY4) e recria das fêmeas (prenhez após o primeiro parto), divididas em: rRebreeding geral das fêmeas (REB), rebreeding das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), e rebreeding das novilhas precoces (REBA). Considerado sucesso o valor 1 e fracasso valor 0. A característica medida nos touros é a circunferência escrotal (CE), medida em centímetros. Grupos de contemporâneos (GC) com menos de dois touros ou formados por animais com genealogia desconhecida foram removidos das análises, assim como informações fenotípicas que desviaram 3,5 desvio-padrão da média da característica em questão.

As informações de aproximadamente 7.303 animais genotipados para 43.135 SNPs (single nucleotide polymorphism) foram utilizadas. Os critérios de controle de qualidade foram realizados pelo pacote PREGSf90 (AGUILAR et al., 2014).

O modelo utilizado para a estimativa de parâmetros genéticos incluiu o efeito aleatório genético aditivo direto e efeito fixo de GC. As estimativas dos componentes de (co) variâncias e os parâmetros genéticos (Tabela 1 e 2) foram estimados na análise bi-característica pelo método de amostragem de Gibbs – THRGIBBS1F90 (MISZTAL et al., 2002). Para a inferência bayesiana foi gerado uma única cadeia (MCMC) com 800.000 amostras, foram descartadas as primeiras 200.000 amostras (burn-in), as amostras remanescentes foram salvas em um intervalo de 100 amostras. Consequentemente, a inferência foi feita sobre 6.000 amostras da distribuição a posteriori dos parâmetros.

Resultados e Discussão

Na tabela 1 são apresentados o número de animais avaliados, a média fenotípica e estatística descritivas das características, além do número de GC para as características dependentes do sexo.

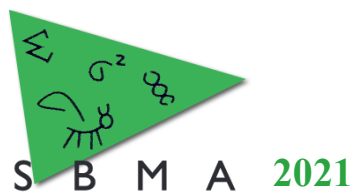
Tabela 1. Número de registros fenotípicos (N), estatística descritiva e média posterior [Intervalo de densidade posterior mais alto (HPD intervalo)], números de contemporâneos (NGC) e componentes de variância estimados para as características dependentes do sexo

Características	N	Média	MIN	MÁX	DP	Média [HPD Intervalo (5%-95%)]		NGC
						σ_u^2 ¹	σ_e^2 ²	
REB (0;1)	65.836	0,52	0,00	1,00	0,49	0,14 [0,12-0,17]	1,00 [0,99-1,02]	191
REBB (0;1)	59.675	0,55	0,00	1,00	0,49	0,13 [0,10-0,15]	1,00 [0,99-1,01]	192
REBA (0;1)	8.152	0,31	0,00	1,00	0,46	0,20 [0,09-0,30]	1,00 [0,97-1,04]	113
PP14 (0;1)	35.070	0,18	0,00	1,00	0,39	0,76 [0,61-0,91]	1,00 [0,98-1,02]	94
STAY (0;1)	97.197	0,27	0,00	1,00	0,45	0,21 [0,17-0,23]	1,00 [0,99-1,01]	201
CE (cm)	98.096	26,57	10,00	44,00	3,50	2,98 [2,81-3,13]	4,10 [3,94-4,17]	403

¹ σ_u^2 : Variância genética aditiva; ² σ_e^2 : Variância residual; *Rebreeding* das vacas (REB), *Rebreeding* das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), *Rebreeding* das novilhas precoces (REBA), probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), *Stayability* (STAY4) e circunferência escrotal (CE).

Na tabela 2 apresenta as estimativas de herdabilidade compreendida na diagonal principal, as correlações genéticas abaixo da diagonal principal e as correlações fenotípicas apontadas acima da diagonal principal para as características dependentes do sexo.

Tabela 2. Correlações genéticas (r_g , abaixo da diagonal), herdabilidades na diagonal principal [Intervalo de densidade posterior mais alto (HPD intervalo)] e correlações fenotípicas (r_p , acima da diagonal) entre as características dependentes do sexo.



h^2	REB (0;1)	REBB (0;1)	REBA (0;1)	PP14 (0;1)	STAY (0;1)	CE (cm)
REB	0,20 [0,10;0,14]	0,11	0,20	0,10	0,75	0,10
REBB	0,74	0,20 [0,16;0,22]	0,11	0,11	0,10	0,10
REBA	0,72	0,73	0,16 [0,09;0,24]	0,14	0,32	0,11
PP14	0,45	0,47	0,46	0,39 [0,34;0,43]	0,38	0,16
STAY	0,83	0,35	0,72	0,62	0,17 [0,15;0,19]	0,10
CE	0,18	0,20	0,30	0,35	0,26	0,40 [0,38;0,42]

¹ h^2 : Herdabilidade (Diagonal principal); Rebreeding das vacas (REB), Rebreeding das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), Rebreeding das novilhas precoces (REBA), probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), Stayability (STAY4) e circunferência escrotal (CE).

As médias posteriores de herdabilidade para as características REB, REBB e REBA foram de média magnitude, dentro da faixa relatada na literatura em bovinos Nelore (0,17 a 0,25; Silva, et al., 2002; Terakado, et al., 2018). Para PP14 e STAY variaram da mesma forma, de média a alta magnitude, também com concordância ao encontrado na literatura 0,40 e 0,23, respectivamente (ABREU SILVA et al., 2018; KLUSKA et al., 2018). Terakado et al. (2018) reportaram herdabilidades variando de 0,35 a 0,40, para medidas de comprimento escrotal em diferentes idades, valores próximos a característica dependente ao sexo dos machos (CE), a média posterior de herdabilidade foi alta magnitude. As médias posteriores de herdabilidade obtida neste estudo indica que as características tem variabilidade genética suficiente, apesar que as características reprodutivas podem ser influenciadas por efeitos ambientais, o que sugere a longo prazo, que ao colocar essas características a seleção, melhorando os aspectos ambientais e combiná-las em um índice de seleção podem melhorar a eficiência reprodutiva na raça Nelore.

As estimativas de correlação genética para as características dependentes do sexo foram de média a alta magnitude. Portanto, combinar essas características e selecionar deverá aumentar e melhorar a eficiência reprodutiva dos animais da raça Nelore. Nas análises de correlação genética entre reconcepção da fêmea (REB, REBB e REBA) e PP14 e STAY, apresentaram correlações importantes de alta magnitude, corroborando com Beretta et al. (2001), onde relatam que a eficiência reprodutiva está ligada com a idade precoce de primeiro parto, pelo fato dessa fêmea em deixar um produto mais cedo na fazenda e conseguindo se permanecer produtiva na fazenda, o que impacta positivamente na lucratividade dos sistemas de produção.

Conclusão

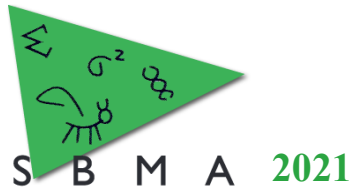
Todas as características avaliadas são herdáveis e podem ser melhoradas através de seleção genética. Os valores de correlações obtidas sugerem que seleção direta dessas características poderá melhorar a eficiência reprodutivas, pois as vacas que emprenham mais cedo e recriam no segundo parto, tendem a permanecer produtivas no rebanho, além da seleção indireta para característica dependente do macho, como circunferência escrotal, com correlações genéticas de média a alta magnitude. Neste sentido, este estudo serve de aporte para programas de melhoramento de bovinos de corte, em relação a combinação dessas características, no índice de seleção, principalmente em fazendas de sistema de cria, o qual tem como objetivo produzir um produto/vaca/ano.

Agradecimentos

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo apoio no processo 2019/25266-0.

Literatura citada

- AGUILAR, I. et al. PREGSF90 – POSTGSF90: Computational Tools for the Implementation of Single-step Genomic Selection and Genome-wide Association with Ungenotyped Individuals in BLUPF90 Programs. In: 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, August, **Anais...**2014.
- ABREU SILVA, B. C. et al. Genetic association between mature weight and early growth and heifer pregnancy traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 211, p. 61–65, 2018.
- BERETTA, V.; LOBATO, J. F. P.; MIELITZ NETTO, C. G. A. Produtividade e Eficiência Biológica de Sistemas Pecuários de Cria Diferindo na Idade das Novilhas ao Primeiro Parto e na Taxa de Natalidade do Rebanho no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 4, p. 1278–1286, 2001.
- FERRAZ, J. B. S.; DE FELÍCIO, P. E. Production systems – An example from Brazil. **Meat Science**, v. 84, n. 2, p. 238–243, 2010.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). **Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, v. 28, p. 21–22, 2002.
- KLUSKA, L. O. C. S. et al. Estimation of genetic parameters for probability of calving up to 39 months of age, stayability and scrotal circumference in Nelore cattle. **Livestock Research for Rural Development**, v. 30, n. 85, 2018.
- TERAKADO, A. P. N. et al. Genetic associations between scrotal circumference and female reproductive traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 1, p. 2706–2713, 2018.



Estimação de parâmetros genéticos para características seminais e de aptidão andrológica em touros da raça Nelore

Felipe Eguti de Carvalho^{1*}, Fernando de Oliveira Bussiman², Luiz Fernando Brito³, Victor Breno Pedrosa³, José Domingos Guimarães⁴, Marcio Ribeiro Silva⁵, Fernando A. Caçado¹, Bárbara C. Abreu Silva¹, Alisson S. Acero Valderrama¹, Elisângela C. Mattos Oliveira¹, Joanir Pereira Eler¹, José Bento Sterman Ferraz¹

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, Brasil.

²Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ/USP), São Paulo, SP, Brasil.

³Purdue University, Department of Animal Sciences, West Lafayette, IN, Estados Unidos.

⁴Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

⁵Melhor Animal Consultoria Ltda, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: felipe.eguti@usp.br

Resumo: Objetivou-se com esse estudo estimar parâmetros genéticos para aptidão andrológica e características seminais em touros da raça Nelore. Informações fenotípicas de mais de 36.000 touros para as características aptidão andrológica (AP_ANDRO) e características de sêmen, incluindo volume do ejaculado (VOL_EJAC; mL), aspecto seminal (ASPEC_SMN), turbilhonamento ou movimento de massa dos espermatozoides (SPTZ) (TURB; 0 a 5), e motilidade retilínea dos espermatozoides (MOT; %) foram usadas para o estudo. As estimativas dos componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados através de análises bi-características e inferência Bayesiana. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,10 a 0,69 para VOL_EJAC e AP_ANDRO, respectivamente. As estimativas de correlações genéticas de AP_ANDRO com TURB, ASPEC_SMN, MOT e VOL_EJAC foram de 0,12, 0,33, 0,35, 0,87, respectivamente. Portanto as características de qualidade de sêmen são herdáveis e podem ser melhoradas através de seleção genética. Além disso, a seleção para animais que apresentam melhor qualidade e quantidade do ejaculado, resultará em melhoria em aptidões andrológicas.

Palavras-chave: Sêmen, reprodução, fertilidade, macho

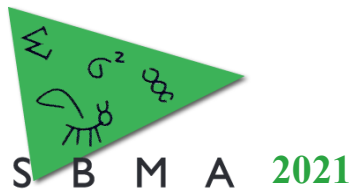
Estimation of genetic parameters for andrological fitness and semen traits in Nelore cattle

Abstract: This study aimed to estimate genetic parameters for andrological fitness and semen traits in Nelore bulls. Phenotypic records from over 36,000 bulls for the traits andrological fitness (AP_ANDRO) and semen traits, including ejaculate volume (VOL_EJAC; mL), seminal aspect (ASPEC_SMN), whirling or sperm mass movement (TURB; 0 to 5), and spermatozoa straight motility (MOT; %). (Co)Variance components and genetic parameters were estimated through bi-trait analysis and Bayesian inference. The heritability estimates ranged from 0.10 to 0.69 for VOL_EJAC and AP_ANDRO, respectively. Estimates of genetic correlations of AP_ANDRO with TURB, ASPEC_SMN, MOT, and VOL_EJAC were 0.12, 0.33, 0.35, and 0.87, respectively. Therefore, semen quality traits are heritable and can be improved through genetic selection. Selection for animals that have better quality and quantity of ejaculate is expected to result in an increase of andrological abilities.

Keywords: Semen, reproduction, fertility, male,

Introdução

A qualidade do sêmen pode afetar diretamente a taxa de concepção e, conseqüentemente, a rentabilidade da produção pecuária (Oliveira et al., 2012). Além dos problemas relacionados à fertilidade da fêmea, a baixa qualidade e quantidade de sêmen contribui para um percentual significativo de falhas reprodutivas (DEJARNETTE et al., 2004). Portanto, o melhoramento genético para características de qualidade do sêmen pode aumentar a taxa de concepção, reduzindo os custos com reprodução (GEBREYESUS et al., 2021), e melhorar a sustentabilidade do sistema de produção de gado de corte. Deste modo, objetivou-se com esse estudo estimar parâmetros genéticos para aptidão andrológica e características seminais em touros da raça Nelore.



Material e Métodos

As informações fenotípicas são oriundas do programa de melhoramento genético da raça Nelore da Agropecuária CFM, localizado nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul, Brasil. Estes dados estão sob responsabilidade do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos de Pirassununga, São Paulo, que é parte do Núcleo de Apoio à Pesquisa em Melhoramento Animal, Biotecnologia, e Transgenia da Universidade de São Paulo (USP). Informações de pedigree contendo aproximadamente 600.000 animais de até 10 gerações foram utilizados para a construção da matriz de relacionamento genético aditivo. Os critérios de controle de qualidade (CQ) foram realizados pelo pacote PREGSf90 (AGUILAR et al., 2014). Após o CQ restaram 7.303 animais genotipados, em densidade de 44.135 SNPs (*single nucleotide polymorphisms; Beadchips Bovine GGP-HDi*).

As características fenotípicas do estudo são: aptidão andrológica (AP_ANDRO), onde foi dividido em 4 categorias classificatórias: inapto, inapto temporário, apto a monta natural e apto. As características de sêmen são volume do ejaculado (VOL_EJAC – mL), aspecto seminal (ASPEC_SMN), divididos em quatro categorias: cremoso (1), leitoso (2), aquoso (3) e opalescente (4), turbilhamento ou movimento de massa dos espermatozoides (TURB – score de 0 a 5) e motilidade retilínea dos espermatozoides (MOT - %). Grupos de contemporâneos (GC) com menos de dois touros ou formados por animais com genealogia desconhecida foram removidos das análises, assim como informações fenotípicas que desviaram 3,5 desvio-padrão da média de cada característica.

O modelo utilizado para a estimativa de parâmetros genéticos incluiu o efeito aleatório genético aditivo direto e efeito fixo de GC, e idade à coleta do sêmen como efeito linear e quadrático como covariáveis. As estimativas dos componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados através de análises bi-características pelo método de amostragem de Gibbs – THRGIBBS1F90 (MISZTAL et al., 2002). O modelo single- step GBLUP (ss GBLUP; AGUILAR et al. 2010) é uma modificação do BLUP com numerador da matriz de parentesco \mathbf{A}^{-1} substituído por \mathbf{H}^{-1} . O modelo utilizado é representado pela seguinte equação:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

Onde: \mathbf{y} = vetor de variáveis dependentes; $\boldsymbol{\beta}$ = vetor de efeitos fixos; \mathbf{X} = matriz de incidência associando $\boldsymbol{\beta}$ com \mathbf{y} ; \mathbf{g} = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo; \mathbf{Z} = matriz de incidência associando \mathbf{g} com \mathbf{y} ; e \mathbf{e} = vetor dos efeitos residuais. Para obtenção das estimativas de correlações genéticas foi utilizado o modelo bi-característica:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

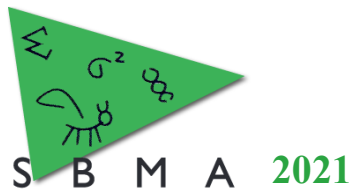
Para as características categóricas, *a priori* foram consideradas as distribuições dos vetores \mathbf{y} , \mathbf{a} e \mathbf{e} : $\mathbf{y} \sim MVN(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a})$; $\mathbf{a} | \mathbf{G} \sim MVN(0, \mathbf{H} \otimes \mathbf{G})$; $\mathbf{e} | \mathbf{R} \sim MVN(0, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R})$ em que: \mathbf{H} é a matriz de coeficientes de parentesco entre os animais obtidos a partir das análises de passo único (ssGBLUP); \mathbf{R} é a matriz de variância residual; \mathbf{I} é uma matriz identidade; \mathbf{G} é matriz de (co)variância genética aditiva e \otimes é o produto de *Kronecker*. Para os efeitos fixos foi definida uma distribuição *a priori* uniforme. Para a inferência bayesiana foi gerado uma única cadeia (MCMC) com 800.000 amostras e foram descartadas as primeiras 200.000 amostras (burn-in). As amostras remanescentes foram salvas em um intervalo de 100 amostras. Consequentemente, a inferência foi feita sobre 6.000 amostras da distribuição a posteriori dos parâmetros.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentados o número de animais avaliados, a média fenotípica das características, as herdabilidades das características de aptidão andrológica, características seminais e as correlações genéticas entre todas as características deste estudo.

Tabela 1. Estatística descritiva, números de contemporâneos, herdabilidades e correlações genéticas entre aptidão andrológica (característica 1) e características seminais (característica 2).

Características ¹	N	NGC	Média	h ²	rg _a	DP
				2	1	2



AP_ANDRO-ASPC_SMN (1-4)	36.318	256	2,88	0,83	0,39	0,33	0,05
AP_ANDRO-MOT (%)	36.960	269	68,74%	0,69	0,20	0,35	0,02
AP_ANDRO-TURB (0-5)	33.771	256	1,1	0,88	0,18	0,12	0,03
AP_ANDRO-VOL_EJAC (mL)	37.111	271	5,22mL	0,68	0,18	0,87	0,01

¹AP_ANDRO: Aptidão andrológica; ASPC_SMN: Aspecto seminal; MOT: Motilidade retilínea do SPTZ; TURB: Turbilhonamento dos SPTZ; VOL_EJAC: Volume do ejaculado; N: Número de registros fenotípicos; NGC: Número de grupos contemporâneos.

As médias posteriores de herdabilidade para as características de aptidão andrológica e seminais variaram de 0,18 a 0,69 para volume do ejaculado e aptidão andrológica, respectivamente. Portanto as características tem variabilidade genética suficiente, apesar que podem ser influenciadas por efeitos ambientais, o que sugere a longo prazo, que ao colocar essas características a seleção, melhorando os aspectos ambientais e combiná-las em um índice de seleção podem melhorar a qualidade do sêmen na raça Nelore.

As estimativas de correlações genéticas de AP_ANDRO com VOL_EJAC, MOT, TURB e ASPC_SMN foram de baixa a alta magnitude. Portanto a seleção para animais que apresentam melhor a qualidade e quantidade do ejaculado, poderá aumentar o número de touros com melhores aptidões andrológicas. Sugere-se que problemas relacionados à fertilidade da fêmea, esteja ligado a baixa qualidade e quantidade de sêmen contribui para um percentual significativo de falhas reprodutivas (DEJARNETTE et al., 2004). Desta forma, poderá aumentar o número de touros aptos e além de melhorar a qualidade de sêmen, impactando diretamente na disponibilidade de maiores bancos de genética e na fertilidade dos rebanhos. Em estudos com touros da raça Nelore, encontraram correlações genéticas favoráveis da classificação de touros aptos com motilidade, vigor e turbilhonamento, bem como com defeitos espermáticos e peso corporal (VALE FILHO et al., 1999; DIAS et al., 2006).

Conclusão

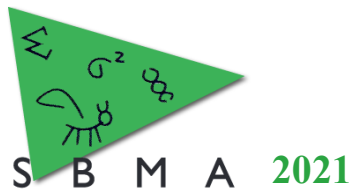
As características de qualidade de sêmen e aptidão andrológica são herdáveis. Os valores de correlação genética obtidos sugerem que seleção direta para qualquer uma das características seminais, possivelmente irá aumentar o número de touros aptos para reprodução, pois a correlação entre essas características é de magnitude moderada a alta. A seleção para características de sêmen tem impacto relevante na fertilidade e mais estudos devem ser realizados, a fim de melhorar a disponibilidade de sêmen de qualidade e maior diversidade de touros aptos disponíveis, além que poderá auxiliar programas de melhoramento genético no aporte de informações.

Agradecimentos

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo apoio no processo 2019/25266-0.

Literatura citada

- AGUILAR, I. et al. PREGSF90 – POSTGSF90: Computational Tools for the Implementation of Single-step Genomic Selection and Genome-wide Association with Ungenotyped Individuals in BLUPF90 Programs. In: 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, August, **Anais...**2014.
- BERRY, D.P. et al. Genetics of bull semen characteristics in a multi-breed cattle population. **Theriogenology**, v.123, p.202–208, 2019.
- BUTLER, M. L. et al. Selection for bull fertility: A review. **Translational Animal Science**, v. 4, n. 1, p. 423–441, 2020.
- DEJARNETTE, J. M. et al. Sustaining the fertility of artificially inseminated dairy cattle: The role of the artificial insemination industry. **Journal of Dairy Science**, v. 87, n. SUPPL. 1, p. E93–E104, 2004.
- DIAS, J. C. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros Nelore, de dois e três anos de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 58, n. 3, p. 388–393, 2006.
- GEBREYESUS, G. et al. Genetic parameters of semen quality traits and genetic correlations with service sire nonreturn rate in Nordic Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**, 2021.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). **Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, v. 28, p. 21–22, 2002.
- OLIVEIRA, L. Z. et al. Assessment of field fertility and several in vitro sperm characteristics following the use of different Angus sires in a timed-AI program with suckled Nelore cows. **Livestock Science**, v. 146, n. 1, p. 38–46, 2012.
- VALE FILHO, V.R.; QUIRINO, C.R.; ANDRADE, V.J.; REIS, S.R.; MENDONÇA, R. Parâmetros genéticos da classificação andrológica por pontos (CAP), em touros da raça Nelore. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, v. 23, p. 253-255, 1999.



Caracterização das corridas de homozigose no genoma de bovinos da raça Hereford

Darilene Ursula Tyska^{1*}, Alexandra Fabielle Pereira Viana¹, Karine Aparecida Rodrigues de Souza¹,
Gabriel Soares Campos², Fernando Flores Cardoso³, José Braccini Neto¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil.

³Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil.

*Autor correspondente: darilenetyska@gmail.com

Resumo: A raça Hereford tem sido selecionada no Brasil, entre outras características, pela sua capacidade de produzir carne de qualidade superior. Contudo, a pressão de seleção ocorrida ao longo do tempo, contribuiu para o aumento da consanguinidade e perda da diversidade genética, caracterizada por longos trechos homozigotos consecutivos no genoma, conhecido como corridas de homozigose (ROH). O objetivo deste trabalho foi estimar o comprimento e distribuição das ilhas ROH e identificar genes de interesse para seleção nessas regiões, em bovinos da raça Hereford. O banco de genótipos continha 371.571 SNPs, com 3.183 animais. As ROHs foram calculadas considerando diferentes comprimentos do genoma: 1-2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 8-16 Mb e >16 Mb. As ROHs <8 Mb prevaleceram no genoma, perfazendo 78,65% de todas as ROHs detectadas. Nas ilhas de autozigosidade foram identificados genes que compõem processos biológicos, ligados às características de qualidade de carne, fertilidade de touros, genes ligados à expressão da pelagem padrão da raça (KIT), na via metabólica do câncer associou genes relacionados a ocorrência de carcinoma ocular. As ilhas de ROH podem ser utilizados para identificar regiões genômicas com baixa diversidade genética.

Palavras-chave: autozigosidade, *Bos taurus*, bovinos, carcinoma ocular, ROH.

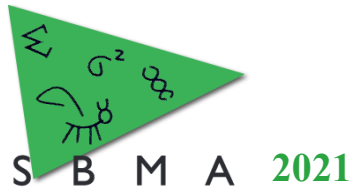
Characterization of runs of homozygosity in Hereford cattle genome

Abstract: Hereford breed has been selected in Brazil, among other characteristics, for its ability to produce superior quality meat. However, the selection pressure over time contributed to the increase in inbreeding and loss of genetic diversity, characterized by long consecutive homozygous stretches in the genome, known as runs of homozygosity (ROH). The objective of this work was to estimate the length and distribution of the ROH islands and identify genes of interest for selection in these regions, in Hereford cattle. The genotype bank consisted of 3,247 animals. ROHs were calculated considering different genome lengths: 1-2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 8-16 Mb and >16 Mb. ROHs <8 Mb prevailed in the genome, accounting for 78.65% of all the detected ROHs. In the islands of autozygosity, genes were identified that compose biological processes, linked to the characteristics of meat quality, bull fertility, genes linked to the expression of the breed standard coat (KIT), in the cancer metabolic pathway associated genes related to the occurrence of ocular carcinoma. The islands of ROH can be used to identify genomic regions with low genetic diversity.

Keywords: autozygosity, *Bos taurus*, cattle, ocular carcinoma, ROH.

Introdução

A raça Hereford tem sido selecionada no Brasil, entre outras características, pela sua capacidade de produzir carne de qualidade superior. Contudo, a pressão de seleção ocorrida ao longo do tempo, contribuiu para o aumento da endogamia e perda da diversidade genética, caracterizada por longos trechos homozigotos consecutivos no genoma, conhecido como corridas de homozigose (ROH). A ocorrência de ROH não é distribuída aleatoriamente pelo genoma, e alguns picos são mais compartilhados pelos indivíduos (ilhas de ROH), o que provavelmente é causado pela pressão de seleção nas raças (Zhang et al., 2015), distinguindo regiões do genoma com baixa diversidade. O comprimento das ROHs está relacionado ao número de gerações até o ancestral comum, onde longos segmentos sugerem acasalamentos endogâmicos recentes, ao longo das gerações esses segmentos tendem a sofrer recombinações, resultando



em segmentos cada vez mais curtos sugerindo uma endogamia recente (Howrigan et al. 2011). O objetivo deste trabalho foi estimar o comprimento e distribuição das ROH e identificar genes nessas regiões altamente compartilhadas nos bovinos da raça Hereford.

Material e Métodos

Bovinos provenientes do Programa de Melhoramento da Conexão Delta G (Conexão Delta G, Dom Pedrito/RS, Brasil) foram utilizados neste estudo. Após o controle de qualidade os genótipos dos painéis de menor densidade (27K, 30K, 50K, 150K) foram imputados para o painel de alta densidade (777K), resultando em 371.571 polimorfismos de base única (SNPs), com 3.183 animais, sendo 1.427 machos e 1.756 fêmeas. A identificação das ROHs foi realizada com o software PLINK v1.90 (Purcell et al., 2007) e os parâmetros e limiares utilizados foram: uma janela deslizante de intervalos 50 SNPs, com uma taxa de acerto de pelo menos 0,05. Para considerar uma ROH, foi permitido cinco genótipos ausentes e até dois heterozigotos. O comprimento mínimo de uma ROH foi estabelecido em 1 Mb, contendo 30 SNPs consecutivos ou mais, com um intervalo máximo de distância de 1 Mb entre eles, com pelo menos um SNP por 120 kb. Posteriormente, 1% dos SNPs mais frequentes (ilhas de ROH) foram selecionados, para realizar a prospecção gênica e após foi alinhado com o genoma de referência ARS-UDC 1.2 usando a ferramenta ENSEMBL (<http://www.ensembl.org/info/docs/tools/vep/index.html>). Para identificar as funções moleculares e processos biológicos relacionados aos genes significantes ($p < 0,05$), foi utilizado a ferramenta DAVID (<https://david.ncicrf.gov/>).

Resultados e Discussão

As corridas de homozigose foram identificadas em todos os animais e revelaram que os segmentos curtos prevaleceram no genoma (ROH_{1-2 Mb} e ROH_{2-4 Mb}). As ROHs curtas e médias representaram cerca de 78,65% de todos os ROHs detectados, indicando eventos de endogamia antigos, provavelmente da formação da raça. As ROHs longas (ROH_{8-16 Mb} e ROH_{>16 Mb}) foram menos abundantes no genoma, 6% (Tabela 1).

Tabela 1. Estatística descritiva do tamanho dos segmentos (classes) das corridas de homozigose (ROH).

Classe	Número de ROH	Percentual	Comprimento médio	Desvio Padrão
ROH _{1-2 Mb}	162.929	49,377	1,380	0,281
ROH _{2-4 Mb}	96.598	29,275	2,810	0,561
ROH _{4-8 Mb}	50.437	15,285	5,495	1,103
ROH _{8-16 Mb}	15.859	4,806	10,665	2,131
ROH _{>16 Mb}	4.148	1,257	24,661	10,310

Os cromossomos 21, 6, 2 e 16 concentraram a maior frequência de SNPs em uma ROH na população (Figura 1). A análise funcional e ontologia de genes (GO) identificou: (i) processo biológico, a morfogênese dendrítica (GO:0048813), adesão de células homofílicas via moléculas de adesão de membrana plasmática (GO:0007156), homeostase celular do íon de cálcio (GO:0006874); (ii) componente celular, vacúolo (GO:0005773), lado externo da membrana plasmática (GO:0009897), pré-sinapse (GO:0098793), componente integral da membrana plasmática (GO:0005887), dentride (GO:0030425); (iii) função molecular, atividade ATPase de transporte de cátions (GO:0019829), atividade beta-galactosidase (GO:0004565), ligação de lipídios (GO:0008289) com genes da família BPIF e DB1 associados a características de qualidade da carne (Yoon; Ko, 2016), ligação de íons de cálcio (GO:0005509) foi relacionado a fertilidade de touros (Peñagaricano et al., 2013). Foram identificadas (iv) vias metabólicas, (a) sinapse serotoninérgica, (b) endocitose, (c) metabolismo central do carbono no câncer onde destaca-se os genes, KIT e PGGRFA no cromossomo 6 e o gene MTOR no cromossomo 16. O gene KIT com a presença gênica do alelo s^H é responsável pela expressão do padrão de pelagem Hereford. Estudos anteriores realizados por Gross & MacNeil (1999), sugerem que a combinação do gene KIT com alelo s^H pode alterar a expressão de genes próximos, acarretando mutações, causando anemia, carcinoma de células escamosas ocular.

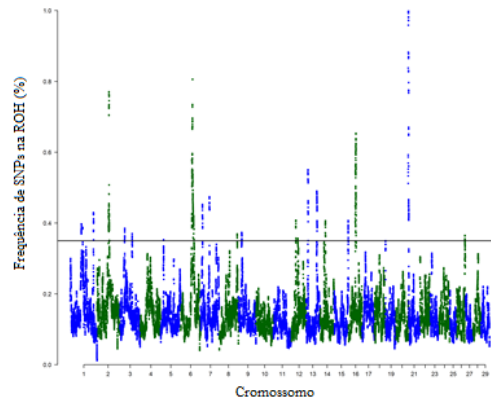


Figura 1. Gráfico *Manhattan* ilustrando a frequência dos segmentos homocigotos sobrepostos no genoma da raça Hereford. A linha representa top 1% da frequência dos SNPs em uma corrida de homocigose (ROH). Os SNPs acima da linha correspondem as ilhas de ROH.

Conclusão

A raça Hereford apresenta regiões genômicas com baixa diversidade no cromossomo 13 e 2 contendo genes relacionadas as características de qualidade da carne, e no cromossomo 6 com destaque para o padrão de pelagem da raça, além de genes relacionados a vias metabólicas do câncer.

Agradecimentos

Os autores agradecem a Embrapa pela concessão dos dados, a conexão Delta G, a Associação Brasileira de Hereford e Braford, a CAPES e CNPq pelas bolsas de estudo.

Literatura citada

- Grosz M.D. & MacNeil M.D. 1999. The "spotted" locus maps to bovine chromosome 6 in a Hereford-Cross population. **The Journal of Heredity**, 90, 233-236.
- Howrigan DP, Simonson MA, Keller MC. 2011. Detecting autozygosity through runs of homozygosity: A comparison of three autozygosity detection algorithms. **BMC Genomics**, 12, 1-15.
- Peñagaricano, F., Weigel, K., Rosa, G. J., & Khatib, H. 2013. Inferring quantitative trait pathways associated with bull fertility from a genome-wide association study. **Frontiers in genetics**, 3, 307.
- Purcell S., Neale B., Todd-brown K., Thomas L., Ferreira M. A. R., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P. I. W., Daly M. J. & Sham P. C. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **The American Journal of Human Genetics**, 81, 559–575.
- Yoon, D., Ko, E. 2016. P5061 Association study between SNPs of the genes within bovine QTLs and meat quality of Hanwoo. **Journal of Animal Science**, 94, 145-145.
- Zhang Q, Calus MPL, Gulbrandtsen B, Lund MS, Sahana G. 2015. Estimation of inbreeding using pedigree, 50k SNP chip genotypes and full sequence data in three cattle breeds. **BMC Genetics**, 16, 1-11.



Identificação da distribuição de ilhas de homozigose em bovinos de corte da raça Braford

Darilene Ursula Tyska^{1*}, Karine Aparecida Rodrigues de Souza¹, Alexandra Fabielle Pereira Viana¹,
Gabriel Soares Campos², Fernando Flores Cardoso³, José Braccini Neto¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil.

³Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil.

*Autor correspondente: darilenetyska@gmail.com

Resumo: As corridas de homozigose (ROH) são segmentos contínuos do genoma que surgiram como resultado da endogamia, resultando na herança de haplótipos idênticos de ambos os pais que compartilharam um ancestral comum. Essas regiões podem ser utilizadas para identificar genes associados a características de interesse. Por tanto, o objetivo deste trabalho foi analisar o comprimento e a distribuição das ilhas de ROH e identificar os principais processos biológicos em bovinos de corte da raça Braford, sendo um total de 3.854 animais e 494.48 SNPs. As ROHs foram calculadas considerando diferentes comprimentos do genoma: 1-2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 8-16 Mb e >16 Mb. A partir da identificação das ilhas de ROH foram identificados os processos biológicos, dos quais destacam-se o processo ligação de lipídio cujas funções têm sido associadas a qualidade da carne, e nos caminhos do câncer foram identificados os genes KIT, PDGFRA e MTOR, e na sinapse gabaérgica foi identificado o gene CACNA1A associado a fertilidade e taxa de prenhez. Os resultados contribuem para a compreensão de como a seleção pode moldar a distribuição das ilhas ROH, associadas a características importantes como a qualidade da carne, fertilidade e vias metabólicas, possivelmente ligadas as características que estão sob seleção na raça.

Palavras-chave: autozigose, *Bos taurus*, corridas de homozigose, genes, raça sintética.

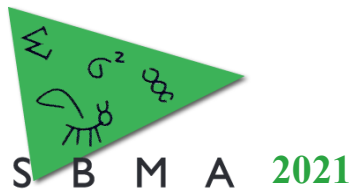
Identification of the distribution of runs of homozygosity islands in Braford beef cattle

Abstract: Runs of Homozygosity (ROH) are continuous segments of the genome that arose as a result of inbreeding, resulting in the inheritance of identical haplotypes from both parents who shared a common ancestor. These regions can be used to identify genes associated with traits of interest. Therefore, the objective of this work was to analyze the length and distribution of the ROH islands and identify the main biological processes in Braford beef cattle, with a total of 3,924 animals and 494,481 SNPs. The ROHs were calculated considering different genome lengths: 1-2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 8-16 Mb and >16 Mb. From the identification of the ROH islands, the biological processes of which were identified, the lipid binding process (GO:0008289) whose functions have been associated with meat quality, and cancer pathways associated with carcinoma, and in the GABAergic synapse the CACNA1A gene associated with fertility and pregnancy rate has been identified. The results contribute to the understanding of how selection can shape the distribution of ROH islands, associated with important traits such as meat quality, fertility and metabolic pathways, linked as traits that are under selection in the breed.

Keywords: autozygosity, *Bos taurus*, genes, runs of homozygosity, synthetic breed.

Introdução

O Braford é uma raça sintética de bovinos de corte, conhecida por ser uma das melhores alternativas para explorar o vigor híbrido e a complementaridade na produção de carne de qualidade em ambientes tropicais e subtropicais. O avanço da genômica no melhoramento animal possibilitou estudar o padrão da homoziguidade no genoma de várias espécies, por meio de corridas de homozigose (ROH), permitindo identificar regiões conservadas no genoma e altamente compartilhadas na população, as quais são denominadas de ilhas de ROH. O objetivo deste trabalho foi estimar o comprimento e distribuição das ilhas ROH, bem como identificar os processos biológicos associados a genes nessas regiões em bovinos da raça Braford.



Material e Métodos

Os animais utilizados neste estudo pertencem ao programa de melhoramento genético Conexão Delta G, localizado no estado do Rio Grande do Sul. Esses animais são avaliados pelo programa PampaPlus disponibilizado aos associados da Associação Brasileira de Hereford e Braford, desenvolvido junto a Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária (EMBRAPA).

Após o controle de qualidade, os genótipos dos painéis de menor densidade (27K, 30K e 50K) foram imputados para o painel de alta densidade (777K) resultando em 494.481 polimorfismos de base única (SNPs), com 3.854 animais, sendo 2.692 machos e 1.162 fêmeas. A identificação das ROHs foi realizada com o software PLINK v1.90 (Purcell et al., 2007) sendo adotados os seguintes parâmetros e limiares: uma janela deslizante de intervalos 50 SNPs, com uma taxa de acerto de pelo menos 0,05. Para considerar uma ROH, foi permitido cinco genótipos ausentes e até dois heterozigotos. O comprimento mínimo de uma ROH foi estabelecido em 1 Mb, contendo 30 SNPs consecutivos ou mais, com um intervalo máximo de distância de 1 Mb entre eles, com pelo menos um SNP por 120 Kb. Posteriormente, 1% dos SNPs mais frequentes (ilhas de ROH) foram selecionados, para realizar a prospecção gênica e após foi alinhado com o genoma de referência ARS-UDC 1.2 usando a ferramenta ENSEMBL (<http://www.ensembl.org/info/docs/tools/vep/index.html>). Para identificar as funções moleculares e processos biológicos relacionados aos genes significantes ($p < 0,05$), foi utilizado a ferramenta DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/>).

Resultados e Discussão

O comprimento total de ROH para 3.853 animais foi composto principalmente por muitos segmentos mais curtos (ROH 1-2 Mb). Esses segmentos representaram aproximadamente 55% de todas as ROHs detectadas, no entanto contribuíram com menos de 24% do comprimento cumulativo de ROH (Tabela 1). Resultado semelhante foi observado por Purfield et al. (2012) em que a maior parte da cobertura de ROH estava na classe mais curta (ROH 1-5 Mb), principalmente para as raças Angus e Hereford.

Apesar da ROH mais curta ser abundante em todo o genoma, a proporção do genoma que é coberta por ela, é relativamente pequena. As ROH maiores (ROH >16 Mb) foram pelo menos vinte e quatro vezes menos abundantes que ROH mais curtas (ROH 1-2 Mb) e ainda cobriram uma proporção maior do genoma do que ROH pequenas e médias. A presença de segmentos maiores do que 10 Mb refletem a endogamia de ancestrais comuns recentes que ocorreram apenas cinco gerações atrás (Howrigan; Simonson; Keller, 2011). Somente seis animais apresentaram até 10 segmentos homozigotos de tamanho médio de 19 Mb e trinta e nove animais apresentaram mais de 100 segmentos homozigotos de tamanho médio 335,86 Mb, indicando eventos consanguíneos recentes.

Tabela 1. Estatística descritiva do tamanho dos segmentos por classes (1-2, 2-4, 4-8, 8-16 e >16 Mb) das corridas de homozigose (ROH)

Classe	Número de ROH	Percentual (%)	Comprimento médio	Desvio Padrão	Cobertura do genoma
ROH 1-2 Mb	110.643	54,768	1,363	0,278	0,05482275
ROH 2-4 Mb	54.923	27,187	2,792	0,560	0,11223851
ROH 4-8 Mb	26.145	12,942	5,454	1,092	0,21927466
ROH 8-16 Mb	8.027	3,973	10,616	2,099	0,42674676
ROH >16 Mb	2.283	1,130	24,991	10,765	1,00464245

Foram identificados segmentos altamente compartilhados, sendo os cromossomos 6, 7 e 21 os que apresentaram maior frequência de SNPs (Figura 1). A análise de enriquecimento e ontologia de genes (GO) identificou os seguintes processos: (i) no processo biológico, a morfogênese dendrítica (GO:0048813), adesão de células homofílicas via moléculas de adesão de membrana plasmática (GO:0007156), resposta celular a espécies reativas de oxigênio (GO:0034614) e regulação positiva da montagem do cílio primário não móvel (GO:1902857); (ii) no componente celular, o microtúbulo (GO:0005874) e vacúolo (GO:0005773); (iii) na função molecular, a atividade de beta-galactosidase (GO:0004565), a ligação de lipídios (GO:0008289) com genes da família BPIF e DB1 associados a características de qualidade da carne (Yoon; Ko, 2016); e (iv) nas vias metabólicas, (a) endocitose, identificado o gene PDGFRA que tem um

papel importante na regulação de muitos processos biológicos, incluindo desenvolvimento embrionário, angiogênese, proliferação e diferenciação celular (Ma et al., 2018); (b) sinapse gabaérgica, foi identificado o gene CACNA1A associado a taxa de concepção de novilhas e taxa de prenhes em vacas leiteiras (Parker et al., 2016); (c) no caminho do câncer, identificado os genes KIT, PDGFRA e MTOR que apresentam como sua principal função a regulação da proliferação celular, incluindo proliferação tumoral, metástase, neovascularização (Ma et al., 2018).

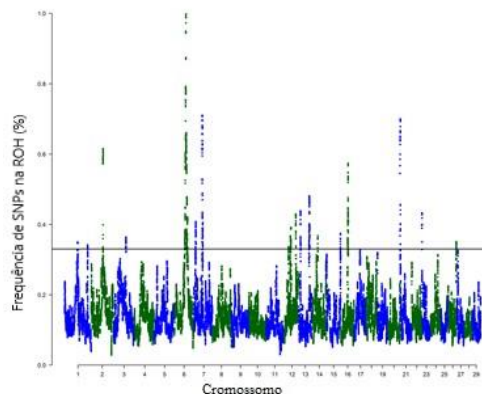


Figura 1. Gráfico Manhattan ilustrando a frequência dos segmentos homozigotos sobrepostos no genoma da raça Braford. A linha representa top 1% da frequência dos SNPs em uma corrida de homozigose (ROH). Os SNPs acima da linha correspondem as ilhas de ROH

Conclusão

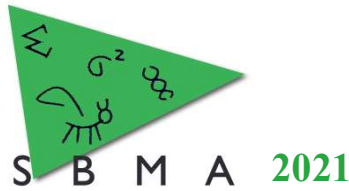
A raça Braford apresenta regiões genômicas com baixa diversidade associadas à características importantes como a qualidade da carne e fertilidade.

Agradecimentos

Os autores agradecem a EMBRAPA pela concessão dos dados, a conexão Delta G, a Associação Brasileira de Hereford e Braford e a CAPES pela bolsa de estudo.

Literatura citada

- Howrigan, D.P., Simonson, M.A., Keller, M.C. 2011. Detecting autozygosity through runs of homozygosity: a comparison of three autozygosity detection algorithms. **BMC Genomics**, 12, 1-15.
- Ma, N., Xu, H., Zhou, Y., Liu, M. Y., Zhou, J. W., Wang, C. J. 2018. Analyzing the molecular mechanism of the tissue specificity of gastrointestinal stromal tumors by using bioinformatics approaches. **Journal of B.U.ON.**, 23, 1149-1155.
- Parker Gaddis, KL, Null DJ, Cole JB. 2016. Explorations in genome-wide association studies and network analyses with dairy cattle fertility traits. **J Dairy Sci**. Aug;99(8):6420-6435.
- Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P.I.W., Daly, M.J., Sham, P.C. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **The American Journal of Human Genetics**, 81, 559-575.
- Purfield, D.C., Berry, D.P., McParland, S., Bradley, D.G. 2012. Runs of homozygosity and population history in cattle. **BMC Genet**, 13, 1-11.
- Yoon, D., Ko, E. 2016. P5061 Association study between SNPs of the genes within bovine QTLs and meat quality of Hanwoo. **Journal of Animal Science**, 94, 145-145.



Desempenho de progênes de vacas F1 (Hereford x Nelore) acasaladas com touros de diferentes composições raciais

Denyus Augusto de Oliveira Padilha^{1, 2*}, Lukas Pfeiffer², Amauri Felipe Evangelista³, Rafaela Martins³,
Laila Talarico Dias⁴, Rodrigo de Almeida Teixeira⁴

¹ Bolsista PIBIC/Fundação Araucária (2018/2019), Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

² Discente do curso de Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

³ Discente do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

⁴ Professor Associado do Depto de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

*Autor correspondente: denyusaugustp@gmail.com

Resumo: O objetivo deste trabalho foi comparar o desempenho pré e pós-desmama dos bezerros de matrizes de bovinos de corte F1 ($\frac{1}{2}$ Hereford $\frac{1}{2}$ Nelore) acasaladas com touros de quatro diferentes composições raciais (Hereford; Braford ($\frac{5}{8}$ Hereford $\frac{3}{8}$ Nelore); $\frac{3}{4}$ Hereford $\frac{1}{4}$ Nelore e F1). Para tanto, foram utilizadas informações do banco de dados da Conexão Delta G com, aproximadamente, 200.000 animais. Procedeu-se a análise de variância por meio do procedimento GLM (General linear Model) para as variáveis peso ao nascer, peso a desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano e a comparação entre as médias dos desempenhos, em função ordem de parto, foi realizada pelo teste de Tukey a 5%. Verificou-se que filhos de touros com as composições F1 e $\frac{3}{4}$ Hereford $\frac{1}{4}$ Nelore foram os que desmamaram mais pesados. O ganho de peso da desmama ao sobreano foi maior para as progênes dos touros puros Hereford. No entanto, ao sobreano as diferenças de peso entre os grupos genéticos não foram significativas. Ao utilizar fêmeas F1, a escolha da composição genética do touro dependerá do objetivo de produção do criador, pois as melhores opções para a desmama diferem daquelas para ciclo completo.

Palavras-chave: bovinos de corte, cruzamento, complementariedade, heterose e peso à desmama.

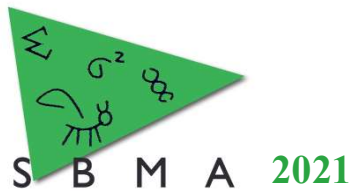
Performance of progenies of F1 cows (Hereford x Nelore), mated with bulls of different breed compositions

Abstract: The objective of this work was to compare the pre- and post-weaning performance of calves born from F1 cows ($\frac{1}{2}$ Hereford $\frac{1}{2}$ Nelore) mated with bulls of four different breed compositions (Hereford; Braford ($\frac{5}{8}$ Hereford $\frac{3}{8}$ Nelore); $\frac{3}{4}$ Hereford $\frac{1}{4}$ Nelore and F1). For this purpose, information from the Conexão Delta G database with approximately 200,000 animals was used. The analysis of variance was performed using the GLM (General Linear Model) procedure for the variables birth weight, weaning weight, yearling weight and weight gain from weaning yearling and the comparison between the performance averages, as a function of order of delivery was performed using the Tukey test at 5%. It was found that the offspring of F1 and $\frac{3}{4}$ Hereford $\frac{1}{4}$ Nelore bulls were the ones that weaned with the greatest weight. The weight gain from weaning to yearling was greater for the progenies of pure Hereford bulls. However, in the yearling, weight differences between genetic groups were not significant. When using F1 females, the choice of the bull's genetic composition will depend on the breeder's production objective, as the best options for weaning differ from those for the complete cycle.

Keywords: beef cattle, crossbreeding, heterosis breeding, yearling weight gain and weaning weight.

Introdução

No Brasil as raças zebuínas são destaque na produção de carne, em função da maior capacidade de adaptação às condições ambientais (FAÇANHA et al., 2019). Entretanto, o desempenho de zebuínos para as características relacionadas a crescimento e qualidade da carne, como a maciez, são inferiores se comparado as raças taurinas (ELZO et al. 2012). A utilização de cruzamentos entre animais zebuínos e taurinos pode ser uma estratégia para incrementar a performance desses animais. Favero et al. (2019) relataram que o uso do cruzamento traz benefícios, como a heterose e complementariedade entre as raças, ao obter desempenhos favoráveis para características pré-desmama.



No entanto, ainda existem dúvidas sobre qual grupo genético utilizar nos cruzamentos com matrizes F1. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi comparar o desempenho pré e pós-desmama dos bezerros de matrizes de bovinos de corte $\frac{1}{2}$ Hereford $\frac{1}{2}$ Nelore acasaladas com touros de quatro diferentes composições raciais, a fim de identificar qual a melhor composição genética touro para ser utilizada no cruzamento com fêmeas F1.

Material e Métodos

Foram utilizados registros de, aproximadamente, 200.000 animais pertencentes ao banco histórico da Conexão Delta G. Para tanto, utilizou-se informações de progênes de vacas F1 - $\frac{1}{2}$ Hereford $\frac{1}{2}$ Nelore, com touros de quatro composições raciais: (1) Hereford; (2) Braford ($\frac{5}{8}$ Hereford $\frac{3}{8}$ Nelore); (3) $\frac{3}{4}$ Hereford $\frac{1}{4}$ Nelore e (4) F1 ($\frac{1}{2}$ Hereford $\frac{1}{2}$ Nelore). As características avaliadas foram: peso ao nascimento, peso a desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano.

Após a consistência dos dados, a influência dos efeitos ambientais sobre as variáveis dependentes (peso ao nascimento, peso a desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano) foram avaliadas pelo procedimento GLM (SAS, 2014) e as comparações entre as médias foram realizadas utilizando-se a opção Tukey a 5% de probabilidade.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 estão apresentadas as médias do peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GPDS) das progênes de diferentes composições raciais de bovinos de corte.

Tabela 1 - Médias de peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GPDS) para diferentes composições raciais de bovinos de corte.

Composição Racial do touro	Nº de animais	PN (kg)	Nº de animais	PD (kg)	PS (kg)	GPDS (kg)
$\frac{1}{2}$ Hereford $\frac{1}{2}$ Nelore	164	34,03 ^b	173	190,64 ^a	322,46 ^a	0,46 ^d
$\frac{5}{8}$ Hereford $\frac{3}{8}$ Nelore	21.152	32,82 ^c	22.979	180,78 ^b	329,68 ^a	0,49 ^c
$\frac{3}{4}$ Hereford $\frac{1}{4}$ Nelore	2.339	33,51 ^b	2.627	189,09 ^a	329,42 ^a	0,50 ^b
Hereford	20.799	35,06 ^a	27.655	178,98 ^c	330,04 ^a	0,52 ^a

Médias seguidas de letras diferentes na coluna diferiram estatisticamente pelo teste de Tukey. (P<0,05)

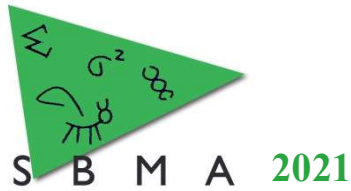
Pela Tabela 1 pode-se observar que as progênes de touros mestiços apresentaram menores PN e GPDS (P<0,05) do que os filhos de touros puros Hereford. Para o PD nota-se que as progênes de touros cruzados $\frac{1}{2}$ Hereford x $\frac{1}{2}$ Nelore e $\frac{3}{4}$ Hereford x $\frac{1}{4}$ Nelore apresentaram maiores pesos, com diferença significativa de, aproximadamente, 12 kg comparado aos filhos de touros puros e $\frac{5}{8}$ Hereford x $\frac{3}{8}$ Nelore. LEMA et al. (2011) ao analisarem diversos sistemas de cruzamento utilizando Hereford, observaram desempenhos superiores no peso a desmama quando associados com Nelore. Ainda pela Tabela 1, observa-se que não houve diferença significativa para os pesos ao sobreano de progênes de touros com diferentes composições genéticas.

Conclusão

Ao utilizar fêmeas F1, a escolha da composição genética do touro dependerá do objetivo de produção do criador, pois as melhores opções para a desmama diferem daquelas para ciclo completo.

Agradecimentos

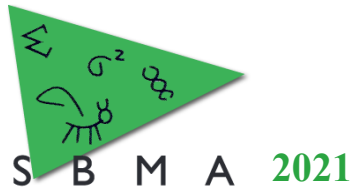
A Fundação Araucária pela concessão da bolsa de iniciação científica durante o período de desenvolvimento do trabalho, e a Conexão Delta G pelo fornecimento dos dados.



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil – 18 a19 de Outubro de 2021

Literatura citada

- FAÇANHA, D. A. E. et al. 2019. The dynamic adaptation of Brazilian Brahman bulls. **Journal of Thermal Biology**, 81, 128-136.
- ELZO, M. A. et al. 2012. Carcass and meat palatability breed differences and heterosis effects in an Angus–Brahman multibreed population. **Meat Science**, 90, 87-92.
- FAVERO, R. et al. 2019. Crossbreeding applied to systems of beef cattle production to improve performance traits and carcass quality. **Animal**, 13, 2679-2686.
- LEMA, O. M. et al. 2011. Pre-weaning performance of Hereford, Angus, Salers and Nellore crossbred calves: Individual and maternal additive and non-additive effects, **Livestock Science**, 142, 288-297.
- BARTON, L. et al. 2006. Effect of breed on growth performance and carcass composition of Aberdeen Angus, Charolais, Hereford and Simmental bulls. **Czech Journal of Animal Science**, 51, 47-53.



Parâmetros genéticos para consumo alimentar residual e individual em bovinos Nelore

André Luis Romeiro de Lima^{1*}, Gustavo Garcia Santiago², André Luiz Julien Ferraz³, Paulo Roberto Costa Nobre², Leonardo Martin Nieto², Luiz Otávio Campos da Silva⁴, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior⁴, Rodrigo da Costa Gomes⁴, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes⁴

¹Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Aquidauana, MS, Brasil.

²Programa Embrapa Geneplus, Campo Grande, MS, Brasil.

³Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, Aquidauana, MS, Brasil.

⁴Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

*Autor correspondente: alrl_andre@hotmail.com

Resumo: Consumo alimentar residual (CAR) é a medida resultante da diferença entre o consumo de alimentos esperado e o observado nos bovinos de corte, utilizada para identificar animais mais eficientes em relação ao uso dos alimentos. Portanto, o objetivo desse estudo foi estimar os parâmetros genéticos para o CAR a fim de incluí-lo como critério de seleção para a raça Nelore e também prever sua associação com o consumo de matéria seca (CMS) e o peso ao sobreano (PS). Os dados foram provenientes de bovinos da raça Nelore participantes do Programa Embrapa Geneplus. Foi utilizado modelo animal completo em análise tri característica via *software* REMLF90. As herdabilidades para CAR, CMS e PS foram 0,279, 0,376 e 0,383 respectivamente. A correlação genética entre CAR e CMS foi positiva de alta magnitude (0,711) demonstrando que animais CAR negativos (eficientes) possuem menores necessidades alimentares. Já com PS, CAR se correlacionou positivamente, porém com baixa magnitude, indicando pouca influência dessa medida no desempenho em peso dos animais ao sobreano. Tais resultados sugerem a adoção do consumo alimentar residual como critério de seleção, contudo pode haver leve redução no peso ao sobreano dos animais.

Palavras-chave: bovinos de corte, eficiência alimentar, produtividade, zebu

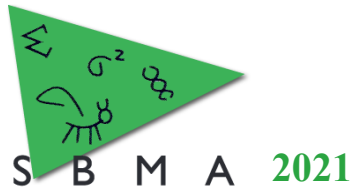
Genetic parameters for residual and individual feed intake in Nelore cattle

Abstract: Residual feed intake (RFI) is the measure of feed efficiency resulting from the difference between the expected and observed feed intake in beef cattle, used to identify more efficient animals. Therefore, the aim of this study was to estimate the genetic parameters for RFI in order to include it as a selection trait for the Nelore breed and also to predict its association with dry matter intake (DMI) and yearling weight (YW). The data contained information of Nelore animals from 2021/2 Genomic Evaluation carried out jointly by the Embrapa Geneplus Program and the Zebu Gene Improvement Program (PMGZ / ABCZ). A complete animal model was used in tri-characteristic analysis through *software* REMLF90. Heritability for RFI, DMI and YW were 0.279, 0.376 and 0.383 respectively. With this value, RFI can be included in the selection process with considerable genetic gains per generation. The genetic correlation between RFI and DMI was positive with a high magnitude (0.711) demonstrating that RFI negative (efficient) animals have lower food requirements. With YW, RFI was positively correlated, but with low magnitude, indicating low influence of this measure on the yearling weight performance of animals. These results suggest the adoption of residual feed intake as a selection trait, however there may be a slight reduction in the yearling weight of the animals.

Keywords: beef cattle, feed efficiency, productivity, zebu

Introdução

Incluir medidas de eficiência alimentar no processo de seleção genética de bovinos de corte, além de reduzir os custos com a alimentação dos animais, minimiza o impacto ambiental da atividade agropecuária. Dentre as diferentes características de eficiência alimentar, o consumo alimentar residual (CAR) foi descrito por Koch et al. (1963) como o desvio do consumo esperado em relação ao observado. Animais com CAR negativo são mais eficientes ingerindo uma menor quantidade de alimentos para



atingirem o mesmo peso ou ganho em peso quando comparados aos indivíduos CAR positivo. De acordo com Eler (2017), a herdabilidade representa o quanto da variação no desempenho animal acontece pelas diferenças genéticas entre os mesmos, indicando a fração herdável de determinada característica. O mesmo autor descreve a correlação genética como sendo o parâmetro que indica quanto dois caracteres compartilham da mesma base genética, tornando possível verificar e controlar o efeito da seleção de uma característica sobre as demais. Portanto, visando subsidiar a inclusão do CAR no processo de seleção da raça Nelore, objetivou-se estimar seus parâmetros genéticos considerando também as características peso ao sobreano (PS) e consumo de matéria seca (CMS).

Material e Métodos

Os dados analisados continham fenótipos para CAR, CMS e PS de animais da raça Nelore participantes do Programa Embrapa Geneplus. Nas análises de consistência foram removidos fenótipos com valores ± 4 desvios padrão em relação a média do grupo de contemporâneos e também grupos de contemporâneos com número de animais inferior a três. Para a formação dos grupos de contemporâneos considerou-se os efeitos de fazenda e edição de prova de desempenho (incluindo sexo, ano e época de nascimento). Os registros fenotípicos totalizaram 22728 informações para PS e 4615 para CAR e CMS. O *pedigree* considerou três gerações a partir dos indivíduos que continham dados fenotípicos, apresentando 51430 animais.

Na estimação dos componentes de (co)variância foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita implementado no *software* REMLF90 (Misztal, 2002), sendo o critério de convergência de verossimilhança igual ou menor que 1×10^{-12} . Foi adotado modelo animal completo em análise tri característica, considerando aleatórios o efeito genético aditivo direto e o residual, fixo o grupo de contemporâneo e efeito linear de idade do animal aninhado ao grupo de contemporâneos como covariável.

Resultados e Discussão

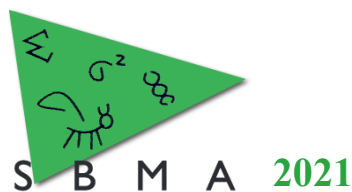
As herdabilidades para CAR, CMS e PS foram de média a alta magnitude (Tabela 1), sugerindo viabilidade de ganhos genéticos no processo de seleção. Santana et al. (2014) estudando animais da raça Nelore, apresentaram valor superior (0,375) para herdabilidade do CAR, enquanto Polizel et al. (2018) trabalhando com machos e fêmeas da mesma raça, obtiveram 0,28. Para CMS o valor foi de 0,376 (Tabela 1), inferior a 0,46 (Polizel et al., 2018) e também a 0,401 relatado por Santana et al (2014). Já o PS apresentou herdabilidade de 0,383, semelhante a 0,38 relatada por Mercadante et al. (2014) considerando o peso ajustado ao 378 dias (W378)

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância e herdabilidade para o consumo alimentar residual, consumo de matéria seca e peso ao sobreano.

¹ Característica	² Estimativas		
	σ_a^2	σ_e^2	h^2
CAR	0,154	0,399	0,279
CMS	0,390	0,648	0,376
PS	338,4	546,5	0,383

¹CAR: consumo alimentar residual; CMS: consumo de matéria seca; PS: peso ao sobreano; ² σ_a^2 : componente de variância genética aditiva; σ_e^2 : componente de variância residual; h^2 : herdabilidade.

A correlação genética entre CAR e PS foi positiva e de baixa magnitude (0,226; Tabela 2), indicando fraca relação genética entre os caracteres. No entanto, a seleção para CAR poderá ter pequeno efeito negativo no PS, o que não era esperado, visto que, para o cálculo do consumo de matéria seca utilizado no CAR, é considerado o peso metabólico do animal. Ainda, Mercadante et al. (2014) encontraram correlação igual a zero entre o CAR e peso ajustado aos 378 dias (W378) em uma população sob seleção para essas características, reforçando a ideia de que o CAR não interfere no desempenho em peso dos animais. Com CMS, CAR apresentou correlação genética positiva de alta magnitude (0,711; Tabela 2), superior a 0,61 (Polizel et al., 2018) e inferior a 0,95 (Santana et al., 2014), apontando que



animais com alto CAR (desfavorável) terão elevado consumo de alimentos. As correlações fenotípicas foram positivas de média magnitude com CMS (0,454; Tabela2), abaixo de 0,66 (Santana et al., 2014) e 0,65 (Polizel et al., 2018), e baixa magnitude para PS (0,051; Tabela 2) tendendo a zero.

Tabela 2. Correlações genéticas (diagonal superior) e fenotípicas (diagonal inferior) entre o consumo alimentar residual, consumo de matéria seca e peso ao sobreano.

¹ Característica	Correlações		
	CAR	CMS	PS
CAR	-	0,711	0,226
CMS	0,454	-	0,686
PS	0,051	0,496	-

¹CAR: consumo alimentar residual; CMS: consumo de matéria seca; PS: peso ao sobreano.

Conclusão

É possível adotar o consumo alimentar residual como critério de seleção para a raça Nelore, obtendo ganhos genéticos consideráveis através da seleção. Contudo o CAR pode interferir ligeiramente de forma negativa no peso ao sobreano dos animais.

Agradecimentos

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos durante a realização do mestrado.

Literatura citada

Eler J. P. 2017. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: Bases do Melhoramento Genético Animal**. Pirassununga: FZEA/USP.

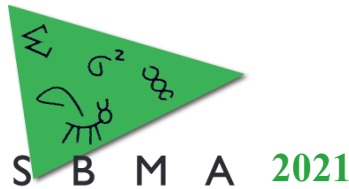
Koch R.M., Swiger L.A., Chambers D., Gregory K.E. 1963. Efficiency of Feed Use in Beef Cattle, **Journal of Animal Science**, 22, 486-494.

Mercadante M.E.Z., Ceacero T.M., Morelli M., Cyrillo J.N.S.G., Monteiro F.M., Branco R.H. 2014. Selection for Postweaning Weight and Residual Feed Intake in Nelore Cattle. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production.

Misztal I. 2002. **REMLF90 Manual**. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/docs/>. Acessado em: 00 de não de 2021.

Polizel G. H. G., Grigoletto L., Carvalho M.E., Rossi P., Ferraz J.B.S., Santana M.H.A. 2018. Genetic correlations and heritability estimates for dry matter intake, weight gain and feed efficiency of Nelore cattle in feedlot. **Livestock Science**, 214, 209-210.

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**, 167, 80-85.



Detecção de variantes estruturais usando dados de sequenciamento de genoma completo de bovinos da raça Nelore

Natalia Andrea Marin Garzón¹, Giovana Vargas¹, Gerardo Alves Fernandes Junior¹, Roberto Carvalheiro¹², Lucia Galvão de Albuquerque¹²

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, Brasília – DF, Brasil.

*Autor correspondente: namaring12@gmail.com

Resumo: o objetivo deste estudo foi detectar e caracterizar variantes estruturais usando dados de sequenciamento de genoma completo de bovinos da raça Nelore. Foram usados um total de 143 arquivos BAM contendo a sequência do genoma completo de touros representativos de programas de melhoramento da raça Nelore. A detecção de variantes estruturais foi conduzida para cada amostra sequenciada através do software Parliament2, o qual integra a informação das ferramentas computacionais: CNVnator, Lumpy, Delly e BreakDancer. O software SURVIVOR foi usado para junção da informação em cada amostra e para obtenção de um conjunto de variantes estruturais não redundantes. Foram identificadas um total de 252.406 variantes estruturais localizadas nos cromossomos autossômicos dos 143 touros da raça Nelore, das quais 101.558, 90.61, 44.792, 15.495 são inversões, deleções, duplicações e inserções, respectivamente. O maior número de variantes estruturais estão localizadas no cromossomo 1, enquanto que o cromossomo 25 apresentou o menor número de variantes. Estudos futuros serão realizados com o objetivo caracterizar funcionalmente essas variantes estruturais para avaliar o seu possível impacto sobre características de importância econômica na raça Nelore.

Palavras-chave: bovinos de corte, variação no número de cópias, variantes genéticas

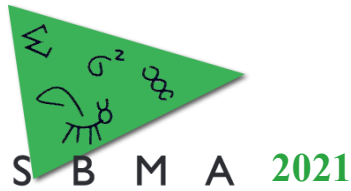
Detection of structural variants using whole genome sequencing data of Nelore cattle

Abstract: the aim of this study was to detect and to characterize structural variants (SV) using whole genome sequencing data from Nelore cattle. A total of 143 BAM files containing the whole genome sequence of representative Nelore bulls were used. The detection of structural variants was conducted on each sequenced sample using Parliament2 software, which integrates information from the computational tools: CNVnator, Lumpy, Delly and BreakDancer. The SURVIVOR software was used to join the information in each sample and to obtain a set of non-redundant structural variants. A total of 252,406 structural variants located in the autosomal chromosomes of the 143 Nelore bulls were identified, of which 101,558, 90.61, 44,792, 15,495 are inversions, deletions, duplications and insertions, respectively. The greatest number of structural variants are located on chromosome 1, while chromosome 25 harbored the smallest number of variants. Future studies will be carried out with the aim of functionally characterize these structural variants to assess their possible impact on economically important traits in the Nelore cattle.

Keywords: beef cattle, copy number variation, genetic variants.

Introdução

As variantes estruturais são a principal fonte da variação genética dos organismos complexos. São geralmente definidas como variações em segmentos de DNA maiores que 1Kb, e que diferem de uma sequência de referência em conteúdo, ordem e orientação (Chen et al., 2013). As SV compreendem várias classes de variantes, incluindo pequenas inserções e deleções (indels), elementos móveis (translocações e inversões) e variações no número de cópias (CNV) (Boussaha et al., 2015). As CNV são uma classe de variante estrutural de escala intermediária, causado por ganhos ou perdas (inserções ou deleções) nos segmentos de DNA que variam de 1 kb a 5 Mb (Zhao et al., 2013). Embora os SNP sejam os tipos de variantes mais abundantes nos genomas, as SV podem causar efeitos maiores, que vão desde modificações de genes até alterações na expressão gênica, levando inclusive à manifestação de alelos recessivos indesejáveis (Boussaha et al., 2015). Durante a era genômica, um grande número de CNV associadas com características de importância econômica em animais domésticos foram descobertas, graças a disponibilização de painéis de genotipagem. Porém, a natureza dos dados de genotipagem de



SNP limitaram a identificação de outros tipos de variantes estruturais, devido a sua falta de cobertura, sobre tudo em regiões de duplicação segmentar (SD), que são regiões conhecidas por serem pontos de formação de SV (Zhao et al., 2013). Essas limitações estão sendo superadas com o desenvolvimento de técnicas de sequenciamento de nova geração (NGS), que fornecem maior cobertura e resolução, e levam à detecção mais precisa de variantes estruturais espalhadas ao longo do genoma (Chen et al., 2013). O objetivo deste estudo foi detectar e caracterizar variantes estruturais usando dados de sequenciamento de genoma completo de 143 touros representativos da raça Nelore.

Material e Métodos

Foram sequenciadas um total de 151 amostras de DNA genômico de touros representativos dos programas de melhoramento genético Paint, Nellore Qualitas, DeltaGen, e Cia do Melhoramento. Do total de amostras de DNA genômico extraído, 51 foram sequenciadas usando a tecnologia HiSeq X Ten (FAPESP 2019/16118-5) e as 100 amostras restantes foram sequenciadas com a tecnologia NovaSeq 6.000 System platform (Illumina Inc., San Diego, USA) ((FAPESP 2017/10630-2). O sequenciamento de todas as amostras foi realizado usando técnica de extremidades emparelhadas que produziu leituras de 150 pares de bases (2x150pb) com uma cobertura média de 15x. Sequências que apresentaram baixa qualidade de leituras foram editadas usando o software SeqClean com parâmetros default. O programa SAMtools (Li et al., 2009) foi usado para indexar as sequências, e o alinhamento ao genoma de referência ARS-UCD1.2 foi realizado usando HiSat (Kim et al., 2015).

A detecção de SV para cada amostra foi realizada usando o Software Parliament2 (Zarate et al., 2020), que integra a informação de diferentes ferramentas computacionais amplamente usadas para chamada de variantes estruturais. A estratégia de consenso do Parliament2 fornece informação sobre tipo, tamanho, coordenadas e método de detecção para cada evento de CNV. Foram usados os arquivos contendo a sequência completa do genoma de um total de 143 touros da raça Nelore em formatação BAM e BAI, assim como o genoma bovino de referência ARS-UCD1.2. Para esse conjunto de dados, o Parliament2 foi executado usando parâmetros default em cada amostra por meio de Docker image usando a plataforma DNAnexus. No total foram usadas quatro ferramentas computacionais para serem integradas pelo Parliament2: CNVnator (Abyzov, Urban, Snyder, & Gerstein, 2011), Lumpy, Delly (Rausch et al., 2012) e BreakDancer (Chen et al., 2013). Foram gerados arquivos VCF de consenso para cada amostra que foram posteriormente submetidos ao programa SURVIVOR com parâmetros default para obtenção de um conjunto de CNV candidatas não redundantes. Métricas descritivas das SV candidatas foram analisadas com auxílio do pacote tidyverse e ggplot2 do software R.

Resultados e Discussão

Foram identificadas um total de 252.406 variantes estruturais localizadas nos cromossomos autossômicos de 143 touros da raça Nelore. Apenas quatro tipo de variantes foram identificadas sendo 101.558 inversões, 90.61 deleções, 44.792 duplicações e 15.495 inserções. Neste conjunto de dados não foram detectadas translocações. O número de variantes estruturais encontradas em cada um dos 29 cromossomos autossomos é apresentada na Figura 1.

De modo geral, os eventos de deleção foram quase duas vezes mais recorrentes do que eventos de duplicação, o que é consistente com estudos realizados em raças turinas (Boussaha et al., 2015). Porém, as inversões foram o tipo de variante estrutural de maior ocorrência no genoma dos 143 touros. Até o momento, não foram encontrados resultados similares em outros estudos realizados em bovinos, provavelmente pelo fato de que a maioria dos autores tem realizado detecção de variantes estruturais através de ferramentas computacionais focadas na detecção de inserções e deleções.

O maior número de variantes estruturais estão localizadas no cromossomo 1, enquanto que o cromossomo 25 apresentou o menor número de variantes. De maneira interessante, Boussaha et al., 2015, reportaram que o cromossomo 25 carregou o menor número de deleções, inversões e duplicações em tandem, quando analisada a sequência do genoma completo de 62 bovinos de raças taurinas, e de maneira contrária aos achados do presente estudo, os autores reportam que o maior número de variantes estruturais estiveram localizados no cromossomo 12.

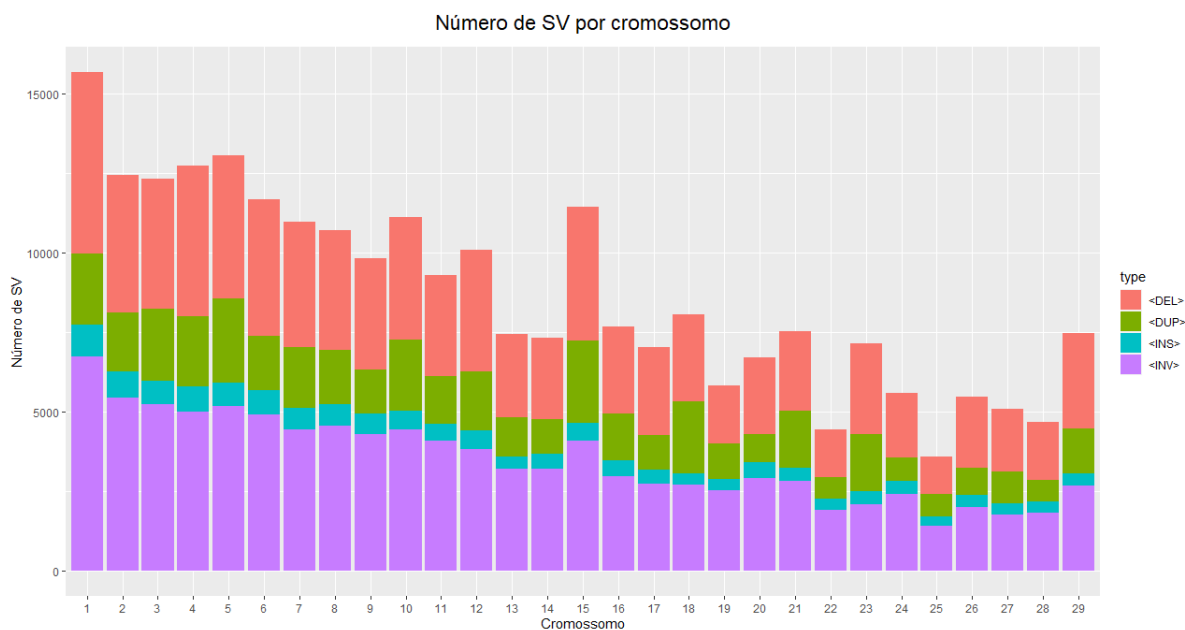


Figura 1. Número de deleções (DEL), duplicações (DUP), inserções (INS) e inversões (INV) encontradas nos 29 cromossomos autossomos.

Conclusão

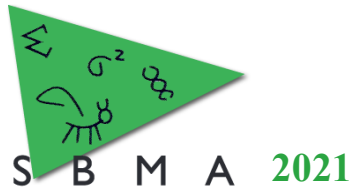
Quatro tipos de variantes estruturais foram identificadas nos cromossomos autossômicos de 143 touros representativos da raça Nelore a partir de dados de sequenciamento. Estudos futuros deverão ser conduzidos com o intuito de caracterizar funcionalmente essas variantes estruturais e obter melhor entendimento do seu potencial impacto sobre características de importância econômica na raça Nelore.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-Brasil (CAPES)-código de financiamento 001, e da fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo-FAPESP #2016/239376, FAPESP 2017/10630-2 e FAPESP 2019/16118-5

Literatura citada

- Abyzov, A., Urban, A. E., Snyder, M., & Gerstein, M. 2011. CNVnator: An approach to discover, genotype, and characterize typical and atypical CNVs from family and population genome sequencing. *Genome Research*, 21, 974–984.
- Boussaha M., Esquerré D., Barbieri J., Djari A., Pinton A., Letaief R., Salin G., Escudié F., Roulet A., Fritz S., Samson F., Grohs C., Bernard M., Klopp C., Boichard D., Rocha D. 2015. Genome-Wide Study of Structural Variants in Bovine Holstein, Montbéliarde and Normande Dairy Breeds. *PLOS ONE*, 10(8), e0135931.
- Chen, K., Wallis, J. W., Mclellan, M. D., Larson, D. E., Kalicki, J. M., Pohl, C. S., ... Elaine, R. (2013). BreakDancer: An algorithm for high resolution mapping of genomic structural variation. *Nature Methods*, 6(9), 677–681.
- Conrad, D. F., Pinto, D., Redon, R., Feuk, L., Gokcumen, O., Zhang, Y., ... Hurles, M. E. (2010). Origins and functional impact of copy number variation in the human genome.
- Zhao, Min, Qingguo Wang, Quan Wang, Peilin Jia, and Zhongming Zhao. 2013. “Computational Tools for Copy Number Variation (CNV) Detection Using next-Generation Sequencing Data : Features and Perspectives.” *BMC Bioinformatics*, 14.
- Zarate, S., Carroll, A., Mahmoud, M., Krashenina, O., Jun, G., Salerno, W. J., ... Sedlazeck, F. J. 2020. Parliament2 : Accurate structural variant calling at scale. *GigaScience*, 9, 1–9.



Avaliação da endogamia através de corridas de homozigose (ROH) usando dados de sequenciamento de genoma completo de touros da raça Nelore

Natalia Andrea Marín Garzón¹, Ana Fabrícia Braga Magalhães², Gerardo Alves Fernandes Junior¹, Lucia Galvão de Albuquerque¹³

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, UFVJM

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, Brasília – DF, Brasil.

*Autor correspondente: namaring12@gmail.com

Resumo: O objetivo deste estudo foi estimar coeficientes de endogamia através da abordagem de corridas de homozigose (ROH), usando dados de sequenciamento de genoma completo de bovinos da raça Nelore. Foram usados dados de variantes genéticas em formato VCF (variant calling format), identificadas a partir do sequenciamento de 151 touros representativos dos programas de melhoramento da raça Nelore. A função RoH do software BCFtools v.1.9 foi usada para detectar as regiões genômicas em homozigose (ROH). O coeficiente de endogamia de cada um dos touros avaliados (F_{ROH}) foi definido como o tamanho do genoma coberto por cada segmento genômico em homozigose (ROH) dividido pelo tamanho total do genoma. Foram encontradas um total de 592.054 ROH com tamanho maior a 50.000 pares de bases, observando-se em média 3.921 ± 111 ROH por animal. A maioria das ROH encontradas foram de comprimento menor a 1 milhão de pares de bases (Mpb), indicando eventos de endogamia em gerações passadas. Apenas 129 ROH de tamanho maior a 3 Mpb foram observadas, que indicam eventos mais recentes de endogamia. O coeficiente de endogamia genômico estimado (F_{ROH}) foi de $0,0344 \pm 0,0023$. Embora uma pequena proporção do genoma esteja coberto pelas ROH, os achados obtidos neste estudo sugerem que em média 3,4% do genoma dessa população se encontra em autozigose. Estudos futuros serão realizados com o objetivo de identificar os segmentos em homozigose que se encontram em alta frequência nesta população (Ilhas ROH).

Palavras-chave: autozigose, bovinos de corte, coeficiente de endogamia, depressão endogâmica

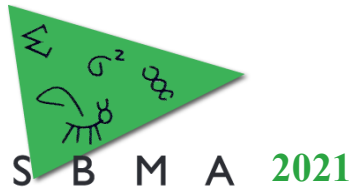
Assessment of genomic inbreeding trough runs of homozygosity (ROH) using whole genome sequencing data of Nelore bulls

Abstract: The aim of this study was to estimate inbreeding coefficients trough runs of homozygosity approach (ROH) using whole genome sequencing data from Nelore cattle. We used data of genetic variants in variant calling format (VCF) identified from the sequencing of 151 representative Nelore bulls. The RoH function of the BCFtools v.1.9 software was used to detect the homozygous genomic regions (ROH). The inbreeding coefficient of each of the evaluated bulls (F_{ROH}) was defined as the genome size covered by each homozygous genomic segment (ROH) divided by the total genome size. A total of 592,054 ROH with a length greater than 50,000 base pairs (bp) were found, with an average of $3,921 \pm 111$ ROH per animal. Most of the ROH found were shorter than 1 million base pairs (Mpb), indicating inbreeding events in past generations. Only 129 ROH larger than 3 Mpb were observed, which indicates more recent inbreeding events. The estimated genomic inbreeding coefficient (F_{ROH}) was 0.0344 ± 0.0023 . Although a small proportion of the genome is covered by ROH, the findings of this study suggest that on average 3.4% of the genome of this population is autozygous. Future studies will be conducted aiming the to identify ROH in high frequency in this population (ROH Islands).

Keywords: autozygosity, beef cattle, inbreeding coefficient, inbreeding depression.

Introdução

Níveis elevados de endogamia em uma população levam à consequências negativas tais como a depressão endogâmica, a redução do valor adaptativo e o aumento da frequência de alelos deletérios devido ao incremento da homoziguidade (Alemu et al., 2021). Esses efeitos são comuns em populações de animais domésticos de interesse zootécnico que têm sido submetidas a processos de seleção intensa (Peripolli et al., 2016). O coeficiente de endogamia (F) fornece informação importante em relação ao grau de parentesco entre animais, sistemas de acasalamento e estrutura da população, e pode ser usado como



ferramenta para monitorar a depressão endogâmica (Alemu et al., 2021). Tradicionalmente é definido como a probabilidade de que dois alelos em cromossomos homólogos de um indivíduo sejam idênticos por descendência (Wright, 1922). Com base nessa definição, foram desenvolvidos diferentes métodos para sua estimativa através do uso de informações de pedigree. Porém, a precisão com que o F é estimado é limitada, devido à falta de informações de relações de parentesco entre animais e erros de identificação, especialmente em populações de animais pertencentes a sistemas de produção extensiva onde ocorrem acasalamentos com reprodutores múltiplos. Uma forma de superar essas limitações surgiu durante a era genômica, onde foram desenvolvidos métodos que permitiram a inclusão de marcadores moleculares localizados ao longo do genoma para uma melhor estimativa do coeficiente de endogamia. Adicionalmente, com a revolução das técnicas de sequenciamento de nova geração, genótipos para todas as variantes localizadas no genoma dos indivíduos podem ser conhecidas. Assim, dados de sequenciamento de genoma completo podem ser usados para identificar todos os segmentos do genoma de um indivíduo em autozigose através da abordagem conhecida como “corridas de homozigose (ROH) (McQuillan et al., 2008). Essa abordagem parte da premissa de que regiões com excesso de homozigose no genoma de um indivíduo são produto da endogamia, e que segmentos longos em autozigose estão associados a eventos de endogamia recente enquanto que segmentos mais curtos são indicativo de eventos de endogamia remotos. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a endogamia através da abordagem de corridas de homozigose-ROH, usando dados de sequenciamento de genoma completo de 151 touros representativos da raça Nelore.

Material e Métodos

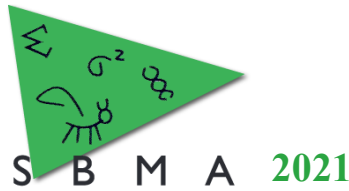
Foram sequenciadas um total de 151 amostras de DNA genômico de touros representativos dos programas de melhoramento genético Paint, Nellore Qualitas, DeltaGen, e Cia do Melhoramento. Do total de amostras de DNA genômico extraído, 51 foram sequenciadas usando a tecnologia HiSeq X Ten (FAPESP 2019/16118-5) e as 100 amostras restantes foram sequenciadas com a tecnologia NovaSeq 6.000 System platform (Illumina Inc., San Diego, USA) ((FAPESP 2017/10630-2). O sequenciamento de todas as amostras foi realizado usando técnica de extremidades emparelhadas que produziu leituras de 150 pares de bases (2x150pb) com uma cobertura média de 15x. Sequências que apresentaram baixa qualidade de leituras foram editadas usando o software SeqClean com parâmetros default. O programa SAMtools (Li et al., 2009) foi usado para indexar as sequências, e o alinhamento ao genoma de referência ARS-UCD1.2 foi realizado usando HiSat (Kim et al., 2015).

A detecção de segmentos genômicos em homozigose (ROH) foi realizada através da função RoH do software BCFtools v.1.9 (Narasimhan et al., 2016) em que apenas SNPs bi-alelicos foram considerados. O programa BCFtools/RoH usa o Modelo oculto de Markov (HMMC), que permite a análise de autozigosidade usando dados de variantes genéticas em formato VCF previamente identificadas.

O coeficiente de endogamia de cada um dos touros avaliados (F_{ROH}) foi definido como o tamanho do genoma coberto por cada ROH e dividido pelo tamanho total do genoma (Mcquillan et al., 2008): $F_{ROH} = \frac{L_{roh}}{L_{auto}}$, em que L_{roh} é o somatório do comprimento de todas as ROH achadas no indivíduo, e L_{auto} é o tamanho total dos autossomos cobertos pela leitura das sequências, considerando-se um tamanho total do genoma de 2,5 Gb. Análises subsequentes de caracterização e métricas descritivas foram conduzidas com auxílio dos pacotes tidyverse e ggplot2 do software R através do ambiente de desenvolvimento integrado Rstudio.

Resultados e Discussão

Foram encontrados um total de 4.336.802 segmentos em homozigose (ROH) nos cromossomos autossômicos dos 151 touros avaliados, e um número médio de 28.720,54±1.170,9 ROH por animal (min 24.944; máx 34.424). O tamanho das ROH encontradas variou entre 18.6 pares de bases (bp) e 6.91 milhões de pares de bases (Mbp). A maioria das regiões encontradas apresentou um comprimento menor a 0,05 Mbp, o que poderia revelar eventos de endogamia muito antigos. No entanto, a tendência observada é que esses segmentos em homozigose foram detectados com baixa acurácia já que apresentaram um baixo score de qualidade (phred score < 30), sendo considerados como falsos positivos. Por essa razão, foram aplicados critérios de filtragem para serem apenas consideradas regiões em homozigose com tamanho maior a 50.000 pares de bases, seguindo o proposto por Bhati et al. (2020).



Após a filtragem, um total de 592.054 regiões em homozigose foram mantidas (em média 3.921 ± 111 ROH > 0.05 Mbp por amostra). O touro que apresentou o maior nível de endogamia genômica possui um total de 4.359 ROH, enquanto que o touro menos endogâmico possui um total de 3.693 ROH. Os segmentos em homozigose foram classificados em 3 tipos de acordo ao comprimento: 0,05-1 Mbp (short ROH), 1-3 Mbp (médium ROH), >3Mbp (long ROH).

Foi identificado um maior número de ROH com tamanho menor a 1 Mbp no genoma dos 151 touros avaliados (Tabela 1). Segmentos curtos (< 4 Mbp) denotam a presença de endogamia ocorrida em tempos remotos, i.e. ocorrida há muitas gerações (Pryce, Hayes, & Goddard, 2012), enquanto longos segmentos (> 4 Mbp) apontam para a ocorrência de endogamia recente. Segundo Al-Mamun et al. (2015), que estudaram a distribuição de ROH em ovinos, ROHs curtas também sugerem perda de diversidade genética, seja por efeito de gargalo ou por efeito fundador. O número de ROH foi maior para os cromossomos 1 e 5. O coeficiente de endogamia genômico (Froh) médio considerando regiões em homozigose maiores a 0.05 Mbp foi de $0,023 \pm 0,0022$, variando entre 0,019 e 0,033.

O coeficiente de endogamia foi mais alto quando todos os segmentos ROH foram utilizados na estimativa. Quando as ROH foram divididas por classe de tamanho, a estimativa do coeficiente de endogamia genômico diminuiu. Na tabela 1 estão apresentadas as métricas descritivas do coeficiente de endogamia estimado para o total de segmentos em homozigose encontrados, e quando estas foram classificadas de acordo ao tamanho.

Tabela 1: Distribuição das ROH e coeficiente de endogamia (F_{ROH}) por tamanho das ROH (Mbp)

Classe	nROH	Variação nROH	Tamanho médio \pm DP (Mbp)	$F_{ROH} \pm DP$
ROH _{>0,05 Mbp}	592.054	3.693-4.359	0,15 \pm 0,18	0,0344 \pm 0,0023
ROH _{0,05-1 Mbp}	587.025	3.661-4.353	0,13 \pm 0,19	0,021 \pm 0,0011
ROH _{1-3 Mbp}	4.900	3-134	1,46 \pm 0,43	0,0019 \pm 0,0012
ROH _{>3 Mb}	129	0-9	3,53 \pm 0,55	0,0024 \pm 0,00017

nROH: número de regiões em homozigose; FROH: coeficiente de endogamia genômico; DP: desvio padrão.

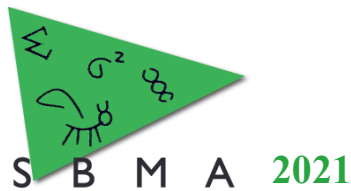
Embora uma pequena proporção do genoma esteja coberto pelas ROH, os achados obtidos neste estudo sugerem que em média 3,4% do genoma da população avaliada é autozigoto ou seja, é idêntico por descendência. Estudos futuros serão realizados com o objetivo de identificar os segmentos em homozigose que se encontram em alta frequência na população (Ilhas ROH).

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-Brasil (CAPES)-código de financiamento 001, e da fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo-FAPESP #2016/239376, FAPESP 2017/10630-2 e FAPESP 2019/16118-5

Literatura citada

- Alemu S.W.; Kadri N.K.; Harland C.; Faux P.; Charlier C.; Caballero A. Druet T. 2021. An evaluation of inbreeding measures using a whole-genome sequenced cattle pedigree. **Heredity**, 126, 410–423.
- Al-mamun H.A.; AClark S.; Kwan P.; Gondro C. 2015. Genome-wide linkage disequilibrium and genetic diversity in five populations of Australian domestic sheep. **Genetics Selection Evolution**, 47(1), 1–14.
- Bhati M.; Kadri N.K.; Crysanto D. Paush H. 2020. Assessing genomic diversity and signatures of selection in Original Braunvieh cattle using whole-genome sequencing data. **BMC Genomics**, 21(27).
- Peripolli E.; Munari D.P.; Silva M.V.G.B.; Lima A.L.F.; Irgang R.; Baldi F. 2016. Runs of homozygosity: current knowledge and applications in livestock. **Animal Genetics**, 48, 255–271.
- Pryce J.E.; Hayes B.J.; Goddard M.E. 2012. Novel strategies to minimize progeny inbreeding while maximizing genetic gain using genomic information. **Journal of dairy science**, 95(1), 377–88.
- Wright S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. **The American Naturalist**, 56, 330–338.



Tendências fenotípicas para característica peso ao desmame em bovinos da raça Nelore na Amazônia Legal

Brena Nunes da Silva¹, Alexandre Costa Glins¹, Eleanatan Syanne da Cruz Ribeiro², Marcela Cristina Flexa do Amaral³, Henrique Torres Ventura⁴, Lais Costa Brito^{5*}

¹Universidade Federal Rural da Amazônia, Grupo de Melhoramento Genético Animal, Capanema, PA, Brasil.

²Universidade Federal Rural da Amazônia, PPGSPAA, Belém, PA, Brasil.

³Universidade Federal Rural da Amazônia, PPGPAA, Parauapebas, PA, Brasil.

⁴Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), Uberaba, MG, Brasil.

⁵Professora da Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), Capanema, PA, Brasil.

*Autor correspondente: laiscostabrito@gmail.com

Resumo: Através da avaliação fenotípica é possível visualizar o progresso de um rebanho bovino e avaliar o impacto da seleção genética de um programa de melhoramento genético e melhor direcioná-lo. Desta forma, objetivou-se estimar as tendências fenotípicas do peso aos 205 dias (P205) de animais da raça Nelore entre 1991 e 2018 na Amazônia Legal. O arquivo estava constituído de 924.210 animais, nascidos em 28 fazendas localizada nos estados pertencentes a Amazônia legal. A quantificação da relação entre peso e ano de nascimento foi calculada através da equação de regressão a partir da média dos pesos (kg) em relação aos anos de nascimento dos animais, seguindo a tendência linear e a análise de variância utilizando o software Excel. Na tendência fenotípica, utilizou-se dados fenotípicos de peso ao desmame, que apresentaram média (189,97 kg) com uma variação média entre 132,25 e 259,65 kg. Houve progresso fenotípico da característica em relação aos anos com acréscimo de 0,65 kg ao longo das décadas. Portanto, com a tendência fenotípica crescente, fica evidente melhorias na genética, no ambiente e no manejo nas décadas seguintes.

Palavras-chave: bovino de corte, crescimento, progresso genético.

Phenotypic trends for weaning weight of Nelore cattle in the Legal Amazon

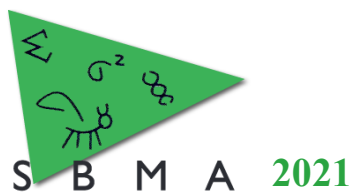
Abstract: Through the phenotypic evaluation it is possible to visualize the progress of a bovine herd and observe the impact of an animal breeding program. Thus, the objective was to estimate the phenotypic trends for weaning weight (W205) of Nelore animals between 1991 and 2018 in the Legal Amazon. The file contained informations of 924,210 animals, which were born in 28 farms located in the states from the Legal Amazon. The quantification of the relationship between weight and year of born was obtained through the regression equation from the average weight (kg) in relation to the years of birth of the animals, following a linear trend, using the Excel software. In the phenotypic trend, we used phenotypic data of weaning weight, which showed an average (189.97 kg) with variation between 132.25 and 259.65 kg. There was phenotypic progress of the trait over the years with an increase of 0.65 kg over the decades. Therefore, with the increasing phenotypic trend, improvements in the environment and management in the following decades are evident.

Keywords: beef cattle, growth, genetic trend.

Introdução

A bovinocultura de corte é uma atividade de grande importância comercial para o Brasil e conta com um rebanho efetivo nacional de aproximadamente 215 milhões de cabeças, sendo a maior concentração na região Centro-Oeste e Norte (IBGE, 2019). Todavia, ainda é um segmento em desenvolvimento no que tange o melhoramento genético, principalmente no Norte do Brasil. Sendo assim faz-se necessário a implementação de diretrizes que permitam aos programas de melhoramento melhor compreensão das características produtivas expressas (DE SOUZA e al., 2019).

As informações fenotípicas dos animais é um dos fatores de fácil visualização e que possibilitam efetuar inferência sobre o progresso genético de um rebanho e do programa de melhoramento responsável. Por meio da estimação das tendências fenotípicas quantifica-se a eficiência dos procedimentos de seleção



adotados e das medidas de manejo implementadas (SILVA et al., 2018). Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estimar as tendências fenotípicas entre 1991 e 2018 para peso aos 205 dias (P205) de animais da raça Nelore na Amazônia Legal.

Material e Métodos

Foram analisados a partir de bancos de dados disponibilizados pela ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu), registros de 924.210 animais na característica peso aos 205 dias (P205) de animais da raça Nelore, nascidos entre 1991 e 2018 distribuídos entre 28 fazendas localizada nos estados pertencentes a Amazônia legal (estados da região Norte, Mato Grosso e Maranhão). Foram utilizadas as seguintes restrições: os animais deveriam ter para a característica estudada (P205) \pm três desvios-padrão do valor médio dos pesos, sendo excluídos da análise aqueles animais que excederam esta condição. Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por fazenda, ano de nascimento e estação de nascimento (seca – mai a set - e chuvosa - out a abril) e aqueles GC com menos de três animais foram excluídos. Para as análises descritivas foram utilizadas a linguagem de programação R.

A tendência fenotípica foi modelada com base em análise de regressão linear da média dos pesos (kg) em função dos anos de nascimentos dos animais, utilizando o software Excel e assumindo-se o nível de significância estatística de 5%. O modelo estatístico segue descrito abaixo:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i$$

Em que: Y_i = média dos pesos; β_0 = intercepto; β_1 = coeficiente angular; x_i = iésimo ano de nascimento; ϵ_i = erro aleatório.

Resultados e Discussão

O menor e maior peso observados foram 132,25 kg no ano de 1991 e 259,65 kg em 2016, respectivamente (Tabela 1). Os coeficientes de variação (CV) se mantiveram entre 10 e 11%, o que indica homogeneidade nos dados analisados em função do tempo e baixa dispersão em torno da média. Nesse sentido é possível observar a representatividade dos dados coletados pela ABCZ na região da Amazônia e o aumento de fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ).

Tabela 1. Média de peso ao desmame (P205), desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV) e valores mínimos e máximos, por ano de nascimento, em bovinos da raça Nelore criados na Amazônia Legal.

Anos	N	Média (kg) \pm DP	Mínimo (kg)	Máximo (kg)	CV (%)
1991	1.130	180,89 \pm 19,46	132,25	229,53	10,76
1994	1.703	183,62 \pm 19,27	135,44	231,81	10,50
1997	2.768	187,78 \pm 21,35	134,40	241,15	11,37
2000	2.685	186,92 \pm 20,66	135,27	238,57	11,05
2003	5.592	188,65 \pm 22,32	132,85	244,45	11,83
2006	8.061	188,79 \pm 21,00	136,28	241,30	11,13
2009	19.012	194,12 \pm 22,37	138,21	250,04	11,52
2012	17.078	198,24 \pm 23,56	139,35	257,14	11,88
2015	19.960	198,87 \pm 23,69	139,65	258,09	11,91
2018	5.466	194,09 \pm 23,92	138,36	249,81	12,32
Total / Médias	9.207	189,97 \pm 21,55	136,24	243,71	11,33

O peso ajustado apresentou tendência de crescimento ao longo dos anos. Acima do valor obtido por Amaral et al (2014) que relatou uma média de 168,78 \pm 28,41 kg. Em 1991 foi observada a menor média (180,89 kg) e em 2017, a maior (199,85 kg). O valor médio elevado apresentado para a característica pode estar relacionado com o ambiente tropical nos estados pertencentes a Amazônia Legal, na qual estão cada vez mais adaptando o sistema produtivo para a criação de gado de corte, refletindo nos percentuais da produtividade que se expandem cada vez mais em relação a nível nacional. Além disso, o peso aos desmame

tem grande importância, pois animais desmamados mais pesados estão sujeitos a serem mais pesados na fase adulta.

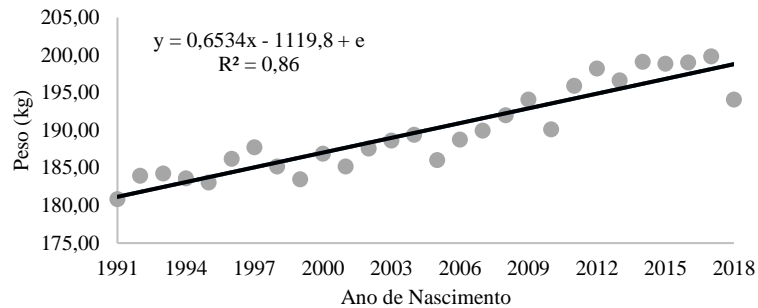


Figura 1. Evolução do de peso ao desmame (P205) em relação aos anos de nascimentos dos animais.

O uso da equação foi utilizado para quantificar o comportamento da variável P205 em função do ano de nascimento. A tendência fenotípica (Fig.1), indica estar havendo progresso fenotípico na população avaliada ($P < 0,05$), ou seja, a característica produtiva associou-se positivamente ao ano de nascimento com o acréscimo de 0,65 kg nos pesos por ano. Observa-se que o valor observado do coeficiente de determinação (0,86) indicou um adequado ajuste do modelo aos dados. Com os resultados apresentados, é possível inferir que o potencial genético dos rebanhos e os fatores ambientais em que os animais foram submetidos tem contribuído para a evolução crescente da característica. Além disso, o peso ajustado aos 205 dias pode ser utilizado como critério de seleção devido a evolução dos dados nos anos estudados e sua variabilidade observada.

Conclusão

O peso ao desmame de bovinos da raça Nelore criados na Amazônia Legal apresenta progresso fenotípico crescente, o que evidencia melhorias genéticas dos rebanhos, fruto da participação dos rebanhos em programa de melhoramento genético e melhorias de ambiente, como adequações de tecnologias de manejo para a realidade amazônica. Isso nos permite afirmar que a criação de bovinos de corte na Amazônia Legal caminha em um sentido de criação sustentável, com intensificação da criação dos animais e uso mais eficiente da terra.

Agradecimentos

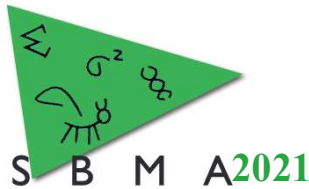
Agradeço a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) pela disponibilização dos dados para realização desse estudo e ao grupo de estudo de Melhoramento Genético Animal na Amazônia - MeGA.

Literatura citada

Amaral R.S., Carneiro P.L.S., Filho R.M., Ambrosini D.P. & Malhado C.H.M. 2014. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista brasileira de saúde produção animal**, 15, 2.

Silva T.L., Fonseca W.J.L., Santos M.R.A., De Souza A.C.S., Rezende M.P.G., Carneiro P.L.S., Filho R.M. & 2018. Parâmetros e tendências genéticas da idade ao primeiro parto em raças zebuínas criadas no norte e nordeste do Brasil. **Livestock Research for Rural Development**, 30, 146.

Souza C.S., Da Fonseca F.J.P., Da Silva L.O.C., De Arruda R.M.S., Gondo A. & Freitas J.A. 2018. Parâmetros e tendências genéticas para características produtivas de bovinos da raça Nelore. **Ciência animal brasileira**, 19, 1-8.



Desempenho ponderal na fase pré-desmame das progênes de touros Angus, Limousin e Wagyu acasalados com vacas Nelore e cruzada

Christhian Borges de Souza^{1*}, Karla Izidio Latta², André Luís Romeiro de Lima³, Gabriel de Moraes Pereira⁴, Andrei Pereira Neves⁵, Thiago Luís Alves de Araújo⁶, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior⁷, Rodrigo da Costa Gomes⁷, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes⁷.

¹Graduando, Zootecnia da UCDB, Campo Grande, MS, Brasil.

²Mestranda, Programa de Pós Graduação em Ciência Animal da UFMS, Campo Grande, MS, Brasil.

³Mestrando, Programa de Pós Graduação em Ciência Animal da UFMS, Aquidauana, MS, Brasil.

⁴Doutorando, Programa de Pós Graduação em Ciência Animal da UFMS, Campo Grande, MS, Brasil.

⁵Zootecnista, Senar, MS, Brasil.

⁶Egresso, Programa de Pós Graduação em Ciência animal da UFC, Fortaleza, CE, Brasil.

⁷Pesquisador, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

*Autor correspondente: christhianborges4774@gmail.com

Resumo: A utilização de cruzamentos em bovinos de corte tem sido adotada como alternativa para aumentar a produtividade em sistemas de produção de carne, onde animais de origem europeia são mais utilizados como raça paterna em cruzamentos. Diante disto, objetivou-se avaliar o desempenho pré-desmame de progênes de touros Angus, Limousin e Wagyu com vacas nelore e cruzadas. Utilizou-se 159 progênes, pesadas ao nascimento (PN) e ao desmame (PD), calculando assim o ganho de peso médio diário (GMD). Os dados foram submetidos à análise de máxima verossimilhança restrita (REML) e para comparação das médias adotou-se o teste Tukey-Kramer a 5%. Não houve diferença significativa ($P>0,05$) para PN entre os grupos genéticos avaliados. Já para PD e GMD, filhos de touros Angus apresentaram resultado superior ($P<0,05$) em relação as progênes de Wagyu, enquanto as progênes de touros Limousin não se diferenciaram estatisticamente das demais. Progênes de touros Angus tem desempenho ponderal na fase pré-desmame superior as progênes de touros Wagyu, enquanto que os descendentes de Limousin são intermediários não se distinguindo das outras duas raças paternas avaliadas.

Palavras-chave: complementariedade, heterose, peso ao desmame.

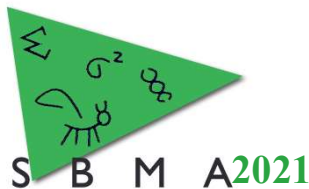
Growth performance in the pre-weaning phase of the progenies of Angus, Limousine and Wagyu bulls mated with Nelore and crossbred cows

Abstract: Crossbreeding in beef cattle has been used as a strategy to increase productivity for production systems, where animals of taurine origin are commonly used as paternal breed in crossbreeding systems. Thus, the objective was to evaluate the pre-weaning performance of progenies of Angus, Limousine and Wagyu bulls mated with Nelore and crossbred cows. Records of 159 animals evaluated for birth weight (BW), weaning weight (WW) and average daily gain (ADG) were used. Data were subjected to restricted maximum likelihood analysis (REML) and the Tukey-Kramer test at 5% was used to compare means. There was no significant difference ($P>0.05$) for BW among genetic groups evaluated. For WW and ADG, Angus bulls progenies presented higher results ($P<0.05$) in relation to Wagyu progenies, while progenies of Limousine bulls did not differ statistically from the other. Angus bull progenies presented growth performance in the pre-weaning phase superior to Wagyu bull progenies, while Limousine descendants showed intermediary results not differing from the other two breeds of bulls.

Keywords: complementarity, heterosis, weaning weight.

Introdução

A utilização de cruzamentos em bovinos de corte tem sido adotada como alternativa para aumentar a produtividade em sistemas de produção de carne, bem como a qualidade do produto (Rosa et



al., 2013). Desta forma, animais de origem europeia são os mais indicados como raça paterna, já quanto a raça materna recomenda-se o uso de raças zebuínas (Ribeiro et al., 2008). Com base nisto, cruzamentos simples exploram a heterose individual e complementariedade, onde o zebu imprime a adaptabilidade ao clima tropical e o taurino a qualidade de carcaça e desempenho superior (Artmann et al., 2014). Já os cruzamentos triplos permitem explorar o efeito da heterose materna, onde matrizes cruzadas apresentam melhor desempenho reprodutivo e desmamam bezerros com maiores pesos por consequência do maior aporte de leite as crias (Kinghorn et al., 2016). Diante disto, objetivou-se avaliar o desempenho ponderal na fase pré-desmame de progênies de touros das raças Angus, Limousin e Wagyu acasalados com vacas Nelore e cruzadas.

Material e Métodos

O estudo foi conduzido no Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte da Embrapa, localizado em Campo Grande, Mato Grosso do Sul. Foram avaliados 159 animais cruzados no período pré-desmame durante duas safras (2017-18 e 2018-19) sendo 88 machos e 71 fêmeas. Os grupos genéticos estão descritos na Tabela 1, como originários do acasalamento entre matrizes contemporâneas Nelore (NE), $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nelore (AN) e $\frac{1}{2}$ Caracu + $\frac{1}{2}$ Nelore (CN) nascidas em 2007, 2008 e 2009 com doze touros Angus, oito Limousin e seis Wagyu, por meio da técnica de inseminação artificial em tempo fixo (IATF). Para a produção das matrizes e dos animais experimentais, foram escolhidos touros de diferentes linhagens, de cada uma das raças, visando obter boa representatividade do potencial genético das mesmas.

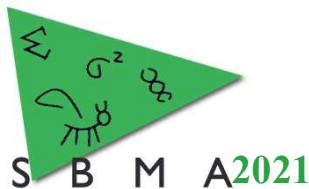
Tabela 1. Grupo genéticos de animais avaliados no estudo.

Raças paternas	¹ Grupos genéticos maternos		
	AN	CN	NE
Angus	$\frac{3}{4}$ Angus + $\frac{1}{4}$ Nelore (n=15)	$\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{4}$ Caracu + $\frac{1}{4}$ Nelore (n=15)	$\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nelore (n=21)
Wagyu	$\frac{1}{2}$ Wagyu + $\frac{1}{4}$ Angus + $\frac{1}{4}$ Nelore (n=15)	$\frac{1}{2}$ Wagyu + $\frac{1}{4}$ Caracu + $\frac{1}{4}$ Nelore (n=16)	$\frac{1}{2}$ Wagyu + $\frac{1}{2}$ Nelore (n=25)
Limousin	$\frac{1}{2}$ Limousin + $\frac{1}{4}$ Angus + $\frac{1}{4}$ Nelore (n=14)	$\frac{1}{2}$ Limousin + $\frac{1}{4}$ Caracu + $\frac{1}{4}$ Nelore (n=10)	$\frac{1}{2}$ Limousin + $\frac{1}{2}$ Nelore (n=28)

¹AN: $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nelore; CN: $\frac{1}{2}$ Caracu + $\frac{1}{2}$ Nelore; NE: Nelore.

A estação de monta ocorreu entre Novembro e Janeiro, onde as vacas permaneceram em pastagens do gênero *Brachiaria* spp. e *Panicum* spp., com lotação aproximada de uma unidade animal por hectare, respeitando as alturas de entradas e saída conforme o preconizado pelas forrageiras em uso. Durante todo o período foi fornecida suplementação mineral. Os bezerros foram pesados ao nascimento (PN) e ao desmame (PD), possibilitando a obtenção do ganho de peso médio diário (GMD).

Os efeitos dos grupos genéticos paternos sobre as características descritas foram investigados em análise de máxima verossimilhança restrita (REML), ajustando-se modelo misto por meio do PROC MIXED do SAS. Como efeitos fixos, adotou-se o grupo contemporâneo, grupo genético paterno, grupo genético materno e interação entre grupos genéticos paternos e maternos. A idade da vaca ao parto e o desvio da data de nascimento do bezerro em relação ao dia médio da época de nascimento aninhado dentro do grupo contemporâneo foram considerados como covariáveis lineares. Grupo contemporâneo foi composto por indivíduos da mesma safra de nascimento, época de parição e sexo. Como efeito aleatório foi considerado o touro aninhado dentro de grupo genético paterno. Para comparação das médias de quadrados mínimos, utilizou-se o teste ajustado Tukey-Kramer com nível de significância de 5%.



Resultados e Discussão

Não houve diferença significativa ($P>0,05$) para PN (Tabela 2) entre os grupos genéticos avaliados. Diesel et al., (2011) relataram progênies de touros Limousin com maior PN que de touros Angus, algo esperado por ser uma raça de maior porte. Em relação à PD e GMD, filhos de touros Angus apresentaram resultados superiores ($P<0,05$) em relação às progênies de Wagyu, enquanto as progênies de touros Limousin não se diferenciaram estatisticamente das demais (Tabela 2). Tullio et al. (2010) estudando progênies de touros Angus e Wagyu cruzados com vacas $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Simental e $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Angus, relataram resultados similares aos aqui encontrados, sendo que essa superioridade do Angus em relação ao Wagyu em desempenho ponderal pode ser explicada pelo maior foco seletivo para caracteres de crescimento dado pelo criadores de Angus em comparação aos de Wagyu.

Tabela 2 - Média de quadrados mínimos e seus respectivos erros-padrão para as variáveis de desempenho na fase pré-desmame de acordo com o grupo genético paterno.

¹ Variáveis	² Grupo Genético do Touro			
	ANG	LIM	WAG	P>F ²
PN (kg)	33,02 ± 0,69	34,28 ± 0,76	32,26 ± 0,96	0,1884
PD (kg)	231,56 ± 5,10 a	223,54 ± 5,61ab	207,66 ± 5,47 b	0,0187
GMD (kg)	0,839 ± 0,1 a	0,792 ± 0,01 ab	0,754 ± 0,01 b	0,0091

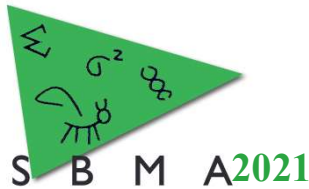
¹PN: peso ao nascimento; PD: peso ao desmame; GMD: ganho de peso médio diário. ²ANG: Angus; LIM: Limousin; WAG: Wagyu. Médias seguidas por letras distintas numa mesma linha diferem entre si de acordo com o teste ajustado Tukey-Kramer ($\alpha = 0,05$). Probabilidade de erro tipo I.

Conclusão

Progênies de touros Angus tem desempenho ponderal na fase pré-desmame superior as progênies de touros Wagyu, enquanto que os descendentes de Limousin são intermediários não se distinguindo das outras duas raças de touros avaliadas.

Literatura citada

- Artmann T.A., Toma H.S., Pinheiro J.L.M., Romero J., Carvalho A.M. & Toma C.D.T. 2014. Melhoramento genético de bovinos $\frac{1}{2}$ sangue taurino $\frac{1}{2}$ zebuino no Brasil. **Revista Científica de Medicina Veterinária**, 12, 22.
- Diesel T.A., Alencar M.M. & Tulio R.R. 2011. Desempenho de bezerros, machos e fêmeas, de diferentes grupos genéticos na pré-desmama. Anais: Inovações tecnológicas e mercado consumidor. In: XXI Congresso Brasileiro de Zootecnia, 2011, Maceió.
- Kinghorn B., Werf J.V.D. & Ryan M. 2016. **Melhoramento animal: Uso de novas tecnologias**. Piracicaba: FEALQ, 2016.
- Rosa A.N.F., Menezes G.R.O. & Egito A.A. 2013. **Recursos genéticos e estratégias de melhoramento**. In: Rosa A.N.F., Martins E.N., Menezes G.R.O. & Silva L.O.C. (Ed.), Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa. (pp. 11-26), Campo Grande: Embrapa Gado de Corte.
- Ribeiro E.L.D.A., Hernandez J.A., Zanella E.L., Mizubuti I.Y., Silva L.D.F. & Reeves J.J. 2008. Desempenho e características de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 37, 1669–1673.
- Tullio R.R., Vieira L.D.C., Alencar M.M., Mancini P.C., do Nascimento M.L. & da Cruz G.M. 2010. Desempenho de bovinos machos e fêmeas filhos de vacas cruzadas $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nelore e $\frac{1}{2}$ Simental + $\frac{1}{2}$ Nelore acasaladas com touros Angus e Wagyu, terminados em confinamento. Anais: Empreendedorismo e progresso científico na zootecnia brasileira de vanguarda. In: 47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2010, Salvador.



Inclusão do consumo alimentar residual na composição do índice de qualificação genética do Programa Embrapa Geneplus para a raça Senepol

Christian Borges de Souza^{1*}, André Luis Romeiro de Lima², Gabriel de Moraes Pereira³, Karla Izidio Latta⁴, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior⁵, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes⁵.

¹Graduando, Zootecnia da UCDB, Campo Grande, MS, Brasil.

²Mestrando, Programa de Pós Graduação em Ciência Animal da UEMS, Aquidauana, MS, Brasil.

³Doutorando, Programa de Pós Graduação em Ciência Animal da UFMS, Campo Grande, MS, Brasil.

⁴Mestranda, Programa de Pós Graduação em Ciência Animal da UFMS, Campo Grande, MS, Brasil.

⁵Pesquisador, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

*Autor correspondente: christianborges4774@gmail.com

Resumo: O consumo alimentar residual (CAR) é uma medida adotada para selecionar indivíduos mais eficientes no uso de alimentos. Diante disto, objetivou-se avaliar o impacto de diferentes ponderações para CAR no índice de qualificação genética (IQG) em relação a classificação de touros na raça Senepol. Foram utilizadas cinco propostas alternativas de IQG, com 5, 7 e 10% de inclusão. Realizou-se correlações lineares de Pearson envolvendo as propostas de IQG com o atual. Posteriormente, foram obtidos os níveis de coincidência de touros nos percentis TOP 1 e 10%. As correlações obtidas entre as propostas alternativas de IQG, e com o IQG atual, apresentaram valores acima de 0,99. Já em relação aos níveis de coincidência entre os IQG'S testes, todos apresentaram valores acima de 90%. A inclusão do CAR até 10% na composição IQG tem pequeno efeito na classificação de touros na raça Senepol.

Palavras-chave: eficiência alimentar, índices de seleção, taurino tropical.

Inclusion of residual feed intake in the composition of selection indices of the Embrapa Geneplus Program for Senepol cattle

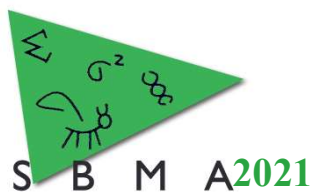
Abstract: Residual feed intake (RFI) is the measure adopted to select individuals more efficient in the use of food. Thus, the objective was to evaluate the impact of different weightings for RFI on index of qualification genetic SI in relation to the classification of bulls in the Senepol cattle. Five alternative proposals of SI, with 5, 7 and 10% inclusion, were used. Pearson linear correlations were performed involving the SI proposals with the current. Subsequently, the levels of coincidence bull were obtained in the TOP 1 and 10% percentiles. The correlations obtained between the alternative proposals of SI, and with the current SI, presented values above 0,99. In relation to the levels of coincidence between the SI tests, all presented values above 90%. The inclusion of RFI up to 10% in SI composition has little effect on the classification of bulls in the Senepol cattle.

Keywords: food efficiency, selection indexes, tropical taurine.

Introdução

Os índices de seleção têm como intuito agregar à contribuição genética de um animal com base em diversos critérios alinhados ao objetivo de seleção, ponderando as características de acordo com seus respectivos graus de importância, combinando-as em um valor classificatório único (Nobre et al., 2016). Desde 2011, a raça Senepol conta com um índice, proposto pelo Programa Embrapa Geneplus, o qual é composto por caracteres ligados ao desempenho ponderal, habilidade materna, precocidade e qualidade de carcaça e é denominado Índice de Qualificação Genética (IQG).

Em 2019, valores genéticos genômicos foram disponibilizados para consumo alimentar residual (CAR) para a raça Senepol, os quais expressos como Diferença Esperada na Progenie (DEP). O CAR é uma medida adotada para selecionar indivíduos mais eficientes no uso de alimentos (Medeiros et al., 2013) e sua inclusão no IQG parece estratégica diante do grande impacto da alimentação nos custos de produção da carne bovina, especialmente em sistemas mais intensivos. Com objetivo de propor a inserção do CAR na composição do IQG, avaliou-se o impacto de diferentes ponderações para CAR no IQG em relação à classificação de touros na raça Senepol.



Material e Métodos

O estudo foi realizado, com base em informações pertencentes ao banco de dados do Programa Embrapa Geneplus, contendo os resultados da avaliação genética genômica do ano de 2020, incluindo 1825 touros da raça Senepol. Com estes resultados foram analisadas cinco novas propostas alternativas de IQG para inclusão do CAR, com ponderação de 5, 7 e 10% descritos na Tabela 1. As propostas de IQG foram aplicadas ao *software* GP PLUS de entrega de resultados aos criadores obtendo desta forma, diferentes valores de IQG's para cada touro, com base nas alternativas e no IQG atualmente utilizado (IQGb). Com o intuito de avaliar as mudanças na classificação, estimou-se as correlações Lineares de Pearson entre o IQGb e as cinco alternativas. E adicionalmente avaliou-se o nível de coincidência de touros nos percentis TOP 1 e 10%.

Tabela 1. Propostas alternativas de índices de Qualificação genética (IQG) testadas e o (IQGb) atualmente utilizado e seus respectivos pesos para determinadas características.

IQG ¹	Característica ²								
	PN	PS	GPD	PES	CFS	AOL	TMD	EGS	CAR
IQGb	5%	15%	10%	20%	10%	10%	25%	5%	0%
IQG (5)	5%	15%	10%	20%	10%	10%	20%	5%	5%
IQG (7)	5%	15%	10%	19%	10%	10%	19%	5%	7%
IQG (10)	5%	14%	10%	19%	9%	9%	19%	5%	10%
IQG _{TMD} (7)	5%	14%	10%	19%	10%	10%	20%	5%	7%
IQG _{TMD} (10)	5%	14%	9%	19%	9%	9%	20%	5%	10%

¹IQGb: IQG atual; IQG (5, 7, 10): IQG com 5, 7 e 10% de inclusão do CAR, respectivamente. IQG_{TMD} (7, 10): IQG com total maternal a desmama fixo à 20%, com 7 e 10% de inclusão do CAR, respectivamente.

²PN: peso ao nascer; PS: peso ao sobreano; GPD: ganho médio diário pós-desmama; PES: perímetro escrotal ao sobreano; CFS: conformação frigorífica ao sobreano; AOL: área de olho de lombo; TMD: total maternal a desmama; EGS: espessura de gordura subcutânea; CAR: consumo alimentar residual.

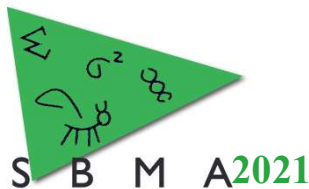
Resultados e Discussão

Todas as correlações obtidas entre as propostas alternativas de IQG testadas com o atual, apresentaram valores positivos e de alta magnitude, acima de 0,99 (Tabela 2), resultando em pouca mudança nos valores referentes aos IQG'S da população analisada. Fato interessante, pois permite que a inclusão do CAR não afete negativamente as demais características, mantendo a contribuição das mesmas em relação ao índice de seleção.

Tabela 2. Correlações lineares de Pearson envolvendo as propostas alternativas de índices de Qualificação genética (IQG) testadas e o (IQGb) atualmente utilizado.

	IQGb	IQG (5)	IQG (7)	IQG (10)	IQG _{TMD} (7)	IQG _{TMD} (10)
IQGb ¹	1	0,997	0,995	0,992	0,996	0,993
IQG (5)		1	1,000	0,998	1,000	0,998
IQG (7)			1	0,999	1,000	0,999
IQG (10)				1	0,999	1,000
IQG _{TMD} (7)					1	0,999
IQG _{TMD} (10)						1

¹IQGb: IQG atual; IQG (5, 7, 10): IQG com 5, 7 e 10% de inclusão do CAR, respectivamente. IQG_{TMD} (7, 10): IQG com total maternal a desmama fixo à 20%, com 7 e 10% de inclusão do CAR, respectivamente.



Quanto aos níveis de coincidência apresentaram valores acima de 90% (Tabela 3), independente do Índice e também dos percentis (1 e 10%) analisados. Portanto a inclusão do CAR até 10% no IQG da raça Senepol não leva a grandes variações nas posições dos touros dentro do ranking, permanecendo os mesmos, em sua maioria.

Tabela 3. Níveis de coincidência entre as propostas alternativas de (IQG) e o (IQGb) atualmente utilizado dentro dos percentis TOP 1% (diagonal superior) e TOP 10% (diagonal inferior).

TOP 1%						
	IQGb	IQG (5)	IQG (7)	IQG (10)	IQG _{TMD} (7)	IQG _{TMD} (10)
IQGb ¹	-	0,911	0,922	0,900	0,933	0,911
IQG (5)	0,974	-	1,000	0,965	1,000	0,977
IQG (7)	0,943	0,968	-	0,956	1,000	0,967
IQG (10)	0,910	0,923	0,947	-	0,967	0,978
IQG _{TMD} (7)	0,949	0,960	0,987	0,952	-	0,957
IQG _{TMD} (10)	0,931	0,944	0,967	0,979	0,964	-

TOP 10%

¹IQGb: IQG atual; IQG (5, 7, 10): IQG com 5, 7 e 10% de inclusão do CAR, respectivamente. IQG_{TMD} (7, 10): IQG com total maternal a desmama fixo à 20%, com 7 e 10% de inclusão do CAR, respectivamente.

Conclusão

A inclusão do consumo alimentar residual até 10% na composição do índice de qualificação genética tem pequeno efeito na classificação de touros na raça Senepol.

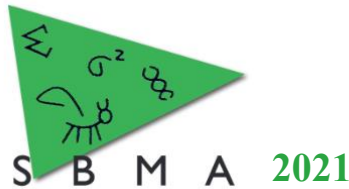
Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer ao Programa de melhoramento genético Embrapa Geneplus, a Embrapa Gado de Corte e a Associação Brasileira dos Criadores Bovinos Senepol e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e tecnológico pela oportunidade de crescimento profissional e pelo apoio da bolsa de iniciação científica concedida ao primeiro autor.

Literatura citada

Medeiros S.R., Gomes R.C., Macedo G.G., Albertine T.Z., Souza A.R.D.L., Reis F.R., Paulino P.V.R. & Lanna D.P. 2013. **Eficiência nutricional: chave para a produção sustentável de carne bovina.** In: Rosa A.N.F., Martins E.N., Menezes G.R.O. & Silva L.O.C. (Ed.) Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Embrapa Geneplus. (pp. 61-74), Campo-Grande: Embrapa Gado de Corte.

Nobre P.R.C., Andrea G., Menezes G.R.O., Torres Junior R.A.A., Silva L.O.C., Silva L.M. & Peixoto L.R. 2016. **Sumário de touros Senepol Geneplus-Embrapa.** Brasília, DF: Embrapa Livro técnico: Disponível em: pdf. Acesso em: 13 de agosto de 2021.



Efeito da idade da mãe sobre características do bovino Montana Composto Tropical®

Gerardo Mamani^{1*}, Luis Telo da Gama², Joanir Pereira Eler³, Elisângela Chicaroni de Mattos³, Gabriela Giacomini⁴, João Luis Oliveira⁴, Rafael Nuñez Dominguez⁵, Bruna Folegatti Santana⁶, Gabriel Costa Medeiros³, José Bento Sterman Ferraz³

¹Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional del Altiplano, Puno, Perú.

²Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal.

³Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil

⁴Associação Internacional de Criadores de Montana

⁵Universidad Autónoma de Chapingo, México

⁶Department of Animal Science, University of Connecticut, USA.

*Autor correspondente: gerardocmamani@gmail.com

Resumo: O objetivo do estudo foi avaliar o efeito da idade da vaca ao parto nas características de crescimento e de carcaça dos bovinos Montana Composto Tropical®. O modelo adotado incluía a composição racial do indivíduo, a composição racial materna, a heterozigose e a idade da vaca como efeito linear e quadrático. Os resultados mostraram um efeito significativo da idade da vaca nas características avaliadas, exceto na resistência a parasitas e no marmoreio. Na maioria das características se observou uma diminuição no seu valor quando a idade da vaca foi superior aos deis anos. Se conclui que a idade deve ser considerada nos modelos de avaliação porque tem um efeito significativo nas características e considerar os resultados para manter as vacas na fazenda como produtoras de bezerros.

Palavras-chave: Montana Composto tropical, idade da vaca, peso vivo, carcaça.

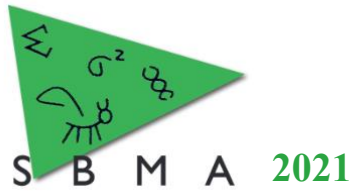
Effect of dam's age on Montana Tropical Compost® cattle traits

Abstract: The aim of the study was to evaluate the effect of dam's age at calving on growth and carcass characteristics of the composite Montana Tropical® beef cattle. The adopted model includes the individual's racial composition, maternal racial composition, heterozygosity, and the age of the dams as linear and quadratic effects. The results showed a significant effect of the dam's age on the evaluated traits, except for resistance to parasites and marbling. In most characteristics, a decrease was observed when the the dam was older r than 10 years. The conclusion is that the age factor must be considered in the evaluation models because it has a significant effect on traits and should be considered to keep cows on the farm as calf producers.

Keywords: birth weight, carcass, heterosis, Montana Tropical.

Introdução

O Montana Tropical® é uma raça composta desenvolvida para sistemas de gado de corte sob condições tropicais e subtropicais de pastejo. O Montana Tropical®, que começou em 1994 (Ferraz, Eller, Dias, & Golden, 2002), esta formado por tipos biológicos combinando indivíduos *Bos taurus indicus* e *Bos taurus taurus*, isto para aproveitar a heterose e a complementariedade das raças. Nos sistemas de pastejo é desejável se saber o quanto a idade da vaca influencia as características produtivas dos seus bezerros e conhecer o momento certo para retirar a vaca do sistema produtivo sem afeitar a lucratividade. Segundo Smith et al., (1976) e Rutledge et al., (1971) a idade da vaca ao momento do parto é importante no peso ao nascimento e para o peso à desmama. Há estudos que indicam que vacas mais velhas também tendem a produzir bezerros leves. Portanto, seria bom saber até que idade é bom ter as vacas na fazenda para produzir bezerros. Os objetivos do presente trabalho foram avaliar o efeito da idade da vaca nas características do bovino composto tropical Montana Composto Tropical®.



Material e Métodos

Foram analisados registros de características como: peso ao nascer, peso à desmama, peso aos 12 meses, perímetro escrotal, musculosidade, resistência a ectoparasitas, comprimento do umbigo aos 12 meses, área de olho de lombo, espessura de gordura entre a 12ª e 13ª costela, espessura de gordura na picanha, marmoreio em bovinos compostos Montana Composto Tropical®. A descrição dos dados está na Tabela 1.

As análises foram feitas segundo o seguinte modelo geral: $y_i = \mu + CR + CRM + H + HM + Xb + b_1(x_i - \bar{x}) + b_2(x_i - \bar{x})^2 + e_i$. Em que: y_i é a característica avaliada; μ , o intercepto; CR , a composição racial do animal; CRM , a composição racial materna; H , os diferentes níveis de heterozigose entre as raças e grupos; HM ; a heterozigose maternal total; x_i a idade da vaca (idade da mãe do animal cuja característica foi estimada); b_1 e b_2 , os coeficientes de regressão linear e quadrático de y_i , considerando a idade da vaca (x_i); \bar{x} , a média das idades das vacas.

Resultados e Discussão

Os resultados após a análise estatística mostram que a idade da vaca ao parto como covariável linear e quadrática influenciou significativamente em todas as características avaliadas exceto na resistência a ectoparasitas e no marmoreio. Na Figura 1, podemos ver que em torno aos 8 e 10 anos de idade da vaca se observa os maiores pesos ao nascimento, peso à desmama, perímetro escrotal, musculosidade, área de olho de lombo, espessura de gordura na picanha. E em torno aos 6 anos se observa os maiores valores de espessura de gordura na costela. Segundo Souza et al. (2000), fêmeas Nelore com uma idade menor a 36 meses e superior a 174 meses produz bezerras mais leves.

Tabela 1. Número de dados (N), média e desvio padrão (DP) das características avaliadas de bovinos Montana Composto Tropical®.

Característica	N	Média	DP
Peso ao nascer (kg)	367.518	33,37	4,98
Peso à desmama (kg)	386.962	194,44	39,06
Peso aos 12 meses (kg)	153.646	272,74	59,24
Ganho pós desmama (kg)	149.938	77,12	49,96
Perímetro escrotal (cm)	56.444	28,53	4,26
Musculosidade (escala 1 a 6)	135.975	4,29	1,16
Resistência a ectoparasitas (escala 1 a 6)	52.880	4,64	1,10
Umbigo (cm)	123.083	2,05	0,95
Área de olho de lombo (cm ²)	12.711	61,25	14,07
Espessura de gordura (mm)	11.684	2,88	1,33
Espessura na picanha (mm)	11.944	3,84	2,15
Marmoreio (%)	4.013	2,93	1,14

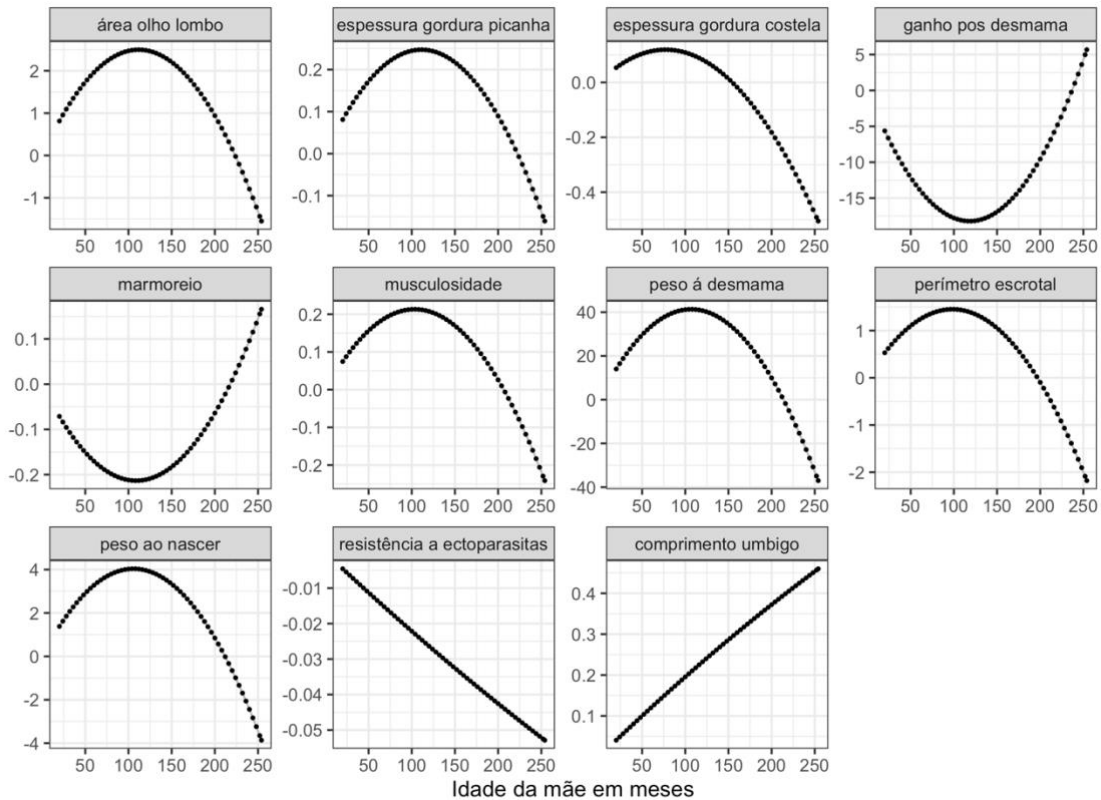


Figura 1. Curvas resultantes das análises quadráticas sobre as características em bovinos Montana Composto Tropical®.

Conclusão

A idade da vaca ao parto afeta nas características de sua progênie. Na maioria das características avaliadas no presente estudo desceram no seu valor quando a idade da vaca for maior de 10 anos.

Agradecimentos

Agradecimento à Capes, Processo 88887.571363/2020-0.

Literatura citada

Souza J.C. de, Ramos A. de A., Silva L.O.C. da, Euclides Filho K., Alencar M.M. de, Wechsler F.S. & Ferraz Filho P.B. 2000. Fatores do ambiente sobre o peso ao desmame de bezerros da raça nelore em regiões tropicais brasileiras. *Ciência Rural*, 30, 881–88.

Ferraz J.B.S., Eller J.P., Dias, F. & Golden B.L. 2002. (CO) variance component estimation for growth weights of Montana Tropical®, a Brazilian beef composite. In 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2002, Montpellier.



Comparação de sistemas de cruzamentos com touros Angus e Wagyu para a produção de carnes Premium

Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes^{1*}, Marina de Nadai Bonin Gomes², Marília Williani Filgueira Pereira², Brenda Farias da Costa Leite Lopes², Lucy Mery Antônia Surita², Jaqueline Rodrigues Ferreira², Paulo Eduardo de Oliveira Monteiro², Thiago Luís Alves Campos de Araújo³, Luis Carlos Vinhas Ítavo², Rodrigo da Costa Gomes¹

¹Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

²Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil.

*Autor correspondente: gilberto.menezes@embrapa.br

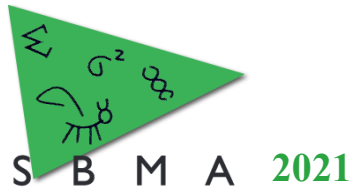
Resumo: O objetivo neste estudo foi comparar raças maternas em cruzamentos com touros Angus e Wagyu para a produção de carnes *Premium*. Foram utilizados 108 animais, machos e fêmeas, oriundos dos cruzamentos de raças paternas e maternas, respectivamente: Angus x $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nelore ($\frac{3}{4}$ Angus); Angus x Nelore ($\frac{1}{2}$ Angus), e Wagyu + $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nelore ($\frac{1}{2}$ Wagyu). Foram analisados o peso à desmama ajustado para 240 dias, peso final e ganho médio diário na recria, ganho médio diário e peso final da terminação, peso de carcaça quente, rendimento de carcaça, área de olho de lombo, espessura de gordura subcutânea, marmoreio, pH e força de cisalhamento. Grupos genéticos com maior participação da raça Angus ($\frac{3}{4}$ Angus e $\frac{1}{2}$ Angus) apresentaram maiores pesos ao final da recria e terminação, ganho de peso na terminação e maiores pesos de carcaça quente, quando comparados aos animais $\frac{1}{2}$ Wagyu. Os três grupos genéticos não diferiram quanto a área de olho de lombo, deposição de gordura subcutânea e intramuscular na carcaça, no entanto, animais $\frac{1}{2}$ Angus tiveram carne mais dura. Desta maneira recomenda-se a utilização do grupo genético $\frac{3}{4}$ Angus como a melhor alternativa para a produção eficiente de carcaças e carnes *Premium*.

Palavras-chave: Angus, Desempenho, Marmoreio, Nelore, Tricross, Wagyu.

Comparison of crossbreeding strategies using Angus and Wagyu bulls to produce Premium beef

Abstract: The aim of this study was to evaluate crossbreeding strategies using Angus and Wagyu breeds for Premium beef production. Thus, were used 108 animals, male and female, from the crossbreeding of paternal and maternal breeds, respectively: Angus x $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nellore ($\frac{3}{4}$ Angus); Angus x Nellore ($\frac{1}{2}$ Angus) e Wagyu + $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nellore ($\frac{1}{2}$ Wagyu). The weaning weight adjusted for 240 days, final weight and average daily gain during rearing and finishing phases, hot carcass weight, carcass yield, rib eye area, subcutaneous fat thickness, marbling score, pH and shear force were analyzed. The genetic groups with major percentage participation of Angus breed ($\frac{3}{4}$ Angus and $\frac{1}{2}$ Angus) presented higher final weight at the end of weaning and finishing phases, higher average daily gain on finishing and hot carcass weight when compared to $\frac{1}{2}$ Wagyu animals. There were no differences on ribeye area, backfat thickness and intramuscular fat among the evaluated groups, however $\frac{1}{2}$ Angus animals presented higher shear force values. In this way, we recommend the utilization of $\frac{3}{4}$ Angus crosses as the better alternative to efficiently produce carcasses and beef with Premium quality.

Keywords: Angus, Growth performance, Marbling, Nellore, Tri-cross, Wagyu.



Introdução

A cadeia produtiva da carne bovina destaca-se na economia brasileira, como reflexo do uso de tecnologias e melhorias nas condições de criação, bem como em virtude do progresso alcançado em razão da melhoria constante do potencial genético dos animais. O gado Zebu, juntamente aos cruzamentos com bovino de origem europeia delinearão o “modelo” de animais eficientes para produzir carne em clima tropical, como consequência da heterose e da complementaridade entre raças.

Anseios do mercado por animais com alta proporção de genética taurina, jovens ao abate, pesados com acabamento de carcaça e marmoreio adequado, ajudam a assegurar a padronização e qualidade da carne produzida, pré-requisitos para a produção de carnes *Premium*, e que demanda maior uso de tecnologias e insumos para sua produção. A raça japonesa Wagyu foi atraída para o mercado mundial de carne e tem estabelecido novos padrões de qualidade, principalmente no aspecto marmoreio. Contudo, estes animais podem não satisfazer os padrões produtivos de bovinos de corte em regiões tropicais quando a precocidade e desempenho animal são considerados.

Diante do exposto, o objetivo neste estudo foi avaliar estratégias de cruzamentos de raças maternas com touros Angus e Wagyu para produção de carne *Premium*.

Material e Métodos

Foram utilizados 108 animais, machos e fêmeas, oriundos dos cruzamentos de raças paternas e maternas, respectivamente: Angus x ½ Angus + ½ Nelore (¾ Angus); Angus x Nelore (½ Angus), e Wagyu + ½ Angus + ½ Nelore (½ Wagyu). Os animais foram obtidos por meio da inseminação artificial em tempo fixo das matrizes com sêmen dos respectivos touros em estação de monta de verão.

Durante a fase de cria os animais receberam ração de crescimento em sistema de *creep feeding*. A desmama foi realizada próximo aos 240 dias de idade, quando iniciou-se a recria em pastagem de *Brachiaria brizanta* cv. Marandu, em lotação contínua com suplementação proteico-energética. Foram realizadas pesagens periódicas para acompanhamento do desempenho animal.

No início do confinamento, os animais receberam uma ração para adaptação durante 20 dias. Após adaptação, receberam ração para crescimento, composta por farelo de amendoim, germen de milho gordo, polpa cítrica, ureia pecuária, núcleo mineral e silagem de milho, durante aproximadamente oito meses. A dieta foi formulada para conter 10,34% de proteína bruta e 1,04 Mcal/kg de energia líquida para ganho numa relação volumoso:concentrado 44,90:55,10. Posteriormente, os animais receberam ração composta por silagem de milho, polpa cítrica úmida, germen de milho gordo, cana de açúcar *in natura*, polpa cítrica, milho seco moído, farelo de amendoim, núcleo mineral e ureia pecuária; formulada para conter 13% de proteína bruta, energia líquida para ganho de 1,29 Mcal/kg e relação volumoso:concentrado 28,75:71,25. O ganho de peso médio diário foi obtido pela regressão dos pesos nas datas e pesagens. Os animais foram abatidos quando atingiram 28,5 meses de idade, em frigorífico comercial.

Após o abate as carcaças foram pesadas para determinação do peso de carcaça quente (PCQ). Posteriormente foram resfriadas a 2°C por 48 horas. Em seguida, o músculo *Longissimus thoracis* (LT) foi seccionado entre as 12ª e 13ª costelas, para mensurações da área de olho de lombo (AOL, cm²), espessura de gordura subcutânea (EGS, mm) e marmoreio (pontos). O pH do LT foi medido após 48 horas de resfriamento (pH48). Retirou-se quatro amostras de aproximadamente 2,5 cm de espessura para determinação da força de cisalhamento (FC, kg).

Para análise de peso à desmama adotou-se um modelo fixo contendo os efeitos de sexo, grupo genético, interação sexo*grupo genético, idade do animal na data da pesagem (covariável linear) e idade da mãe na desmama (covariável linear e quadrática). Para características na recria e terminação, adotou-se modelo similar ao usado para peso à desmama, retirando-se o efeito de idade da mãe na desmama. Em relação aos caracteres de abate, adicionaram-se, em relação ao usado nas duas fases anteriores, os efeitos de dia de abate e interação grupo genético*dia de abate. Médias de quadrados mínimos foram comparadas pelo teste Tukey, ao nível de 5% de significância.

Resultados e Discussão

As variáveis de desempenho animal durante as fases de recria e terminação foram influenciadas ($P < 0,05$) pelo grupo genético. Animais com maior proporção da raça Angus nos cruzamentos (¾ Angus e

½ Angus) apresentaram desempenho superior quando comparados a animais meio sangue Wagyu (½ Wagyu), como apresentado na Tabela 1. Este resultado está relacionado ao maior potencial de ganho de peso das raças Taurinas (Novo et al., 2021) aliado a estratégia intensiva de produção adotada. Este resultado refletiu maiores PCQ ($P < 0,05$) dos animais ½ Angus e ¾ Angus em relação ½ Wagyu. Embora não tenha havido influência ($P > 0,05$) do grupo genético sobre as variáveis avaliadas na carcaça, dentre as quais o marmoreio, associado parcialmente à maciez da carne, foi verificada maior força de cisalhamento ($P < 0,05$) da carne de animais ½ Angus, grupo com maior participação de genética zebuína, o que pode ter ocasionado alterações na atividade proteolítica miofibrilar *post mortem*, resultando em carnes mais duras (Bonin et al., 2020).

Tabela 1. Desempenho, características de carcaça e da carne de bovinos cruzados.

Variáveis	Grupo genético ^a			EPM ^b	P-valor
	½ Angus	½ Wagyu	¾ Angus		
Peso desmama ₂₄₀ (kg) ^c	244,19c	252,07b	274,25a	21,88	< 0,0001
Peso final da recria (kg)	586,74 ^a	521,57c	587,28a	41,52	< 0,0001
Ganho médio diário em recria (kg)	0,66 ^a	0,46b	0,54c	0,09	< 0,0001
Ganho médio diário em terminação (kg)	1,07 ^a	0,95b	1,07a	0,16	< 0,0001
Peso final da terminação (kg)	745,73 ^a	664,86b	756,36a	51,84	0,0076
Peso de carcaça quente (kg)	410,15 ^a	353,54c	402,51b	34,16	< 0,0001
Rendimento de carcaça (%)	51,99	50,62	51,69	0,02	0,3031
Área de olho de lombo (cm ²)	94,96	88,86	92,89	11,99	0,1754
Espessura de gordura subcutânea (mm)	29,15	25,15	27,48	6,78	0,1026
Marmoreio (pontos)	13,33	14,04	14,88	2,33	0,1184
pH às 48 horas	5,72 ^a	5,63b	5,72a	0,15	0,0291
Força de cisalhamento (kg)	8,60 ^a	7,18b	7,08b	1,34	0,0004

*Grupo genético: ¾ Angus = ¾ Angus + ¼ Nelore + ½ Nelore; ½ Angus = ½ Angus + ½ Nelore; ½ Wagyu = ½ Wagyu + ¼ Angus + ¼ Nelore

[§]Erro padrão da média

[†]Peso à desmama ajustado para 240 dias;

^{abc} Médias seguidas por letras distintas na mesma linha diferem entre si ($P < 0,05$).

Conclusão

Os grupos genéticos com maior participação da raça Angus apresentaram melhor desempenho, maior peso de carcaça quente e qualidade da carcaça semelhante aquele envolvendo a raça Wagyu. No entanto, o cruzamento com maior participação de raça zebuína aumentou a dureza da carne. Poderando-se essas características, recomenda-se a utilização do grupo genético ¾ Angus como a melhor alternativa para a produção eficiente de carcaças e carnes *Premium*.

Literatura citada

Bonin, M.N., Silva, S.L., Bünger, L., Ross, D., Feijó, G.L.D., Gomes, R.C., Rennó, F.P., Santana, M.H. A., Rezende, F.M., Ítavo, L.C.V., Novais, F.J., Surita, L.M.A., Bonin, M.N., Pereira, M.W.F. & Ferraz, J.B.S. 2020. Predicting the shear value and intramuscular fat in meat from Nelore cattle using Vis-NIR spectroscopy, *Meat Science*, V. 163. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108077>.

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, 100160.



Desempenho ponderal na fase pós-desmama de progênies de touros Angus, Limousin e Wagyu, acasalados com vacas Nelore e cruzadas

Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes¹, Karla Izidio Latta², André Luis Romeiro de Lima³, Christian Borges de Souza⁴, Andrei Pereira Neves⁵, Thiago Luis Alves Campos de Araújo⁶, Gabriel de Moraes Pereira², Rodrigo da Costa Gomes¹, Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior¹.

¹Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, Brasil.

³Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da UEMS, Aquidauana, MS, Brasil

⁴Graduando em Zootecnia da Universidade Católica Dom Bosco, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil.

⁵Zootecnista, Senar.

⁶Zootecnista pela Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Ceará, Brasil

*Autor correspondente: Gilberto.menezes@embrapa.br

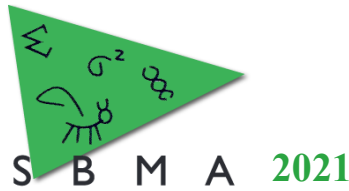
Resumo: Objetivou-se avaliar três raças taurinas como opções paternas em cruzamentos terminais quanto ao desempenho pós-desmama. Foram avaliados 159 animais (machos e fêmeas), progênies, via inseminação artificial, de touros das raças Angus (ANG), Limousin (LIM) e Wagyu (WAG) e de vacas Nelore, ½ Nelore + ½ Angus e ½ Nelore + ½ Caracu. Os animais foram criados em pastagens de *Brachiaria brizantha* cv. Marandu recebendo suplementação mineral durante a fase de recria. As características estudadas peso ao início do período pós-desmama (PIPD), peso ao final da seca (F1, de Julho a Outubro), peso ao final do período das águas (F2, de Novembro a Maio), GDMF1 (ganho médio diário ao final do período F1), GDMF2 (ganho médio diário ao final da F2) e GMDT (ganho médio diário ao final do período de recria). Para as características de PIPD progênies de ANG apresentaram maiores pesos que progênies de WAG e progênies de LIM apresentaram peso intermediário. O mesmo foi observado para os pesos ao final da F1 e peso ao final da F2, no qual progênies de touros ANG apresentaram maiores pesos do que progênies de touros WAG, com progênies de LIM com pesos intermediários. Não houve diferença significativa para as características de ganho médio diário para nenhum dos grupos genéticos paternos. Concluindo-se que o peso de progênies de touros Angus ao final do período da seca e ao final do período das águas foi maior que de progênies de touros Wagyu.

Palavras-chave: cruzamentos, recria, tricross.

Growth performance in the post-weaning phase of progenies of Angus, Limousin and Wagyu bulls, mated with Nelore and crossbred cows.

Abstract: The objective was to evaluate three taurine breeds as paternal options in terminal crossbreeding regarding post-weaning performance. A total of 159 animals (males and females) were evaluated, progenies, via artificial insemination, of bulls of the breeds Angus (ANG), Limousin (LIM) and Wagyu (WAG) and Nelore cows, ½ Nelore + ½ Angus and ½ Nelore + ½ Caracu. The animals were raised on *Brachiaria brizantha* cv. Marandu pastures receiving mineral supplementation during the rearing phase. The studied characteristics were weight at the beginning of the post-weaning period (PIPD), weight at the end of the dry period (F1, from July to October), weight at the end of the water period (F2, from November to May), GDMF1 (average daily gain at the end of the F1 period), GDMF2 (average daily gain at the end of F2) and GMDT (average daily gain at the end of the rearing period). For the PIPD traits ANG progenies showed higher weights than WAG progenies and LIM progenies showed intermediate weights. The same was observed for weights at the end of F1 and weight at the end of F2, in which progenies of ANG bulls showed higher weights than progenies of WAG bulls, with LIM progenies with intermediate weights. There was no significant difference for the average daily gain traits for any of the paternal genetic groups. In conclusion, the weight of Angus bull progeny at the end of the dry season and at the end of the wet season was higher than Wagyu bull progeny.

Keywords: crossbreeding, background, tricross.



Introdução

Nos últimos anos as raças mais utilizadas em sistemas de cruzamentos para produção de carne têm sido a raça Angus, devido sua alta fertilidade, precocidade sexual e acabamento de carcaça (Menezes et al., 2016), e a raça Wagyu, devido ao alto grau de marmorização, agregando melhor qualidade ao produto final. Contudo, além de carne de alta qualidade, produtores buscam também animais que proporcionem um bom rendimento de carcaça, características que podem ser alcançadas com a utilização de animais que apresentem elevado peso à maturidade, como é o caso de animais da raça.

O uso de raças europeias é recomendado para a linhagem paterna, por apresentar elevado ganho de peso e qualidade de carcaça, já para a linhagem materna, é indicada a utilização de raças zebuínas, pois estas apresentam adaptação ao ambiente tropical, menores exigências de manutenção (Ribeiro et al., 2008), além de apresentarem maior habilidade materna. Portanto, sistemas de cruzamento envolvendo três ou mais raças podem constituir importantes estratégias nos sistemas de produção de bovinos de corte (Euclides Filho et al., 2003).

Com isso, o objetivou-se avaliar o desempenho ponderal na fase pós-desmama das progênes de touros Angus, Limousin e Wagyu, acasalados com vacas Nelore e cruzadas.

Material e Métodos

O trabalho foi conduzido na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. Foram utilizados 193 animais cruzados, entre machos e fêmeas, oriundos da inseminação artificial de vacas $\frac{1}{2}$ Angus + $\frac{1}{2}$ Nelore, $\frac{1}{2}$ Caracu + $\frac{1}{2}$ Nelore e Nelore com touros das raças Angus (ANG), Limousin (LIM) e Wagyu (WAG).

Ao início da fase pós-desmama os animais foram alocados em pastagem formada por *Brachiaria brizantha* cv. Marandu, em pastejo de lotação contínua, recebendo, no período da seca, sal proteinado e nas águas suplemento proteico-energético.

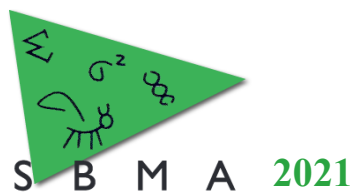
Após a realização da pesagem inicial do pós-desmama (PIPD), os animais foram divididos em doze lotes, balanceados em função do sexo, grupo genético e peso médio dos animais. Os lotes foram alocados em uma área experimental de 55 hectares, divididos em doze piquetes com média de quatro hectares e meio cada, formados por *Brachiaria brizantha* cv. Marandu. Os animais permaneceram por 12 meses nesta área em sistema de pastejo de lotação contínua, recebendo suplementação mineral, nos dois anos consecutivos.

Ao longo do período de desmame, foram realizados protocolos de vermifugação estratégica nos meses de Maio, Julho e Setembro e controle contra carrapatos e moscas na época da seca (F1, Junho a Outubro) a cada 21 dias e na época das águas (F2, Novembro a Maio) a cada 56 dias. As pesagens foram realizadas a cada 56 dias para avaliação do ganho de peso médio diário (GMD, kg/dia) nos diferentes períodos da recria, ou seja, F1 (GMD1) e F2(GMD2) e período total (GMDT).

Os efeitos dos grupos genéticos paternos sobre as características descritas foram investigados em análise de máxima verossimilhança restrita (REML), ajustando-se modelo misto por meio do PROC MIXED do SAS. Como efeitos fixos, adotou-se o grupo contemporâneo, grupo genético paterno, grupo genético materno e interação entre grupos genéticos paternos e maternos. A idade da vaca ao parto e o desvio da data de nascimento do bezerro em relação ao dia médio da época de nascimento, aninhado dentro do grupo contemporâneo, foram considerados como covariáveis lineares. Grupo contemporâneo foi composto por indivíduos da mesma safra de nascimento, época de parição e sexo. Como efeito aleatório foi considerado o touro aninhado dentro de grupo genético paterno. Para comparação das médias de quadrados mínimos, utilizou-se o teste ajustado Tukey-Kramer com nível de significância de 5%.

Resultados e Discussão

Houve diferença significativa ($P < 0,05$) para a característica de PIPR, na qual progênes de touros ANG foram desmamadas mais pesados que progênes de touros WAG e progênes de LIM apresentaram peso intermediário. Ao avaliar peso ao final da F1 e ao final da F2, foram observados maiores pesos ($P < 0,05$) para progênes de ANG, menores para progênes de WAG e progênes de LIM com pesos intermediários. O maior peso, tanto na F1, na qual houve menor disponibilidade quantitativa e qualitativa de forragem, quanto na F2 do período pós-desmama foi obtido por progênes de touros Angus,



resultado que pode ser explicado pela boa taxa de crescimento apresentada pela raça (Artmann et al., 2014). Assim, de acordo com Boligon et al. (2009), há correlações genéticas positivas entre o peso à desmama e o peso aos 2 anos de idade, indicando que os genes responsáveis por estes pesos são, em maior parte, os mesmos, assim a seleção para características de crescimento pode promover ganhos de peso corporal.

Não houve diferença ($P>0,05$) nas fases de GMDF1, GMDF2 e GMDT, indicando os maiores pesos de progênies de touros ANG em relação às de WAG, pois não houve diferença para nenhum GMD.

Tabela 1 - Média de quadrados mínimos e seus respectivos erros-padrão para as variáveis de desempenho nas fases de cria e recria de acordo com o grupo genético paterno

Variáveis ¹	Raça do Touro			
	ANG	LIM	WAG	$P>F^2$
PIPD (kg)	231,56 ± 5,10 a	223,54 ± 5,61ab	207,66 ± 5,47 b	0,0187
Peso final, F1 (kg)	269,90 ± 4,05 a	259,02 ± 4,46 ab	250,30 ± 4,45 b	0,0196
Peso final, F2(kg)	374,28 ± 5,37 a	357,73 ± 6,00 ab	346,64 ± 5,95 b	0,0104
GMDF1 (kg)	0,216 ± 0,01	0,198 ± 0,02	0,210 ± 0,02	0,8087
GMDF2 (kg)	0,556 ± 0,02	0,514 ± 0,02	0,522 ± 0,02	0,4788
GMDT (kg)	0,396 ± 0,01	0,386 ± 0,01	0,382 ± 0,01	0,7521

¹ANG = Angus, LIM = Limousin, WAG = Wagyu, F1 = fase 1 do período pós desmame, F2 = fase 2 do período pós desmame; GMD = ganho médio diário. Médias seguidas por letras distintas numa mesma linha diferem entre si de acordo com o teste ajustado Tukey-Kramer ($\alpha = 0,05$).

²Probabilidade de erro tipo I.

Conclusão

Progênies de touros Angus, Limousin e Wagyu não apresentaram diferenças no ganho de peso pós-desmama, porém o peso final de progênies de touros Angus ao final do período da seca e ao final do período das águas foi maior que de progênies de touros Wagyu.

Literatura Citada

Artmann, T. A.; Toma, H. S.; Pinheiro, J. N.; Romero, J.; Carvalho, A. M.; Monteiro, C.D. Melhoramento genético de bovinos $\frac{1}{2}$ sangue taurino x $\frac{1}{2}$ segue zebuino no Brasil. Revista Científica de Medicina Veterinária – ISSN-7353. Ano XII- Número 22. 2014

Boligon, A.A., de Albuquerque, L.G., Zerlotti Mercadante, M.E. and Lôbo, R.B. Heritability and correlations between weights from birth to maturity in Nellore cattle Revista Brasileira de Zootecnia, 38, p2320–2326. 2009

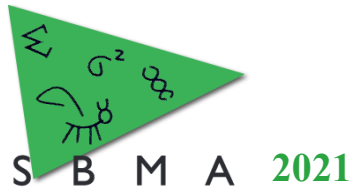
Euclides Filho, K., De Figueiredo, G.R., Euclides, V.P.B., Da Silva, L.O.C., Rocco, V., Barbosa, R.A.; Junqueira, C.E. Desempenho de diferentes grupos genéticos de bovinos de corte em confinamento Revista Brasileira de Zootecnia, 32, 1114–1122. 2003

Menezes, G.R.O.; Rosa, A. N. F.; Pereira, G. M. Cruzamentos aplicados à pecuária de corte. Informe Agropecuário, 37, p 97–107 2016.

Ribeiro, E.L.D.A., Hernandez, J.A.; Zanella, E.L.; Mizubuti, I.Y.; Silva, L. D.F.; Reeves, J.J., Revista Brasileira de Zootecnia Desempenho e características de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos Revista Brasileira de Zootecnia, 37, p1669–1673. 2008

Bovinos de Leite





Pós-GWAS aliadas a análise de variantes estruturais: genes e suas variantes potencialmente associados a resistência a carrapatos em bovinos

Cassiane Gomes dos Santos^{1*}, João Inácio Gomes Vieira², Luana Rafaela Moraes², Aline Auxiliadora Silva Fernandes², Cristina Moreira Bonafé², Ana Fabrícia Braga Magalhães², Lucas Lima Verardo²

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), Diamantina, MG, Brasil.

*Autor correspondente: cassianezootecnia@gmail.com

Resumo: Como existe variabilidade genética para resistência a carrapatos nas raças bovinas, estudos de associação genômica ampla (GWAS) já foram realizados com a finalidade de encontrar genes candidatos associados a esta característica. Neste contexto, objetivou-se construir uma rede gene-processos biológicos a partir de genes candidatos previamente identificados por um estudo selecionado, a fim de destacar os genes mais candidatos com variantes estruturais relacionados a resistência a carrapatos em bovinos. Foram identificados os genes candidatos obtidos em estudos de GWAS para resistência a carrapatos, que possuísem variantes na região 5'UTR e/ou codificante. Genes contendo tais variantes foram utilizados para a construção da rede gene-processos biológicos. Dois genes (*ACINI* e *INPP5D*) com variantes presentes em suas regiões codificantes (nssv1458898, nsv834876, nssv13469324), compartilharam alguns processos biológicos importantes do sistema imune como diferenciação de monócitos, diferenciação de célula mononuclear e em destaque a regulação da diferenciação de monócitos, os quais podem estar influenciando na resistência a carrapatos em bovinos.

Palavras-chave: ectoparasita, genoma, monócitos, sistema imunológico.

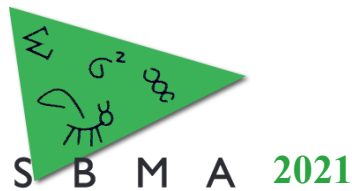
Post-GWAS combined with analysis of structural variants: genes and their variants potentially associated with tick resistance in cattle

Abstract: As there is genetic variability for tick resistance in cattle breeds, genome-wide association studies (GWAS) were carried out in order to find candidate genes associated with this trait. In this context, the objective was to build a gene-biological processes network from candidate genes previously identified by a selected study, in order to highlight the most candidate genes with structural variants related to tick resistance in cattle. Candidate genes obtained in the GWAS study were selected for resistance to ticks, which had variants in the 5'UTR and/or coding region. Genes containing such variants were used to construct the gene network. Two genes (*ACINI* and *INPP5D*) with variants present in their coding regions (nssv1458898, nsv834876, nssv13469324), shared some important biological processes of the immune system such as monocyte differentiation, mononuclear cell differentiation and in particular the regulation of monocyte differentiation, which may be influencing resistance to ticks on cattle.

Keywords: ectoparasite, genome, immune system, monocytes.

Introdução

A bovinocultura sofre enorme impacto dos efeitos de ectoparasitas, entre eles, o carrapato *Rhipicephalus microplus* é o principal dos bovinos, causando enormes prejuízos no mercado de carne, leite, couro, e na saúde animal. Ao mesmo tempo, sabe-se que existe variabilidade genética para resistência a carrapatos dentro e entre as raças bovinas. Assim, estudos de associação genômica ampla (GWAS) aliados a análises de Pós-GWAS com o conhecimento biológico dos genes subjacentes a esta característica, bem como das possíveis variantes, pode ser explorada como uma boa alternativa na busca da compreensão de sua arquitetura genética. Neste contexto, objetivou-se construir uma rede gene-processos biológicos a partir de genes candidatos previamente identificados por Mapholi et al. (2016), contendo variantes estruturais obtidas no banco de dados do ENSEMBL, a fim de destacar os genes mais candidatos com variantes estruturais relacionados a resistência a carrapatos em bovinos.



diferenciação de monócitos, diferenciação de célula mononuclear e em destaque a regulação da diferenciação de monócitos, os quais podem estar influenciando na resistência a carrapatos em bovinos. Visto que os monócitos exercem diferentes funções no decorrer de uma infecção, inflamação, lesão e cicatrização, com a finalidade de proteger o organismo de agentes estranhos (Okabe & Medzhitov 2016). Estes quando passam por diferenciação, suas funções efetoras são potencializadas, sendo capazes de induzir respostas imunológicas adaptativas de longo prazo (Witte et al., 2018). Além disso, tanto o *ACINI* quanto o *INPP5D* apresentaram variantes com impacto modificador na proteína, com consequência nas regiões codificantes dos genes (ex.: nssv1458898, nsv834876, nssv13469324). Variantes nessas regiões têm o potencial de alterar a sequência proteica, gerando ou não a perda e/ou alteração da função da proteína (Zhao et al., 2019), podendo contribuir na identificação das diferenças interindividuais em fenótipos (Wang et al., 2019). Assim, sugere-se que variantes presentes nos genes candidatos *ACINI* e *INPP5D* apresentam potencial de estarem influenciando o fenótipo resistência a carrapatos em bovinos.

Conclusão

A análise da rede gene-processos biológicos permitiu a identificação de dois possíveis genes mais candidatos associados a resistência a carrapatos em bovinos (*ACINI* e *INPP5D*). Sugere-se que esses genes desempenhem funções na característica estudada por meio de processos biológicos relacionados ao sistema imunológico e também pelas variantes presentes em suas regiões codificantes.

Agradecimentos

Gostaríamos de agradecer o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e da FAPEMIG (N.: APQ-01834-18).

Literatura citada

MAPHOLI, N.O.; MAIWASHE, A.; MATIKA, O.; RIGGIO, V.; BISHOP, S.C.; MACNEIL, M.D.; BANGA, C.; TAYLOR, J.F. & DZAMA, K. Genome-wide association study of tick resistance in South African Nguni cattle. **Ticks and tick-borne diseases**, v. 7, n. 3, p. 487-497, 2016.

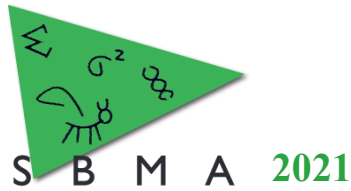
McLAREN, W.; PRITCHARD, B.; RIOS, D.; CHEN, Y.; FLICEK, P. & CUNNINGHAM, F. Deriving the consequences of genomic variants with the Ensembl API and SNP Effect Predictor. **Bioinformatics**, v. 26, n. 16, p. 2069-2070, 2010.

OKABE, Y. & MEDZHITOV, R. Tissue biology perspective on macrophages. **Nature immunology**, v. 17, n. 1, p. 9, 2016.

WANG, H.; LOU, D. & WANG, Z. Crosstalk of genetic variants, allele-specific DNA methylation, and environmental factors for complex disease risk. **Frontiers in genetics**, v. 9, p. 695, 2019.

WITTE, S.F.; LUK, F.; PARRAGA, J.M.S.; GARGESHA, M.; MERINO, A.; KOREVAAR, S.S.; SHANKAR, A.S.; O'FLYNN, L.; ELLIMAN, S.J.; ROY, D.; BETJES, M.G.H.; NEWSOME, P.N.; BAAN, C.C. & HOOGDUIJN, M.J. Immunomodulation by therapeutic mesenchymal stromal cells (MSC) is triggered through phagocytosis of MSC by monocytic cells. **Stem Cells**, v. 36, n. 4, p. 602-615, 2018.

ZHAO, Y.; FENG, Z. & DING, Q. Type 2 diabetes variants in the SLC16A11 coding region are not loss-of-function mutations. **Cell reports**, v. 29, n. 3, p. 781-784, 2019.



Anotação funcional de variantes genéticas em genes candidatos para resistência a carrapatos em bovinos

Cassiane Gomes dos Santos^{1*}, João Inácio Gomes Vieira², Luana Rafaela Moraes², Aline Auxiliadora Silva Fernandes², Cristina Moreira Bonafé², Ana Fabrícia Braga Magalhães², Lucas Lima Verardo²

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), Diamantina, MG, Brasil.

*Autor correspondente: cassiane.zootecnia@gmail.com

Resumo: Na busca para a elucidação de mecanismos moleculares de características complexas como a resistência a carrapatos em bovinos, as análises de redes gênicas constituem uma excelente estratégia. Neste contexto, objetivou-se anotar funcionalmente variantes genéticas em genes candidatos para resistência a carrapatos em bovinos. Foram analisados genes candidatos identificados por um estudo de associação genômica ampla para resistência a carrapatos em bovinos, que possuíam variantes na região 5'UTR e/ou codificante. Genes contendo tais variantes foram utilizados para a construção da rede geradores de transcrição. A análise da rede gênica permitiu a identificação de três fatores de transcrição (FOXO3, STAT3 e PPARG) com processos biológicos (ex.: regulação da diferenciação de eritrócitos, Cascata JAK-STAT, diferenciação de leucócitos mielóides e de monócitos) e sete genes candidatos (*OR4K2*, *OR4L1*, *OR4F1*, *NOR4F69*, *GPRC5C*, *SORCS3*, *PNP*) com variantes estruturais (ex.: nsv835685, esv3900320, nsv13506574, essv26319503, essv26204102) associados à resistência a carrapatos em bovinos. Sugere-se que esses genes com suas variantes e fatores de transcrição desempenham função na resistência a carrapatos em bovinos por meio dos processos biológicos relacionados.

Palavras-chave: cromossomos, fatores de transcrição, rede gênica.

Functional annotation of genetic variants in candidate genes for tick resistance in cattle

Abstract: In the search for the elucidation of molecular mechanisms of complex characteristics such as resistance to ticks in cattle, the analysis of gene networks constitutes an excellent strategy. In this context, the objective was to functionally annotate genetic variants in candidate genes for tick resistance in cattle. Candidate genes identified by a genome-wide association study for tick resistance in cattle, which had variants in the 5'UTR and/or coding region, were performed. Genes containing such variants were used to construct the gene-transcription factor network. Gene network analysis allowed the identification of three transcription factors (FOXO3, STAT3 and PPARG) with biological processes (e.g., regulation of red cell differentiation, JAK-STAT cascade, myeloid leukocyte and monocyte differentiation) and seven candidate genes (*OR4K2*, *OR4L1*, *OR4F1*, *NOR4F69*, *GPRC5C*, *SORCS3*, *PNP*) with structural variants (e.g., nsv835685, esv3900320, nsv13506574, essv26319503, essv26204102) associated with tick resistance in cattle. It is suggested that these genes with their variants and transcription factors play a role in tick resistance in cattle through related biological processes.

Keywords: chromosomes, gene network, transcription factors.

Introdução

Na busca para a elucidação de mecanismos moleculares de características complexas, como a resistência a carrapatos em bovinos, as análises de redes gênicas constituem uma excelente estratégia, assim como destacar Fatores de Transcrição (FT). Entretanto, o uso dessas redes aliadas a dados de sequenciamento, como variantes associadas a genes candidatos para anotação funcional das mesmas, ainda precisam ser apresentados de forma mais plausível e/ou consistentes. Neste contexto, objetivou-se anotar funcionalmente variantes genéticas em genes candidatos para resistência a carrapatos em bovinos.

Material e Métodos

Foi realizada uma anotação funcional de genes candidatos contendo variantes estruturais relacionados à resistência a carrapatos em bovinos por meio da construção de uma rede gene-fatores de transcrição a partir de estudo prévio realizado por Mapholi et al. (2016), que identificou regiões cromossômicas e genes candidatos associados a característica de contagem de carrapatos em bovinos da raça Nguni, por meio de estudo de associação genômica ampla (GWAS). Inicialmente, foram anotados todos os marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) e/ou janelas de SNPs associadas a possíveis genes candidatos, assim como sua posição (bp) nos respectivos cromossomos. A partir dessa anotação, os genes mapeados nas regiões flangeadoras, janelas ou ao redor de marcadores associados descritos no trabalho, foram anotados através do banco de dados GenBank do NCBI, baseados na versão atualizada do genoma bovino (ARS-UCD1.2).

Para a identificação de variantes estruturais em bovinos foi utilizado o banco de dados público do Ensembl (“ftp://ftp.ensembl.org/pub/release-101/variation/vcf/bos_taurus/”, acessado em 18 de novembro de 2020) e classificadas de acordo com sua potencial função usando a ferramenta *Ensembl Variant Effect Predictor* (VEP) tool (Web interface) (McLaren et al., 2010). Após, foram selecionados os genes candidatos que possuíssem variantes nas regiões 5' não traduzida (5' UTR) e/ou codificante. As regiões promotoras desses genes contendo tais variantes foram analisadas no programa TFM-Explorer para pesquisar sítios de ligação dos fatores de transcrição. A lista de fatores de transcrição obtida foi analisada através do programa Cytoscape via plug-in BINGO e os principais FTs relacionados a resistência a carrapatos em bovinos foram identificados com base nos processos biológicos associados e evidências da literatura, a partir dos quais foi construída uma rede gene-FT. Foi utilizada a ferramenta NetworkAnalyzer no Cytoscape para analisar a relação gene-FT.

Resultados e Discussão

A partir da análise da rede gene-FT (Figura 1) associada a evidências na literatura, foram destacados três fatores de transcrição (FOXO3, STAT3 e PPARG) com processos biológicos relacionados ao sistema imune (regulação da diferenciação de eritrócitos, Cascata JAK-STAT, diferenciação de leucócitos mieloides e de monócitos) e sete genes candidatos (*OR4K2*, *OR4L1*, *OR4F1*, *NOR4F69*, *GPRC5C*, *SORCS3*, *PNP*) com variantes estruturais (ex.: nsv835685, esv3900320, nsv13506574, esv26319503, esv26204102), como sendo mais associados a resistência a carrapatos em bovinos.

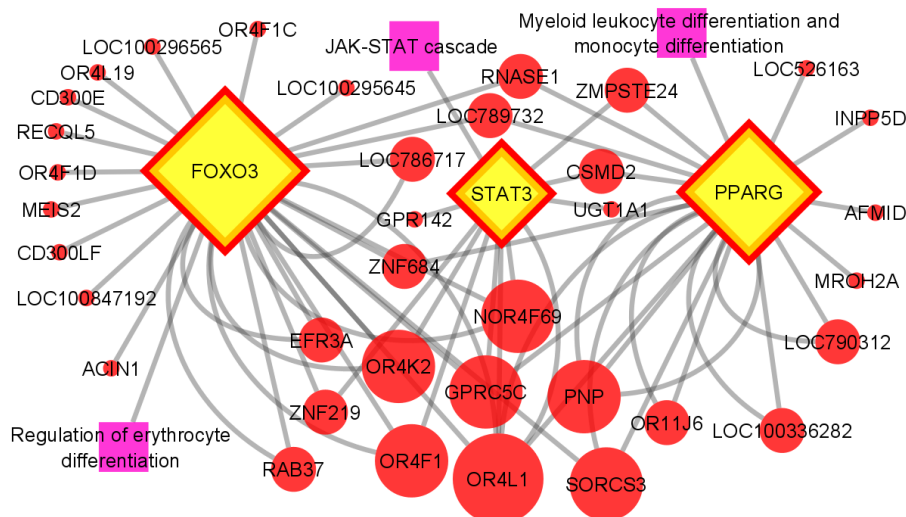
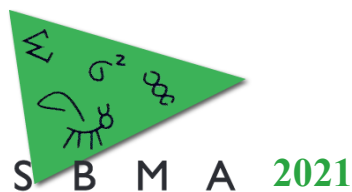


Figura 1. Rede gene-fatores de transcrição (FTs) associados à resistência a carrapatos em bovinos. Nós em forma de diamante amarelo representam os FTs associados a genes candidatos. Nós quadrados rosa escuro representam os processos biológicos associados aos FTs. O tamanho dos nós representa o enriquecimento em função dos números de sítios de ligação dos fatores de transcrição.



Entre os três principais FTs destacados na rede, o FOXO3 está relacionado com a regulação da diferenciação de células do sistema imune, e foi bem enriquecido (Figura 1). Em camundongos, a modulação da sua atividade mostrou que pode aumentar ou precaver respostas imunes (QI et al., 2020). Em bovinos Nelore, considerados geneticamente resistentes ao carrapato, foi observado que recrutavam respostas inflamatórias mais cedo em relação à raça Holandesa (Franzin et al., 2017). Assim, sugere-se que os FTs destacados sejam importantes reguladores da resposta imune, contribuindo deste modo com a resistência a carrapatos em bovinos.

Entre os sete genes candidatos destacados na rede gene- FTs, o gene *OR4L1* estava bem enriquecido com sítios de ligação para os três FTs (Figura 1). Este gene pertence à família de receptores acoplados à proteína G (GPCR), conhecidos por sua ação no sistema imune de humanos (Zabel et al., 2015). A sequência do *OR4L1* apresentou duas variantes (esv25812149 com alelos de deleção; esv3900320 com alelos de variação do número de cópia) localizadas na mesma posição (Cr.10:27459317-27478083) nas regiões 5'UTR e codificante, ambas com impacto modificador na proteína. French & Edwards (2020) demonstraram que variantes genéticas na região 5' UTR tem um potencial efeito de afetar a expressão ou função dos genes. Assim, sugere-se que variantes presentes nos genes candidatos como *OR4L1*, têm o potencial de estar influenciando na resistência a carrapatos em bovinos.

Conclusão

A análise da rede gene-FTs permitiu a identificação de FTs (FOXO3, STAT3 e PPARC) e genes candidatos (*OR4K2*, *OR4L1*, *OR4F1*, *NOR4F69*, *GPRC5C*, *SORCS3*, *PNP*) associados à resistência a carrapatos em bovinos, além de variantes estruturais (ex.: nsv835685, esv3900320, nsv13506574, esv26319503, esv26204102) presentes nos genes. Neste contexto, sugere-se que esses genes e FTs desempenham função na resistência a carrapatos em bovinos por meio dos processos biológicos relacionados.

Agradecimentos

Gostaríamos de agradecer o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e da FAPEMIG (N.: APQ-01834-18).

Literatura citada

FRANZIN, A.M.; MARUYAMA, S.R.; GARCIA, G.R.; OLIVEIRA, R.P.; RIBEIRO, J.M.C.; BISHOP, R.; MAIA, A.A.M.; MORÉ, D.D.; FERREIRA, B.R. & SANTOS, I.K.F.D.M. Immune and biochemical responses in skin differ between bovine hosts genetically susceptible and resistant to the cattle tick *Rhipicephalus microplus*. **Parasites & vectors**, v. 10, n. 1, p. 51, 2017.

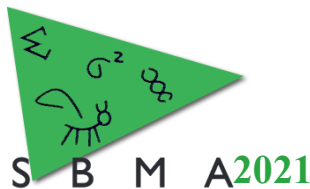
FRENCH, J.D. & EDWARDS, S.L. The role of noncoding variants in heritable disease. **Trends in Genetics**, 2020.

MAPHOLI, N.O.; MAIWASHE, A.; MATIKA, O.; RIGGIO, V.; BISHOP, S.C.; MACNEIL, M.D.; BANGA, C.; TAYLOR, J.F. & DZAMA, K. Genome-wide association study of tick resistance in South African Nguni cattle. **Ticks and tick-borne diseases**, v. 7, n. 3, p. 487-497, 2016.

McLAREN, W.; PRITCHARD, B.; RIOS, D.; CHEN, Y.; FLICEK, P. & CUNNINGHAM, F. Deriving the consequences of genomic variants with the Ensembl API and SNP Effect Predictor. **Bioinformatics**, v. 26, n. 16, p. 2069-2070, 2010.

QI, H.; TIAN, D.; LI, M.; ZHANG, C.; JIN, H.; LIU, L.; ZHAO, X.; MA, L.; ZHAO, W.; GE, Q.; DUAN, T. & ZHANG, D. Foxo3 promotes the differentiation and function of follicular helper T cells. **Cell reports**, v. 31, n. 6, p. 107621, 2020.

ZABEL, B.A.; ROTT, A. & BUTCHER, E.C. Leukocyte chemoattractant receptors in human disease pathogenesis. **Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease**, v. 10, p. 51-81, 2015.



Parâmetros genéticos para número de oócitos e embriões na raça Gir

Renata de Fátima Bretanha Rocha^{1*}, Pamela Itajara Otto², Arielly Oliveira Garcia¹, Mateus Guimarães dos Santos¹, Francelly Geralda Campos¹, Isabela de Oliveira Eiterer¹, João Cláudio do Carmo Panetto³, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva³, Simone Eliza Facioni Guimarães¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil

³EMBRAPA – Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil

*Autor correspondente: renatabretanha02@gmail.com

Resumo: O objetivo deste estudo foi avaliar as herdabilidades e as correlações genéticas e fenotípicas para número de oócitos (total e viáveis) e de embriões em gado Gir Leiteiro. O banco de dados continha informações de 17.526 aspirações foliculares de 1.641 doadoras Gir de diferentes rebanhos. Foi realizada análise multi-característica para número total de oócitos (NTO), número de oócitos viáveis (NOV) e número de embriões (NE). As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pela metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita, usando os programas da família BLUPF90 para obtenção das correlações genéticas. As correlações fenotípicas foram obtidas por meio da correlação de Pearson no software R. As estimativas de herdabilidade foram 0,10 para NE; 0,24 para NTO e 0,25 para NOV. Os resultados das correlações genéticas foram altos, positivos e favoráveis para todos os pares de características. A correlação genética entre NTO e NOV se aproximou da unidade e entre essas duas características e NE foi de 0,82. Os resultados das correlações fenotípicas variaram de moderados a altos. A correlação fenotípica foi alta entre NTO e NOV, com valor de 0,95, entre NTO e NE foi 0,37 e entre NOV e NE foi 0,35. Como conclusão, espera-se que com a seleção de doadoras Gir para produção total de oócitos, ocorra aumento no número de oócitos viáveis e de embriões obtidos, embora grande parte da variação entre os números de embriões tenha sido de origem não genética.

Palavras-chave: correlação, Gir leiteiro, herdabilidade, reprodução, zebuíno.

Genetic parameters for number of oocytes and embryos in Gir breed

Abstract: The aim of this study was to evaluate heritability and genetic and phenotypic correlations for the number of oocytes (total and viable) and number of embryos in dairy Gir cattle. The database contained information on 17,526 follicular aspirations from 1,641 Gir donors from different herds. Multi-trait analysis was performed for total number of oocytes (NTO), number of viable oocytes (NOV) and number of embryos (NE). Variance component estimates were obtained with the use of the Restricted Maximum Likelihood methodology, with the BLUPF90 family programs to obtain the genetic correlations. Phenotypic correlations were obtained using Pearson's correlation in the R software. Heritability estimates were 0.10 for NE, 0.24 for NTO and 0.25 for NOV. The genetic correlation results were high, positive and favorable for all pairs of traits. The genetic correlation between NTO and NOV was close to the unity and between these two traits and NE was 0.82, in both cases. The results of the phenotypic correlations ranged from moderate to high. The phenotypic correlation was high between NTO and NOV, with a value of 0.95, between NTO and NE was 0.37 and between NOV and NE was 0.35. In conclusion, it is expected that with the selection of Gir donors for total oocyte production, there will be an increase in the number of viable oocytes and embryos obtained. Although, an important part of the variation in the number of oocytes was from non-genetic origin.

Keywords: correlation, dairy Gir, heritability, reproduction, zebu cattle.

Introdução

As raças zebuínas (*Bos primigenius indicus*), como a Gir, apresentam em geral maior produção de oócitos quando comparadas às taurinas, provando seu potencial para serem utilizadas na produção de embriões *in vitro* (Rotar & Souza, 2019), o que permite aumentar a intensidade de seleção e



consequentemente maximizar o progresso genético. Existem poucos trabalhos explorando número de oócitos e embriões na raça Gir. Assim, o objetivo com este estudo foi avaliar as herdabilidades e as correlações genéticas e fenotípicas para número de oócitos e de embriões em bovinos Gir Leiteiro.

Material e Métodos

Os dados foram fornecidos por cinco fazendas de Minas Gerais, Brasil, contendo informações de número total de oócitos (NTO), número de oócitos viáveis (NOV) e número de embriões (NE). Após controle de qualidade, o banco de dados continha informações de 17.526 aspirações foliculares de 1.641 doadoras Gir. O arquivo de pedigree incluiu informações de 4.679 animais. Os indivíduos foram separados em grupos contemporâneos (GC) compostos por ano, estação, fazenda e protocolo de aspiração, considerando o mínimo de três animais em cada grupo. Foram utilizadas doses de sêmen convencional ou sexado, de touros Gir ou Holandês, de forma individual ou combinadas em *pools* de no máximo dois touros. Para as análises, foram consideradas apenas as doadoras com um mínimo de três observações. As correlações fenotípicas foram obtidas pelo método de Pearson no software R. As estimativas dos componentes de variância e correlações genéticas foram obtidas em análises multi-característica pela metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), usando-se os programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2002). Os dados foram previamente transformados usando a escala logarítmica: $\ln(X + 1)$, onde \ln é logaritmo neperiano, a fim de se obter distribuição normal, verificada pelo teste de Anderson – Darling. O modelo proposto foi:

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

em que, y , β , a , p , e são os vetores de observações; de efeitos fixos; de efeitos aleatórios genético aditivo; de efeitos aleatórios de ambiente permanente e de efeitos residuais, respectivamente; X , Z , e W são as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente. Para NOV e NTO, apenas o GC foi considerado efeito fixo. Para NE, adicionalmente foram considerados os efeitos fixos de touro, raça do touro e tipo de sêmen. A idade da doadora em dias (componente linear e quadrático) e o intervalo de aspiração (componente linear) foram incluídos como covariáveis. Assumiu-se que $a \sim N(0, G_0 \otimes A)$, $p \sim N(0, P_0 \otimes I)$ e $e \sim N(0, R_0 \otimes I)$, no qual G_0 , P_0 , e R_0 são as matrizes de covariância genética aditiva, de ambiente permanente e residual, respectivamente.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentados os resultados das estatísticas descritivas para intervalo de aspiração, idade da doadora e as características NTO, NOV e NE. O intervalo mais longo de aspiração foi de 2.570 dias e a idade da doadora variou de um a 16 anos durante as sessões de aspiração. O total de oócitos obtido no período avaliado foi de quase 300 mil somando-se os dados das 5 fazendas, com média de 15,82 oócitos por doadora e o máximo de 182. Aproximadamente 51,5 mil embriões foram produzidos, com média de 3,7 embriões por amostra e máximo de 46.

Tabela 1. Estatísticas descritivas^a do intervalo de aspiração, idade das doadoras, número de oócitos viáveis (NOV), número total de oócitos (NTO), e número de embriões (NE).

Características	N	Total	Média	DP	Mínimo	Máximo	CV
Intervalo de aspiração (dias)	17.526	--	97,01	171,10	0 ^b	2570	176,37
Idade (anos)	17.526	--	6,27	3,19	1	16	50,83
NOV	17.524	277.292	15,82	12,89	0	182	81,46
NTO	17.526	379.599	21,66	16,10	0	197	74,33
NE	17.498	51.506	2,94	3,70	0	46	125,66

^a N: número de amostras; Total: soma total de estruturas (oócitos e embriões); DP: desvio padrão; CV: coeficiente de variação. ^b duas aspirações na mesma vaca no mesmo dia com sêmen de touros diferentes.

Na Tabela 2 são apresentados os resultados de herdabilidade, correlação genética e fenotípica. As estimativas de herdabilidade foram 0,10 para NE, 0,24 para NTO e 0,25 para NOV. As correlações



genéticas foram altas, positivas e favoráveis entre todas as características, com valores acima de 0,80. Entretanto, a correlação fenotípica foi alta somente entre NTO e NOV (0,95) e moderada para as demais.

Tabela 2. Herdabilidades (em negrito na diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para número de oócitos viáveis (NOV), número total de oócitos (NTO), e número de embriões (NE).

Características	NOV	NTO	NE
NOV	0,25	1,00	0,82
NTO	0,95	0,24	0,82
NE	0,35	0,37	0,10

As correlações genéticas e fenotípicas entre NOV e NTO foram muito altas, o que era esperado considerando que se trata da mesma estrutura/característica e, as correlações destas com NE foram similares entre elas. Suas herdabilidades foram moderadas, e também não diferiram entre si. Estes resultados indicam que ambas as formas de mensuração dos números de oócitos, totais ou viáveis, podem ser utilizadas com resultados esperados parecidos em processos seletivos. As estimativas obtidas para as correlações genéticas elevadas e similares, entre NOV e NE, ou entre NTO e NE, indicaram que a seleção para números de oócitos deve resultar em resposta correlacionada favorável para números de embriões. As estimativas moderadas obtidas para as correlações fenotípicas entre esses mesmos pares de características, aliadas à baixa herdabilidade para NE, indicam que há importantes fatores não genéticos influenciando o número de embriões obtidos. Na raça Guzerá, Perez et al. (2016) encontraram herdabilidade de 0,19 e 0,14 para NOV e NE, respectivamente. Neste caso, a herdabilidade foi baixa tanto para oócitos quanto para embriões, indicando que a variação para ambas as características foi de origem não genética. As diferenças entre os resultados encontrados por estes autores e o nosso estudo podem ter ocorrido em função da raça e de fatores ambientais diversos. A correlação genética encontrada por Perez et al. (2016) foi de 0,68 e a fenotípica de 0,72 entre NOV e NE. Estes autores sugeriram que a seleção para maior número de oócitos contribuiria para maior número de embriões, assim como nossos resultados indicam.

Conclusão

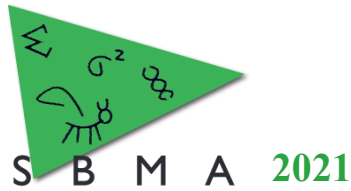
Com a seleção de doadoras Gir para maior produção total de oócitos, espera-se que como resposta correlacionada, um maior número de embriões seja obtido. No entanto, grande parte da variação para número de embriões foi de origem não genética, indicando que fatores não genéticos também precisam de atenção na reprodução por fertilização *in vitro*.

Agradecimentos

Agradecemos às fazendas que forneceram os dados. Agradecemos à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), ao Ministério da Ciência Tecnologia e Inovação (MCTI) e ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Ciência Animal (INCT-CA) pelo apoio financeiro.

Literatura citada

Misztal, I.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T.; Lee, D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Anais... In: Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France: WCGALP, pp. 19–23.
Perez, B.C.; Peixoto, M.G.C.D.; Bruneli, F.T.; Ramos, P.V.B.; Balieiro, J.C.C. 2016. Genetic analysis of oocyte and embryo production traits in Guzerá breed donors and their associations with age at first calving. **Genetics and Molecular Research**, 15, 1–9.
Rotar, L.N. & Souza, J.F. 2019. Morphological Characteristics for Oocyte-Cumulus Complexes of *Bos taurus* and *Bos indicus* Cattle Used for a Variety of Purposes. **Russian Agricultural Sciences**, 45, 399–402.



Bovinos da raça Guzerá e a produção de leite A2

Davi Pinheiro Teixeira^{1*}, Raphael Bermal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal da Bahia, Brazil

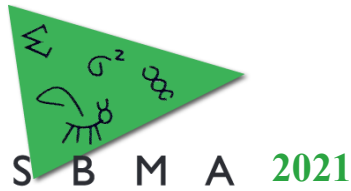
*Autor: correspondente: marcavil@outlook.com

Resumo: O leite bovino pode estar relacionado diretamente aos distúrbios gastrointestinais e desconforto abdominal em algumas pessoas, sendo ocasionado, em parte, pela digestão da beta-caseína do tipo A1. Assim, o leite A2 surge como alternativa por possuir somente beta-caseína do tipo A2 que não provoca essas complicações. Esse leite é produzido por vacas com genótipo A2A2. O objetivo do presente estudo foi investigar as frequências alélicas e genótípicas para o gene da beta-caseína na raça Guzerá e verificar a viabilidade de seleção e produção do leite A2. Foram analisados os genótipos de 283 vacas da raça Guzerá de dez rebanhos e três estados do Brasil. Encontraram-se frequências genotípica de 0,80 para A2A2 e alélica de 0,90 para o A2. Essas frequências são um pouco mais baixas que a de estudos anteriores com populações da mesma raça, mas a quantidade de animais genotipados aqui são maiores. Assim, acredita-se que as estimativas sejam melhores e são igualmente altas. A raça Guzerá tem potencial para a produção de leite A2, pois a grande maioria do rebanho tem genótipo favorável para produção de leite A2. Pode-se ainda aumentar a frequência do genótipo A2A2 por seleção assistida com rapidez sem grande prejuízo na variabilidade genética.

Palavras-chave: SNP, *Bos taurus indicus*, molecular marker, genetic polymorphisms, SNP's

Guzerat indicine cattle and A2 milk production

Abstract: Cow milk might be associated to gastrointestinal disorders and abdominal pain in some people, which are, in part, due to the digestion of A1 beta-casein. Within this context, A2 milk has emerged as an alternative since it only contains A2 beta-casein that does not cause these complications. This milk is produced by cows with the A2A2 genotype. The aim of this study was to investigate the allele and genotype frequencies for the beta-casein gene in Guzerat cattle and to evaluate the feasibility of selection and production of A2 milk. The genotypes of 283 Guzerat cows from 10 herds were analyzed. The frequency of the A2A2 genotype was 0.80 and the frequency of the A2 allele was 0.90. These frequencies are slightly lower than those reported in previous studies



involving populations of the same breed, but the number of animals, herein, genotyped was higher. Thus, the estimates are believed to be better and are also equally high. The Guzerat cattle has the potential for A2 milk production since most animals of the herd carry the favorable genotype for A2 milk production. Furthermore, the frequency of the A2A2 genotype can be rapidly increased by marker-assisted selection without compromising genetic variability.

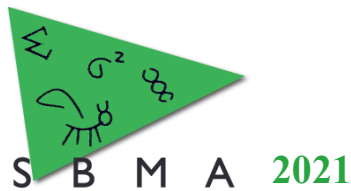
Keywords: SNP; *Bos taurus indicus*; molecular marker; genetic polymorphisms; SNPs

Introdução

A beta-caseína é a segunda proteína mais abundante no leite. O gene que a codifica possui muitas variações alélicas em bovinos (CAROLI et. al, 2009). Todavia, dois alelos se destacam: o A1 e o A2. O alelo A1 difere-se do alelo A2 apenas por uma troca de aminoácido na posição 67 da proteína ocasionada por um SNP no segundo nucleotídeo da códon. A prolina compõe o alelo A2 (base nitrogenada citosina), enquanto a histidina compõe o alelo A1 (base nitrogenada adenina) (OLENSKI et. al, 2010).

Há resultados que indicam uma maior facilidade de digestão e menores problemas gastrointestinais do consumo leite que possui somente beta-caseína A2, o denominado leite A2 (Ramakrishnan et al 2020, Gaudry et al 2019). Esse leite é produzido por vacas cujo genótipo para o gene da beta-caseína é A2A2. Estudos mostram melhores características sensoriais para lácteos A2 (Mendes et al 2019) e consumidores dispostos a pagar mais pelos produtos (Bentivoglio et al 2020).

A raça bovina Guzerá (*Kankrej* na Índia) é uma raça zebuína, de origem indiana, adaptada ao clima tropical e resistente a parasitas, conhecida por ser resistente a seca da região semiárida do Nordeste do Brasil. O país importou animais até meados da década de 60. É considerada uma raça de dupla, possuindo programas de avaliação genética para corte e leite. Estudos preliminares mostram frequência alta para o genótipo A2A2 na raça, todavia o número amostral de animais genotipados é pequeno: 0,93 (n=88) (Rangel et al 2017) e 1,0 (n=32) (Mishra et al 2009). Estão em concordância com estudos que indicam que as raças zebuínas e algumas taurinas locais possuem maiores frequências do genótipo A2A2 que taurinas cosmopolitas (Marko et al 2021, Ladyka et al 2021, Ivankovic et al 2020, Chessa et al 2020, Schettini et al 2020, Rangel et al 2017). A alta frequência do alelo A2 facilita a seleção assistida por marcadores moleculares (de Camargo, 2019). Raças zebuínas e nativas são criadas, em sua maioria, em áreas tropicais e/ou marginalizadas. A maior facilidade de produção de leite A2 com elas valoriza a economia local, a conservação de raças e gera uma maior preocupação com índices zootécnicos.



Assim, o objetivo do presente estudo foi estimar as frequências alélicas e genotípicas para o gene da beta-caseína (alelos A1 e A2) em população de bovinos da raça Guzerá a fim de verificar a potencialidade de produção de leite A2 com essa raça.

Material e Métodos

Foram analisados 283 bovinos da raça Guzerá pertencentes a dez rebanhos localizados em três estados do Brasil (Bahia, Pernambuco e Minas Gerais). Todos os testes de genotipagem foram feitos em laboratórios comerciais (Gene Genealógica, Linhagen, Geneal e Raça) e cedidos pelos criadores para compilação nesse estudo. Não há necessidade de aprovação do comitê de ética, pois foram usados, no estudo, apenas resultados de testes genéticos cedidos pelos produtores.

A frequência dos alelos e dos genótipos foram calculados pelo programa Excel e, em seguida, foram testadas para o equilíbrio de *Hardy-Weinberg* pelo método do χ^2 (chi-quadrado).

Resultados

Observam-se as frequências genotípicas e alélicas para a população de bovinos da raça Guzerá (Tabela 1). As frequências do genótipo A2A2 e do alelo A2 são altas. A população está em equilíbrio de *Hardy-Weinberg* e, portanto, não sofre influência de nenhum fator que altere sua constituição.

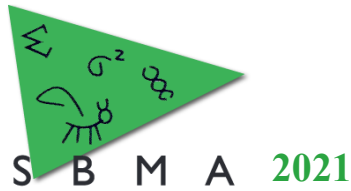
Tabela 1. Frequências genotípicas e alélicas para o gene da beta-caseína em bovinos da raça Guzerá.

Frequência genotípica			Frequência alélica	
A2A2	A2A1	A1A1	A2	A1
0,80	0,20	0,0	0,90	0,10

Discussão

A frequência genotípica do A2A2 (0,80) (Tabela 1) é um pouco menor que as previamente reportadas para a raça: 0,93 (Rangel et al 2017) e 1,0 (Mishra et al 2009). Todavia, o número de animais genotipados no presente estudo e o número de fazendas é maior. Portanto, acredita-se que as frequências tenham sido melhor estimadas. As frequências do A2A2 são altas. Isso permite que a seleção para o genótipo A2A2 seja fácil e rápida, pois a quantidade de animais serem descartados é pequena, sem risco de perda de variabilidade genética.

Os resultados são concordantes com estudos anteriores e indicam maior frequência do genótipo A2A2 em zebuínos que em taurinos (Marko et al 2021, Ladyka et al 2021, Ivankovic et al 2020, Chessa et



al 2020, Schettini et al 2020, Rangel et al 2017). Essa informação é importante pois valoriza as raças zebuínas, que junto com os cruzados com taurinos são responsáveis pela maior parte da produção de leite na região tropical do globo.

Dessa forma, a raça Guzerá é uma importante ferramenta para a produção do leite A2, já que 80% dos animais são homozigotos para o alelo A2. Soma-se a isso, o fato de a raça ser bem adaptada às condições semiáridas, o que viabiliza a produção de carne e leite em áreas sujeitas a períodos prolongados de baixo índice pluviométrico.

Conclusão

A raça Guzerá tem alto potencial para a produção de leite A2, devido à alta frequência do alelo A2 na raça. A seleção assistida por marcadores moleculares pode viabilizar rapidamente a produção do leite A2 no mercado. Isso gera maior remuneração do produtor e inserção no mercado de um produto nutracêutico.

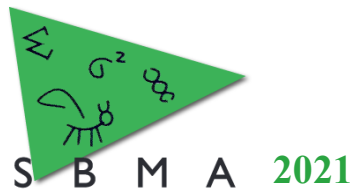
Agradecimentos

Agradecemos aos produtores que cederam os genótipos de seus animais para o estudo: Eduardo Almeida (Guzerá FRUT, Itanagra-BA), Fernando Augusto Trindade (Guzerá JM, Mundo Novo-BA), Sérgio Teixeira (Guzerá SATP, Ipiaú-BA) e Marcelo e Davi Teixeira (Guzerá Vi, Itagibá-BA), José Bezerra (Guzerá JBN, Garanhuns-PE), Sérgio Villas Bôas (Guzerá MT, Jaguaquara-BA), Carlos Costa (Guzerá Juventude, Cachoeira-BA), João Campos (Guzerá JTFC, Santanópolis-BA), Igor Arbas Rodrigues (Guzerá Porto Firme, Belo Horizonte-MG) e Richard Wagner Andrich de Freitas Santos (Guzerá Datas, Datas-MG), ao Núcleo Kankrej (Sociedade Nordestina do Guzerá Arcaico) por estabelecer os contatos com os produtores e à “Pró-Reitoria de Extensão” da “Universidade Federal da Bahia” (PaexDoc 2019, número 13173) pelo apoio financeiro.

Literatura Citada

Bentivoglio D, et al. Is There a Promising Market for the A2 Milk? Analysis of Italian Consumer Preferences. *Sustainability*. 2020; 12:6763 doi:10.3390/su12176763

Bruneli FAT, et al. Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite: resultados do Teste de Progênie, do Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos da ABCZ e do Núcleo MOET / Juiz de Fora: **Embrapa Gado de Leite**, 2020. 102 p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 249). ISSN 1516-7453



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

Caroli AM, et al. Invited review: Milk protein polymorphisms in cattle: Effect on animal breeding and human nutrition. *J Dairy Sci.* 2009; 92:5335–5352

Chessa S, et al. The effect of selection on casein genetic polymorphisms and haplotypes in Italian Holstein cattle. *Italian Journal of Animal Science.* 2020; 19(1): 833–839
<https://doi.org/10.1080/1828051X.2020.1802356>

de Camargo GMF. The role of molecular genetics in livestock production. *Animal Production Science.* 2019;59: 201–206. doi:10.1071/AN18013

Gaudry DK, et al. Milk A1 b-casein and health-related outcomes in humans: a systematic review. *Nutrition Reviews.* 2019;77(5):278–306 doi: 10.1093/nutrit/nuy063.

Ivanković A, et al. Genetic polymorphism and effect on milk production of CSN2 gene in conventional and local cattle breeds in Croatia. *Mljekarstvo.* 2021, 71 (1):3-12

Ladyka V, et al. β -casein gene polymorphism use in terms of brown dairy cattle preservation. *Arch. Zootec.* 2021; 70 (269): 88-94.

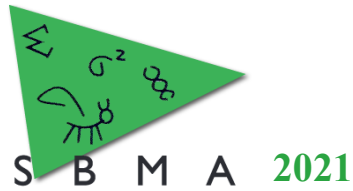
Marko R, et al. Beta-casein gene polymorphism in Serbian Holstein-Friesian cows and its relationship with milk production traits. *Acta Veterinaria-Beograd.* 2020; 70 (4), 497-510. DOI: 10.2478/acve-2020-0037

Mendes MO, et al. A2A2 milk: Brazilian consumers' opinions and effect on sensory characteristics of Petit Suisse and Minas cheeses. *LWT - Food Science and Technology.* 2019; 108: 207–213

Mishra BP, et al. Status of milk protein, b-casein variants among Indian milch animals. *The Indian Journal of Animal Sciences* 2009; 79:722–725

Olenski K, et al. Polymorphism in coding and regulatory sequences of beta-casein gene is associated with milk production traits in Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports.* 2012; 30, 5–12

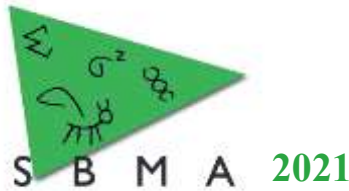
Ramakrishnan M, et al. Milk Containing A2 β -Casein ONLY, as a Single Meal, Causes Fewer Symptoms of Lactose Intolerance than Milk Containing A1 and A2 β -Caseins in Subjects with Lactose Maldigestion and Intolerance: A Randomized, Double-Blind, Crossover Trial. *Nutrients.* 2020; 12:3855; doi:10.3390/nu12123855



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

Rangel AHN et al. Polymorphism in the beta casein gene and analysis of milk characteristics in Gir and Guzerá dairy cattle. *Genetics and Molecular Research*. 2017; 16. doi:10.4238/gmr16029592

Schettini GP, et al. Genetic potential of Sindhi cattle for A2 milk production. *Animal Production Science*. 2020; 6(7):893-895 <https://doi.org/10.1071/AN18677>



Reconstrução de pedigree com uso de SNPs comuns a diferentes chips comerciais em Gir Leiteiro

Arielly Oliveira Garcia^{1*}, Mateus Guimarães dos Santos¹, Renata de Fátima Bretanha Rocha¹, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias¹, Arícia Chaves Zanetti Reis¹, Pamela Itajara Otto², Julia Cristine Dias Louzada¹, Luiz Afonso Glatzl Júnior³, João Claudio do Carmo Panetto⁴, Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva⁴, Marco Antonio Machado⁴, Simone Eliza Facioni Guimarães¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil.

³Departamento de Ciência da Computação, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, MG, Brasil.

⁴Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

*Autor correspondente: ariellyogarcia@gmail.com

Resumo: Objetivou-se eleger um painel reprodutível e preciso para teste de paternidade em bovinos Gir Leiteiro, usando marcadores SNP comuns a diferentes chips comerciais. Foram utilizados dados genotípicos de 16.205 animais, provenientes de quatro diferentes chips comerciais para bovinos, sendo utilizados para análise apenas os 1.810 marcadores comuns a eles. O pedigree foi reconstruído com o método de Razão de Verossimilhança e uma probabilidade de confiança foi obtida. Houve 8.799 atribuições de paternidade completas (pai e mãe), 15.066 somente de pai e 9.238 somente de mãe, todas com confianças superiores a 99,995%. Com essa metodologia foi possível a identificação de paternidades que não constavam no pedigree de referência. O painel mostrou-se satisfatório para a reconstrução de pedigree, logo, recomenda-se o uso do mesmo para testes de paternidade em bovinos Gir Leiteiro.

Palavras-chave: atribuição de paternidade, bovinos leiteiros, probabilidade, pacote sequoia, raça zebuína.

Pedigree reconstruction using SNPs common to different commercial chips in dairy Gir

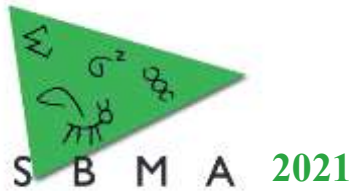
Abstract: The aim was to elect a reproducible and accurate panel for parentage testing in dairy Gir cattle, using SNP markers common to different bovine commercial chips. Genotypic data from 16,205 animals, obtained with the use of four different commercial chips, considering only the 1,810 common markers, were used in the analysis. The pedigree was reconstructed using the Likelihood Ratio method and a confidence probability was obtained. There were 8,799 attributions for pair of parents, 15,066 for sires and 9,238 for dams, all with a confidence greater than 99.995%. The methodology allowed the assignment of parentages, which were not previously included in the reference pedigree. The obtained panel proved to be satisfactory for pedigree reconstruction. Therefore, the use of this panel for parentage testing in dairy Gir cattle is recommend.

Keywords: dairy cattle, indicine breed, parentage assignment, probability, sequoia package.

Introdução

No melhoramento genético animal, a seleção dos animais que serão utilizados para a reprodução é realizada com base no valor genético (VG) dos mesmos. O VG é predito com base nas informações fenotípicas do próprio animal e de seus parentes por meio do melhor preditor linear não viesado (BLUP), via equações de modelos mistos, que utiliza a matriz de parentesco entre os animais, obtida por meio dos registros genealógicos da raça. No entanto, muitas vezes o BLUP não é utilizado com sua máxima eficiência possível devido aos erros de anotação do pedigree. Além disso, informações completas e confiáveis sobre a genealogia são necessárias para o cálculo do ganho genético ou outras informações referentes a determinada população. Segundo Ron et al. (1996), erros de paternidade em arquivos de genealogia de bovinos podem chegar a 30%, impactando negativamente a acurácia de predição dos VGs e do ganho genético. Ademais, informações sobre a genealogia são indispensáveis para o estudo de características complexas, como doenças, defeitos genéticos e mortalidade.

Marcadores de DNA têm se mostrado úteis na verificação das informações dos registros de pedigree tradicional e na identificação dos pais desconhecidos, caracterizando assim a verificação e a atribuição de



paternidade, respectivamente. Como se sabe, os marcadores genéticos detectam polimorfismos, podendo variar segundo a espécie, a subespécie e, ainda, entre raças. Dessa forma, o ideal seria que cada raça possuísse seu próprio painel de marcadores para testes de paternidade, permitindo a utilização de marcadores realmente informativos, o que tornaria as análises mais precisas.

No passado, os marcadores microssatélites foram intensivamente utilizados para teste de paternidade, mas com a popularização, facilidade e automação, um marcador que tem se difundido cada vez mais é o Polimorfismo de Nucleotídeo Único (SNP). Dada a crescente aplicação destes marcadores em diferentes áreas do melhoramento animal, a Sociedade Internacional de Genética Animal (ISAG) desenvolveu, em 2013, um painel específico para o teste, compostos por 200 marcadores do tipo SNP, sendo 100 voltados para raças taurinas e 100 para raças zebuínas e cruzadas (ISAG200).

Desta forma, nosso objetivo com este estudo foi eleger um painel reprodutível e preciso para atribuição de paternidades, usando marcadores SNP presentes em diferentes chips comerciais, e comparar o pedigree reconstruído com aquele obtido a partir dos registros genealógicos em bovinos Gir Leiteiro.

Material e Métodos

Foram utilizados os dados genotípicos e genealógicos de 16.983 animais da raça Gir, nascidos entre 1960 e 2020, participantes do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), que tem a coordenação técnica da Embrapa Gado de Leite. Os genótipos foram obtidos a partir de quatro chips comerciais diferentes, sendo: 597 animais genotipados com Bovine HD BeadChip (Illumina), 11.207 animais com o GGPI-35K (GeneSeek® Genomic Profiler™ indicus), 3.653 animais com o BovineSNP50 da Illumina e 1.526 animais genotipados com o chip Bovine GeneSeek® Genomic Profiler-LD chip (GGP Bovine LD v4), contendo mais de 26.000 SNP. Pelos critérios de controle de qualidade foram excluídos amostras e marcadores com *call rate* inferiores a 0,90 e marcadores com *GC score* médio inferior a 0,70, além daqueles monomórficos, não autossomos, com desvios significativos ($p < 10^{-6}$) do equilíbrio de Hardy-Weinberg ou marcadores próximos, com desequilíbrio de ligação (r^2) maior que 0,20. Após o controle de qualidade restaram 16.205 animais, sendo 14.458 fêmeas e 1.747 machos, e 1.810 marcadores comuns aos quatro chips.

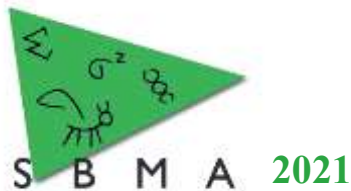
O pedigree foi reconstruído pelo método de Razão de Verossimilhança utilizando o pacote *sequoia* (Huisman, 2017) disponível no *software* R, que calcula a probabilidade do genótipo da progênie dados os genótipos dos pais candidatos, em relação à probabilidade de se observar o genótipo na população ao acaso. Inicialmente, verificou-se uma série de etapas de filtragem a fim de reduzir o tempo e o trabalho computacional. Por fim, as atribuições foram feitas com base nos seguintes critérios: i. um indivíduo não pode ser seu próprio ancestral; ii. os ancestrais nascem antes de seus descendentes; iii. os dois pais de um indivíduo são de sexo oposto; iv. a paternidade é atribuída ao indivíduo com o valor mais alto do logaritmo da razão de verossimilhança.

No caso de populações com um pedigree bem estabelecido, é possível obter uma estimativa da probabilidade de confiança utilizando um pedigree de referência. O pedigree de referência utilizado aqui foi disponibilizado pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), com verificação prévia das paternidades, por meio da contagem de conflitos Mendelianos entre pais e filhos. O número máximo de conflitos entre marcadores foi definido como 1,0% e animais com incompatibilidades superiores a esta tiveram sua informação de ascendência removida do pedigree de referência. A probabilidade de confiança, obtida por meio de dez simulações, foi considerada como o número de atribuições corretas (que coincidiram com o pedigree de referência), dividido por todas as atribuições feitas nos pedigrees simulados.

Resultados e Discussão

Do painel indicado pela ISAG para testes de paternidade em bovinos, contendo 200 marcadores SNP, apenas 61 marcadores (30,5%) foram polimórficos e informativos no Gir Leiteiro, representando apenas 3,37% do nosso painel. A ISAG (2012) recomenda o uso de pelo menos 100 dos seus marcadores. O resultado encontrado aqui sugere que, embora já se possua um painel estabelecido, este pode não ser totalmente representativo para todas as raças de bovinos.

Quanto a comparação do pedigrees inferido em relação ao de referência, foi possível atribuir 15.066 pais, sendo que 13.453 deles (89,29%) foram coincidentes entre os dois pedigrees. A metodologia foi capaz de atribuir 1.612 paternidades que não constavam no pedigree de referência e deixou de atribuir seis



paternidades que só constaram no pedigree de referência. Nesta categoria, houve apenas um caso de incoincidência, em que as informações não foram correspondentes nos dois pedigrees.

Em relação às fêmeas, foram atribuídas 9.238 mães, sendo 8.049 (87,13%) delas coincidentes entre os dois pedigrees. Constavam no pedigree de referência 8.051 informações, ou seja, duas destas fêmeas não conseguiram ser inferidas pela metodologia utilizada. Inferiu-se 1.189 informações de maternidade que não constavam no pedigree de referência. Para esta categoria não houve informações não correspondentes.

Para os pares de pais, foram realizadas 8.799 atribuições, em que 7.042 (80,03%) coincidiram entre os pedigrees inferido e de referência. O pedigree de referência continha informações de 3 trios em que pelo menos um dos pais não foi inferido pelo método de verossimilhança. Em compensação, o método conseguiu atribuir 1.757 novas informações de pai-progênie-mãe. Assim como na categoria de fêmeas, não se observou qualquer incoincidência entre os dois pedigrees.

O resumo da comparação entre os pedigrees, de referência e inferido, bem como a quantidade e o percentual de informações neles contidas, são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Comparação entre o pedigree de referência (Ref) e inferido (Inf), informações totais (Info) contidas no pedigree de referência e inferido para os 16.205 animais Gir.

Categorias	Comparação de Pedigrees				Total de Informações			
	Ref	Inf	^a Cor.	^b Não Cor.	Info _{Ref}	Info _{Inf}	%Info _{Ref}	%Info _{Inf}
Pai-Progênie	6	1.612	13.453	1	13.460	15.066	83,06	92,97
Mãe-Progênie	2	1.189	8.049	0	8.051	9.238	49,68	57,01
Par de pais	3	1.757	7.042	0	7.045	8.799	43,47	54,30

^aCor.: Corresponde; ^bNão Cor.: Não corresponde.

Maior número de informações no pedigree reconstruído em relação aos 16.205 animais avaliados foi observado, onde este apresentou porcentagens de informação iguais a 92,97%, 57,01% e 54,30% para as categorias pai-progênie, mãe-progênie e pai-progênie-mãe, respectivamente. Isso pode ter acontecido porque, quando há grande número de descendentes e, ou, ascendentes genotipados, a abordagem da razão de verossimilhança forma grupos de indivíduos genotipados (pais e, ou, progênies) para obtenção de informações sobre o genótipo de indivíduos que não foram genotipados.

Cada probabilidade de confiança foi calculada separadamente, para categoria de pais, mães e pares de pais. Neste estudo, os valores de probabilidade de confiança foram iguais a 99,9980% para pais, 99,9956% para mães, e 99,9970% para pares de pais.

Conclusão

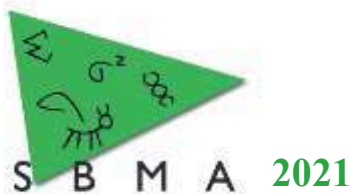
O painel com 1.810 SNPs mostrou-se satisfatório para reconstrução do pedigree no Gir Leiteiro. A metodologia atribuiu paternidades que não constavam no pedigree de referência, resultando no aumento da profundidade do mesmo. Portanto, recomenda-se o uso deste painel para testes de paternidade na raça.

Agradecimentos

Ao Centro de Pesquisa em Informática Agropecuária da Embrapa, à Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro, à Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais e ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Ciência Animal pelo suporte financeiro e técnico.

Literatura citada

- Huisman, J. 2017. Pedigree reconstruction from SNP data: parentage assignment, sibship clustering and beyond. **Molecular Ecology Resources**, 17, 1009–1024.
- International Society for Animal Genetics (ISAG). 2012. **Cattle Molecular Markers and Parentage Testing Committee**. Disponível em: <http://www.isag.us/committees.asp?autotry=true&ULnotkn=true>. Acesso em: 10 de fevereiro de 2021.
- Ron, M.; Blanc, Y.; Band, M.; Ezra, E. & Weller, J.I. 1996. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. **Journal of Dairy Science**, 79, 676–681.



Parâmetros Genéticos para *Stayability* em Bovinos da Raça Holandesa no Brasil

Hugo Teixeira Silva^{1*}, Claudio Napolis Costa², Paulo Sávio Lopes¹, Renata Veroneze, Fabyano Fonseca e Silva¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

*Autor correspondente: hugots.silva@gmail.com

Resumo: Objetivou-se com esse estudo estimar os parâmetros genéticos para diferentes medidas de *stayability* em bovinos da raça Holandesa. Foram considerados registros referentes às quatro primeiras ordens de parto ocorridos entre 1990 e 2020, de 338.329 vacas em rebanhos no Brasil. As medidas foram definidas considerando-se as idades de 36 meses (STAY36), 48 meses (STAY48), 78 meses (STAY78) e 84 meses (STAY84) e avaliadas por um modelo multicaracterístico, via inferência Bayesiana. As médias *a posteriori* das herdabilidades foram 0,06, 0,10, 0,18 e 0,19 para STAY36, STAY48, STAY78 e STAY84, respectivamente. As médias *a posteriori* das correlações genéticas foram de média a alta magnitude, com uma tendência de redução com o distanciamento das idades de medição. As médias das correlações genéticas foram 0,93, 0,74 e 0,58 entre STAY36 e STAY48, STAY78 e STAY84, respectivamente; 0,85 entre STAY48 e STAY78, 0,75 entre STAY48 e STAY84 e 0,97 entre STAY78 e STAY84. As baixas estimativas de herdabilidade indicam um lento progresso genético esperado para a melhoria da *stayability*. O interesse em obter uma de mensuração de *stayability* em idade mais precoce indica que a STAY48, ao apresentar um valor de herdabilidade intermediário e correlação maior que 0,75 com as demais medidas avaliadas, apresenta potencialidade para ser incluída como indicador de *stayability* no sistema de avaliação genética da raça Holandesa, no Brasil.

Palavras-chave: avaliação genética, bovino leiteiro, longevidade.

Genetic Parameters for *Stayability* in Brazilian Holstein Dairy Cattle

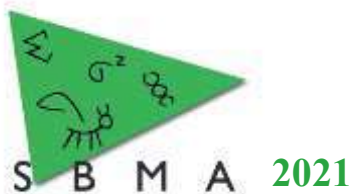
Abstract: The aim of this study was to estimate the genetic parameters for different *stayability* measures in Holstein cattle. The data used in this study comprised records from the first four calving orders of 338,329 cows occurred between 1990 and 2020. The traits were defined considering the ages of 36 months (STAY36), 48 months (SATY48), 78 months (SATY78) and 84 months (STAY84), which were evaluated using a multi-trait animal model by a Bayesian approach. The posterior means of heritability for STAY36, STAY48, STAY78 e STAY84 were respectively, 0.06, 0.10, 0.18 e 0.19. Genetic correlation estimates ranged from medium to high magnitudes and decreased as the distance between measures increased over time. The posterior means of genetic correlations between STAY36 and STAY48, STAY78 and STAY84 were respectively 0.93, 0.74 and 0.58; 0.85 between STAY48 and STAY78, 0.75 between STAY48 and STAY84, and 0.97 between STAY78 and STAY84. In general, heritability estimates were small, indicating slow expected genetic progress by direct selection for *stayability*. The interest on measuring *stayability* at earlier age indicates STAY48, which presents an intermediate heritability value and genetic correlation estimates higher than 0.75 with the other evaluated measures, as a potential indicator of *stayability* in the genetic evaluation system of the Holstein breed, in Brazil.

Keywords: dairy cattle, genetic evaluation, longevity.

Introdução

A produção de leite e de seus componentes são as principais características produtivas consideradas nas avaliações genéticas da raça Holandesa do Brasil e em outros países, proporcionando ganhos expressivos na produção anual de leite por vaca. É reconhecido, entretanto, que a intensa seleção para as características produtivas tem contribuído para a redução no desempenho dos animais nas características reprodutivas e funcionais, refletindo no aumento da incidência de problemas relacionados com a fertilidade e saúde das vacas, que comprometem a sua permanência nos rebanhos (Rocha et al, 2017).

O impacto negativo da menor longevidade das vacas na eficiência técnico-econômica dos sistemas de produção de leite promoveu a sua atenção como um dos problemas a ser enfrentado na melhoria do



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

desempenho dos rebanhos leiteiros. Neste contexto, estudos de diferentes medidas de longevidade, entre as quais a permanência da vaca no rebanho ou *stayability* têm sido realizados, no sentido de incluí-la nos sistemas de avaliação genética de diferentes países (Forabosco et al., 2009). A *stayability* é definida como habilidade da vaca em permanecer no rebanho por determinado período ou idade, podendo ser expressa por medidas com distribuição contínua (número de dias em que a vaca permanece no rebanho até uma determinada idade) ou como distribuição discreta (em que para a permanência da vaca no rebanho até uma determinada idade é atribuído o valor 1 (um), enquanto que para a vaca que não permanece ou atinge a idade é atribuído o valor 0 (zero) (Irano et al., 2014).

As avaliações genéticas de bovinos da raça Holandesa do Brasil têm sido realizadas apenas para as características produtivas (leite, proteína e gordura) e de conformação (Costa et al., 2014). A inclusão de outras características de importância econômica possibilitará a ampliação dos objetivos de seleção, orientados para melhor eficiência da produção animal. Nesse sentido, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos de diferentes medidas de *stayability* e avaliá-las comparativamente, para orientar a sua inclusão no sistema de avaliação genética de bovinos da raça Holandesa.

Material e Métodos

Foram considerados nesse estudo quatro médias de *stayability* obtidas de bases de dados de registros zootécnicos disponibilizados pela Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH), compreendendo as quatro primeiras ordens de parto de 338.329 vacas, ocorridos entre os anos de 1990 e 2020. Os dados foram editados para limites mínimo e máximo das idades ao parto, sendo considerado o intervalo de 19 a 30 meses para o primeiro parto, 29 a 54 meses para o segundo parto, 39 a 78 meses para o terceiro parto e 49 a 102 meses para o quarto parto. Além disso, para garantir que todos os animais tivessem a oportunidade de permanecerem no rebanho até o limite máximo de tempo avaliado (84 meses), foram considerados nas análises apenas vacas nascidas até o ano de 2013, referente aos sete anos anteriores ao último ano de registro nas bases de dados (2020), resultando um total de 417.665 animais no arquivo de pedigree. As medidas de *stayability* foram definidas considerando-se os períodos de 36 meses (STAY36), 48 meses (STAY48), 78 meses (STAY78) e 84 meses (STAY84) de idade.

As análises genéticas foram realizadas considerando um modelo animal multivariável (*Threshold model*) via inferência Bayesiana com o software THRGIBBS2F90 – *Gibbs Sampler for Threshold-Linear Mixed Model* (Misztal et al., 2002). O modelo utilizado considerou os efeitos sistemáticos de idade ao parto e grupo de contemporâneos (rebanho-ano-estação de nascimento) e o efeito aleatório de animal. Na implementação das análises foi considerado uma cadeia com 800.000 ciclos, com descarte das primeiras 300.000 e uma amostragem a cada 20 ciclos. Ao final foram consideradas o total de 25.000 amostras para as análises. As análises de convergência foram realizadas por avaliações gráficas e pelo teste de Geweke, por meio do pacote BOA (*Bayesian Output Analysis*), implementado no software R.

Resultados e Discussão

As médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidade e correlações genéticas e residuais entre as medidas STAY36, STAY48, STAY78 e STAY84 são apresentadas na Tabela 1. As estimativas de herdabilidade obtidas para as diferentes medidas foram de baixa magnitude com um ligeiro aumento nas idades mais avançadas. Esses resultados indicam um lento progresso genético esperado na seleção para a *stayability*, principalmente para a medida STAY36. De modo geral, esses resultados convergem com os de outros estudos, onde foram reportadas estimativas de herdabilidade variando entre 0,04 e 0,20 para medidas de *stayability* em diferentes idades (Ahlmán, et al., 2011; Rocha et al., 2014).

As estimativas de correlação genética variaram entre 0,58 a 0,97, com uma tendência de redução à medida que essas características se distanciaram no tempo (idade). Esses resultados indicam que grupos de genes semelhantes podem estar influenciando as diferentes medidas de *stayability* avaliadas (Bolígon et al., 2009), principalmente àquelas mais próximas no tempo. Nesse sentido, é esperado que a seleção para *stayability* em idades mais precoces possam representar respostas favoráveis em idades mais avançadas, destacando-se a STAY48 devido sua maior correlação com as medidas mais tardias quando comparada com a STAY36. Resultados similares foram reportados por Martínez et al. (2005) ao estimar parâmetros genéticos para *stayability* de vacas da raça Hereford ao longo das seis primeiras ordens de parto, com estimativas de correlação genética variando entre 0,68 a 0,90.

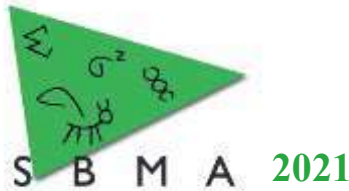


Tabela 1. Médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidade (na diagonal), correlações genéticas (abaixo da diagonal) com os respectivos intervalos HPD de 95% de probabilidade obtidas a partir das análises das características STAY36, STAY 48, STAY78 E STAY84.

	STAY36	STAY48	STAY78	STAY84
STAY36	0,06 [0,05; 0,06]			
STAY48	0,93 [0,912; 0,949]	0,10 [0,09; 0,11]		
STAY78	0,74 [0,711; 0,780]	0,85 [0,831; 0,873]	0,18 [0,17; 0,19]	
STAY84	0,58 [0,540; 0,621]	0,75 [0,726; 0,787]	0,97 [0,971; 0,980]	0,19 [0,18; 0,20]

Conclusão

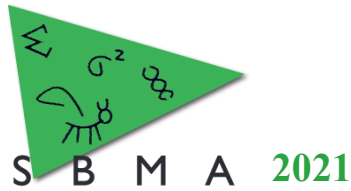
O interesse em obter uma de mensuração de *stayability* em idade mais precoce indica que a STAY48, ao apresentar um valor de herdabilidade intermediário e correlação maior que 0,75 com as demais medidas avaliadas, apresenta potencialidade para ser incluída como indicador de *stayability* no sistema de avaliação genética da raça Holandesa, no Brasil.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH).

Literatura citada

- Ahlman, T., Berglund, B., Rydhmer, J., & Strandberg, E. 2011. Culling reasons in organic and conventional dairy herds and genotype by environment interaction for longevity, **Journal of Dairy Science**, 94, 1568–1575.
- Boligon, A. A., Albuquerque, L. G. D., Mercadante, M. E. Z. & Lôbo, R. B. 2009. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 38, 2320-2326.
- Costa, C. N., Cobuci, J. A., Santos, G. G., Marques, A., Valloto, A. A., Horst, J. A., Mendonça Júnior, C. F., Brineli, F. A. T., Panetto, J. C. C., ... & Freitas, A. F. Sumário Nacional de Touros da Raça Holandesa: 2013. **Embrapa Gado de Leite-Documentos (INFOTECA-E)**, 2013.
- Forabosco, F. Jakobsen, J. H. & Fikse, W. F. 2009. International genetic evaluation for direct longevity in dairy bulls. **Journal of Dairy Science**, 92, 2338-2347.
- Rocha, G. M., Cobuci, J. A., Costa, C. N., Abreu, L. R., Mota, L. F., Pires, A. V., Villela, S. D. J. & Martins, P. G. M. A. 2017. Genetic association between stayability, and productive and reproductive traits in Holstein cows. **Animal Production Science**, 58, 1788-1793.
- Irano, N., Bignardi, A. B., El Faro, L., Santana, M. L., Cardoso, V. L., & Albuquerque, L. G. 2014. Genetic association between milk yield, stayability, and mastitis in Holstein cows under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, 46, 529-535.
- Martinez, G. E., Koch, R. M., Cundiff, L. V., Gregory, K. E., Kachman, S. D., & Van Vleck, L. D. 2005. Genetic parameters for stayability, stayability at calving, and stayability at weaning to specified ages for Hereford cows. **Journal of Animal Science**, 83, 2033-2042.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., & Lee, D. H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production, 2002, Montpellier.



Avaliação genômica da tolerância ao estresse calórico na produção de leite de búfalas usando um modelo de norma de reação genômico de passo único

Gabriela Stefani^{1*}; Mário Luiz Santana Júnior²; Lenira El Faro³; Humberto Tonhati¹

¹Departamento de Zootecnia da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, Brasil.

²Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso da UFR, Rondonópolis, Brasil.

³Instituto de Zootecnia - IZ, Centro de Pesquisas de Bovinos de Corte, Sertãozinho, Brasil.

*Autor correspondente: gabriela.stefani@gmail.com

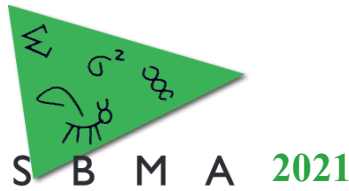
Resumo: O objetivo deste estudo foi avaliar o impacto da inclusão de informação genômica na predição do valor genético para produção de leite sob diferentes ambientes térmicos. Desta forma, estudamos 58.070 produções de leite no dia do controle de 3.459 primeiras lactações de búfalas, coletadas entre 1987 e 2018, pertencentes a 6 rebanhos (RN, SP e CE). Um total de 870 genótipos para 45.405 marcadores foram utilizados na análise. As variáveis climáticas foram fornecidas pelo INMET e combinadas em um índice de temperatura e umidade (THI). A estimativa dos valores genéticos para produção de leite no dia do controle ao longo dos valores de THI e dos dias em lactação foi realizada usando um modelo animal de regressão aleatória sob abordagens BLUP e ssGBLUP. Para avaliar a habilidade de predição foi utilizado o esquema de validação em animais jovens. Os valores genéticos e genômicos dos animais de validação para produção de leite aos 305 dias (EBV305 / GEBV305) foram contabilizados através da soma dos valores genéticos de todos os dias em lactação em cada THI. As acurácias de predição obtidas pelas abordagens BLUP e ssGBLUP variaram de 0,24 a 0,44 e de 0,28 a 0,33, respectivamente. Embora o método BLUP tenha apresentado maiores acurácias de forma geral, o método ssGBLUP gerou estimativas de GEBVs mais acuradas em THIs mais elevados. Sendo assim, a seleção genômica, por meio do método ssGBLUP, pode ser alternativa adequada para predizer os GEBV em situações de estresse calórico.

Palavras-chave: acurácia de predição, índice de temperatura e umidade, interação genótipo-ambiente, predição genômica, regressão aleatória.

Genomic evaluation for tolerance to heat stress in buffalo milk yield using a single-step genomic reaction norm model

Abstract: The objective of this study was to evaluate the impact of including genomic information in breeding value prediction for milk yield under different thermal environments. Thus, we studied 58,070 test-day milk yield of 3,459 first lactations of buffaloes, collected between 1987 and 2018, belonging to 6 herds (RN, SP and CE). A total of 870 genotypes for 45,405 markers were used in the analysis. The climatic variables were provided by INMET and combined into a temperature-humidity index (THI). Genetic values estimation for test-day milk yield across THI and days in milking values was performed using a random regression animal model under BLUP and ssGBLUP approaches. To assess the predictive ability, the validation scheme in young animals was used. The genetic and genomic values of the validation animals for 305-day milk yield (EBV305 / GEBV305) were counted as the sum of the genetic values of all days in milking at each THI. Prediction accuracies obtained by BLUP and ssGBLUP approaches ranged from 0.24 to 0.44 and from 0.28 to 0.33, respectively. Although in general the BLUP method demonstrated greater accuracies, the ssGBLUP method generated more accurate GEBV estimates at higher THIs. Therefore, genomic selection using the ssGBLUP method may be an adequate alternative to predict GEBV in heat stress situations.

Keywords: genomic prediction, genotype-by-environment interaction, prediction accuracy, random regression, temperature and humidity index.



Introdução

Búfalos são animais reconhecidamente rústicos e bem adaptados à climas tropicais adversos. No entanto, há relatos na literatura de que esses animais mostram sinais de sofrimento quando expostos à elevadas temperaturas e radiação solar, pois absorvem uma grande quantidade de radiação solar através de sua pele escura e pelagem escassa, além de sua reduzida capacidade de transpiração. O estresse calórico é definido como o estado que provoca desequilíbrio no organismo do animal como resposta às condições ambientais desfavoráveis, causando uma redução na eficiência da produção de leite. O índice de temperatura e umidade (THI) permite quantificar a influência negativa do estresse térmico sobre as características de produção, e, aliado a modelos de norma de reação, permite inferir sobre o mérito genético dos animais para tolerância ao estresse calórico.

A seleção de animais geneticamente tolerantes ao calor permite manter a alta produtividade e capacidade de sobrevivência quando expostos a condições de estresse calórico, podendo tornar-se uma meta importante para programas de melhoramento genético. No entanto, considerando que o teste de progênie é uma das fases mais caras e demoradas em um programa de melhoramento, é desejável projetar estratégias mais eficientes para modelar a interação genótipo-ambiente devido ao estresse térmico na produção de leite. A avaliação genômica através do método ssGBLUP permite combinar fenótipos, genótipos e genealogia simultaneamente, podendo ser usada para acelerar o progresso genético, reduzir o intervalo de gerações e aumentar a precisão das estimativas de mérito genético sob diferentes condições ambientais, que é de extrema importância tendo em vista a grande diversidade climática encontrada no território brasileiro.

Apesar da importância do assunto, não existem trabalhos que tenham utilizado informações genômicas na avaliação genética da produção de leite em resposta ao estresse calórico em búfalos leiteiros. Com isso, o objetivo deste estudo foi avaliar o efeito da inclusão de informações genômicas na acurácia de predição do valor genético para produção de leite em diferentes ambientes térmicos utilizando um modelo de regressão aleatória e abordagem ssGBLUP.

Material e Métodos

Os dados fenotípicos e genotípicos utilizados nesse estudo foram fornecidos pelo Departamento de Zootecnia da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP de Jaboticabal. Foram estudadas 58.070 produções de leite no dia do controle provenientes de 3.459 primeiras lactações de búfalas, coletadas entre 1987 e 2018. Genótipos de 870 animais contendo informações de 45.405 SNPs (Affymetrix / ThermoFisher Scientific, Santa Clara, CA) também foram utilizados na análise. Essas informações foram coletadas de animais pertencentes a seis rebanhos distribuídos em três estados brasileiros (RN, SP e CE) e criados predominantemente a pasto e em regiões caracterizadas por climas tropicais úmidos e semi-áridos. Os dados meteorológicos foram fornecidos pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). As variáveis temperatura diária de bulbo seco e umidade relativa do ar foram combinadas em um índice (THI) usando a equação descrita por NRC (1971).

A estimativa dos valores genéticos (EBV) e genômicos (GEBV) para produção de leite no dia do controle ao longo dos valores de THI e dos dias em lactação (DEL) foi realizada usando um modelo animal de regressão aleatória sob as abordagens BLUP e ssGBLUP. As curvas fixas, genéticas aditivas e de ambiente permanente foram modeladas por Polinômios de Legendre de 1ª e 3ª ordens para DEL e THI, respectivamente. Os efeitos fixos incluídos no modelo foram os grupos de contemporâneas, frequência de ordenha, regressão fixa para DEL aninhado com rebanho, regressão fixa do efeito linear de THI aninhado com DEL e a covariável idade ao primeiro parto com efeitos linear e quadrático. Foram consideradas 6 classes de variância residual. As avaliações genéticas foram realizadas por meio do programa Gibbs3F90, com um total de 1.000.000 iterações, burn-in de 600.000 e intervalo amostral de 30 iterações.

Para avaliar a habilidade de predição, um conjunto de dados reduzidos excluindo o fenótipo de animais jovens (controles coletados de 2010 em diante), foi utilizado para estimar os EBVs via BLUP e GEBVs via ssGBLUP. A população de validação foi composta pelos 150 animais mais jovens genotipados. Os EBVs e GEBVs dos animais de validação para produção de leite aos 305 dias em diferentes ambientes térmicos foram contabilizados através da soma dos valores genéticos de todos os DEL em cada THI. A acurácia das estimativas foi calculada através da correlação entre os GEBV/EBV dos animais de validação estimados utilizando o banco de dados reduzido e seus EBV obtidos pelo banco de dados completo.

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade (Figura 1) apresentaram baixas a moderadas magnitudes. Em ambas análises é possível observar uma variação nos valores de herdabilidade ao longo da escala THI, indicando a presença de interação genótipo x ambiente. O modelo utilizado sob abordagem ssGBLUP, que incluiu as informações genômicas, apresentou estimativas superiores às do BLUP, principalmente em valores baixos de THI, fato explicado pela melhor conexão entre os animais em diferentes ambientes propiciada pela informação genômica.

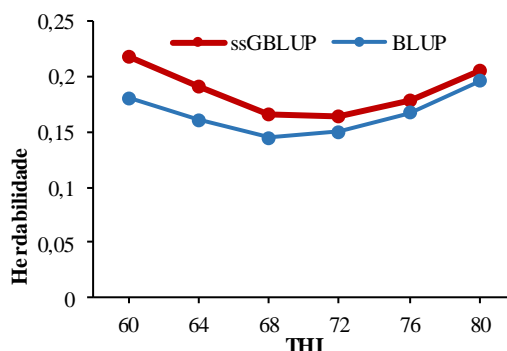


Figura 1. Valores de herdabilidade para produção de leite no dia do controle em diferentes índices de temperatura e umidade (THI).

De forma geral, as acurácias de predição obtidas pela abordagem BLUP para EBV305 diminuíram com o aumento nos valores de THI (Tabela 1). A provável causa desse resultado é o reduzido número de fenótipos disponíveis em baixos valores de THI. Com isso, os valores genéticos nessa faixa de THI dependem mais das informações de parentesco, e conseqüentemente, há maior correlação entre as estimativas de EBV da validação com as obtidas pelo banco de dados completo. Já para os GEBV305 estimados por ssGBLUP, as acurácias se mantiveram constantes ao longo da escala THI, provavelmente pois a matriz H utilizada no ssGBLUP permite, através da relação genômica, explorar a similaridade entre indivíduos não relacionados pelo pedigree, melhorando a conexão genética entre os níveis de THI. Embora no geral o método BLUP tenha apresentado maiores acurácias, o método ssGBLUP gerou estimativas de GEBVs mais acuradas em THIs mais elevados, com valores de acurácia superando às do método BLUP em THIs maiores que 70. Uma vez que os rebanhos estudados estejam sendo criados predominantemente sob condições tropicais, com 72,5% dos controles leiteiros sendo coletados em THI superiores a 70, o método ssGBLUP pode representar uma alternativa adequada para a predição dos GEBV nos rebanhos estudados.

Tabela 1. Acurácias das estimativas de EBV305 e GEBV305 para diferentes THI estimados por meio de abordagens BLUP e ssGBLUP, respectivamente.

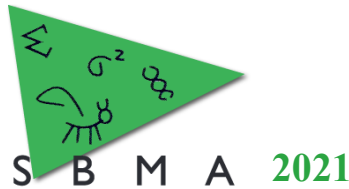
		THI										
		60	62	64	66	68	70	72	74	76	78	80
Acurácia	EBV305	0,44	0,43	0,41	0,38	0,36	0,33	0,32	0,28	0,27	0,24	0,24
	GEBV305	0,31	0,32	0,33	0,33	0,33	0,32	0,32	0,30	0,30	0,28	0,28

Conclusão

Foi verificada a presença de interação genótipo x ambiente devido ao estresse térmico na produção de leite de búfalas. O método ssGBLUP que incluiu informações genômicas apresentou maiores estimativas de herdabilidades, além de maior acurácia para os valores genéticos estimados em ambientes mais quentes, mostrando-se uma promissora alternativa para a avaliação genética. No entanto, mais dados de animais expostos a baixas temperaturas devem ser coletados para uma melhor validação nesses ambientes.

Literatura citada

National Research Council - NRC. 1971. **A guide to environmental research on animals**. Washington: National Academy of Sciences.



Estimativas de parâmetros genéticos sugerem viabilidade de seleção para duplo-propósito em bovinos Guzerá[‡]

Eula Regina Carrara^{1*}, Paulo Sávio Lopes¹, Fabyano Fonseca e Silva¹, Renata Veroneze¹, Pedro Vital Brasil Ramos¹, Luiz Antônio Josahkian², Frank Angelo Tomita Bruneli³, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto³

[‡]Parte da tese de doutorado da primeira autora.

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

²Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, Uberaba, MG, Brasil.

³Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

*Autor correspondente: eulacarrara@gmail.com

Resumo: Bovinos da raça Guzerá têm sido utilizados no Brasil em sistemas de produção leiteira, de carne ou ambos. Contudo, poucos estudos exploraram de forma conjunta possíveis associações genéticas entre características leiteiras e de corte. Neste contexto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos para produção de leite (PL305), gordura (GOR305) e proteína (PRO305) (i.e. truncadas aos 305 dias de lactação), bem como para peso ajustado para os 450 dias de idade (P450) de 92.282 animais. Os componentes de (co)variância foram estimados via Método da Máxima Verossimilhança Restrita em um modelo misto multicaracterístico, assumindo o efeito de grupos de contemporâneos como fixos e o efeito genético de animal como aleatório. As herdabilidades para PL305, GOR305, PRO305 e P450 foram moderadas, e respectivamente iguais a 0,33, 0,22, 0,25 e 0,24. As correlações genéticas entre produção e componentes do leite foram elevadas, variando de 0,95 a 0,97. Correlações genéticas entre peso aos 450 dias e as características de leite foram moderadas (de 0,33 a 0,44), sugerindo que a seleção direta para algum destes critérios tende a não prejudicar essencialmente o processo de seleção para os demais. Por fim, é possível inferir que a seleção para as características avaliadas indica que as mesmas podem ser conjuntamente melhoradas sob o ponto de vista genético na população estudada.

Palavras-chave: análise multicaracterística, correlação genética, gado de corte, gado de leite, herdabilidade, zebu

Genetic parameters suggest feasibility of selection for dual-purpose in Guzerá cattle

Abstract: Guzerá breed has been used in Brazil for milk, beef, or both purposes. However, few studies had simultaneously exploited possible genetic associations between dairy and beef traits. In this context, we aimed to estimate genetic parameters for milk related traits and weight at 450 days of age in Guzerá cattle. We used measurements of 305-day milk (PL305), fat (GOR305) and protein (PRO305) cumulative yields (i.e. truncated at 305 days of lactation), as well as observations for weight at 450 days of age (P450) from 92,282 animals. (Co)variance components were estimated by Restricted Maximum Likelihood applied to multiple-trait mixed model assuming respectively the contemporary groups as fixed, and the additive direct genetic as random effects. Heritabilities for PL305, GOR305, PRO305, and P450 were moderate and equal to 0.33, 0.22, 0.25, and 0.24, respectively. Genetic correlations among milk production and milk components were high, ranging from 0.95 to 0.97. Weight at 450 days and milk traits reported moderated genetic correlations (from 0.33 to 0.44), suggesting that the direct selection for one of them will not directly imply in adverse selection for the others. Finally, it is possible to infer that selection for the evaluated traits indicates that all traits can be simultaneously improved under a genetic viewpoint taking into account the evaluated population.

Keywords: beef cattle, dairy cattle, genetic correlation, heritability, multiple-trait analysis, zebu

Introdução

A raça Guzerá é a terceira maior e uma das mais produtivas entre as raças zebuínas presentes no Brasil. Considerada uma raça de dupla aptidão, os animais Guzerá são selecionados oficialmente para leite, para corte ou para ambos os propósitos no país. Embora os programas de melhoramento genético

para leite e para corte sejam desenvolvidos de maneira independente, a conexão entre os animais destes programas permite a avaliação genética conjunta (Peixoto et al., 2021). Diversos rebanhos de bovinos Guzerá definem o duplo propósito como objetivo de seleção (Bruneli et al., 2020), contudo, estudos envolvendo tais avaliações são recentes e escassos (Brito et al., 2020). Diante deste cenário, objetivou-se estimar parâmetros genéticos para produção de leite, de gordura e de proteína; bem como para peso ajustado aos 450 dias de idade em bovinos Guzerá. Para tanto, foram utilizadas análises multicaracterísticas fundamentadas em modelos mistos.

Material e Métodos

Foram utilizadas mensurações de 92.282 animais (43.101 machos e 49.181 fêmeas) nascidos entre 1975 e 2018. O arquivo de genealogia foi constituído por 141.518 animais de 18 gerações, incluindo 5.211 touros e 60.922 matrizes. As características avaliadas foram: produção de leite (PL305), de gordura (GOR305) e de proteína (PRO305) acumuladas e truncadas em 305 dias, e peso ajustado para 450 dias (P450), todas em kg. A Tabela 1 reporta as estatísticas descritiva das características em questão.

Tabela 1. Número de observações (N), média, respectivos desvios-padrão (DP) e valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) para cada característica avaliada na presente população de bovinos Guzerá.

Características ^a (kg)	N	Média	DP	MIN	MAX
PL305	5.229	1.991,17	980,90	105,00	6.487,00
GOR305	1.853	82,82	37,06	6,00	281,17
PRO305	1.543	62,08	27,16	4,00	232,00
P450	88.456	275,75	58,58	102,27	499,00

^a PL305: produção de leite acumulada aos 305 dias; GOR305: produção de gordura acumulada aos 305 dias; PRO305: produção de proteína acumulada aos 305 dias; P450: peso ajustado para os 450 dias de idade.

Os componentes de (co)variância foram estimados pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) sob o seguinte modelo animal: $y = Xb + Za + e$, em que y é o vetor de fenótipos; b é o vetor de efeitos fixos de grupos de contemporâneos e covariáveis; a é o vetor de efeitos aditivos genéticos diretos aleatórios; X e Z são matrizes de incidência que relacionam b e a à y , respectivamente; e e é o vetor de resíduos. Foi realizada uma análise multicaracterística, considerando simultaneamente todas as características.

Os grupos de contemporâneos (GC) para PL305, GOR305 e PRO305 foram formados concatenando-se os efeitos de rebanho, ano e estação de parto, e a idade ao parto foi considerada como covariável linear. Para P450, os GCs foram formados concatenando-se rebanho, sexo, ano e estação de nascimento, e a idade da mãe ao parto foi considerada como covariável linear.

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas podem ser visualizadas na Tabela 2.

Tabela 2. Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) para as características de leite e peso de bovinos Guzerá

Características ^a	PL305	GOR305	PRO305	P450
PL305	0,33 (0,03)	0,95 (0,02)	0,97 (0,01)	0,37 (0,07)
GOR305	-	0,22 (0,03)	0,95 (0,02)	0,44 (0,10)
PRO305	-	-	0,25 (0,04)	0,33 (0,10)
P450	-	-	-	0,24 (0,01)

^a PL305: produção de leite acumulada aos 305 dias; GOR305: produção de gordura acumulada aos 305 dias; PRO305: produção de proteína acumulada aos 305 dias; P450: peso ajustado para os 450 dias de idade.



As herdabilidades foram moderadas para todas as características, com valores iguais a 0,33, 0,22, 0,25 e 0,24 para PL305, GOR305, PRO305 e P450, respectivamente. Isso indica que as características analisadas podem responder bem à seleção, promovendo ganhos genéticos satisfatórios no programa de melhoramento genético da raça Guzerá.

As correlações genéticas foram positivas e favoráveis entre as características avaliadas. No foco da seleção para duplo-propósito, poucos trabalhos avaliam o relacionamento genético entre características leiteiras e de corte. Entre as características de leite, as correlações genéticas foram positivas e altas (0,95 a 0,97), o que era esperado, uma vez que existe efeito pleiotrópico entre produção de leite e seus componentes (Littlejohn et al., 2016). Entre P450 e as características de leite, as correlações genéticas foram positivas e moderadas (0,33 a 0,44), sugerindo que a seleção para volume de leite e componentes, pode trazer ganhos correlacionados, em algum grau, no peso aos 450 dias dos animais, contribuindo para que as fêmeas Guzerá alcancem condições corporais que lhes permitam uma idade mais precoce ao primeiro parto. Correlações genéticas favoráveis entre PL305 e peso em outras idades em bovinos Guzerá também foram relatadas por Brito et al., 2020.

Uma vez que PL305 é a principal característica sob seleção no Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite, os resultados encontrados no presente estudo são promissores, principalmente para rebanhos com foco no duplo-propósito. A inexistência de antagonismo entre P450 e as características de leite avaliadas viabiliza a seleção concomitante para produções de leite e corte, com ganho genético simultâneo nas características envolvidas. Contudo, estudos mais abrangentes, que incluam outras características de leite, de crescimento e até mesmo reprodutivas, são necessários para conclusões mais assertivas sobre as associações genéticas entre essas características.

Conclusão

Todas as características avaliadas apresentam possibilidade de resposta à seleção na raça Guzerá. Além disso, as correlações genéticas favoráveis sugerem possibilidade de seleção genética conjunta para produção de leite, de gordura, de proteína, e peso aos 450 dias.

Agradecimentos

Agradecemos o suporte do Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá (CBMG²), da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), e da CAPES.

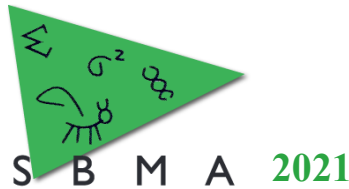
Literatura citada

Brito, L.C., Peixoto, M.G.C.D., Carrara, E.R., Fonseca e Silva, F., Ventura, H.T., Bruneli, F.A.T. & Lopes, P.S. 2020. Genetic parameters for milk, growth, and reproductive traits in Guzerá cattle under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, 52, 2251–2257.

Bruneli, F.A.T., Peixoto, M.G.C.D., Júnior, M.L.S., Pereira, R.J., Arbex, W.A., Penna, V.M., Zadra, L.E.F., Verneque, R. da S., Lôbo, R.B. & Carvalho, M.R.S. 2020. **National Breeding Program of Guzerá Cattle for Milk: Progeny Testing, National Zootechnical Archive and MOET Nucleus Results**. (1st Edition). Ed. Brazilian Agricultural Research Corporation Documentos, 251, Juiz de Fora: Embrapa Dairy Cattle.

Littlejohn, M.D., Tiplady, K., Fink, T.A., Lehnert, K., Lopdell, T., Johnson, T., Couldrey, C., Keehan, M., Sherlock, R.G., Harland, C., Scott, A., Snell, R.G., Davis, S.R. & Spelman, R.J. 2016. Sequence-based Association Analysis Reveals an MGST1 eQTL with Pleiotropic Effects on Bovine Milk Composition. **Scientific Reports**, 6, 25376.

Peixoto, M.G.C.D., Carvalho, M.R.S., Egito, A.A., Steinberg, R.S., Bruneli, F.A.T., Machado, M.A., Santos, F.C., Rosse, I.C. & Fonseca, P.A.S. 2021. Genetic Diversity and Population Genetic Structure of a Guzerá (*Bos indicus*) Meta-Population. **Animals**, 11, 1125.



Acurácia de predição do valor genético para características de leite e corte em bovinos Guzerá via BLUP e *single-step genomic* BLUP ‡

Eula Regina Carrara^{1*}, Paulo Sávio Lopes¹, Fabyano Fonseca e Silva¹, Renata Veroneze¹, Alessandra Alves da Silva², José Teodoro de Paiva¹, Luiz Antônio Josahkian³, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto⁴

‡Parte da tese de doutorado da primeira autora.

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Jaboticabal, SP, Brasil.

³Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, Uberaba, MG, Brasil.

⁴Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

*Autor correspondente: eulacarrara@gmail.com

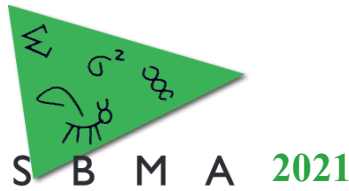
Resumo: A genotipagem dos animais Guzerá vem sendo realizada, visando à inclusão dessas informações nas avaliações genéticas da raça. O objetivo desse trabalho foi investigar o impacto da inclusão de dados genômicos sobre a acurácia dos valores genéticos para características de leite e de corte nas avaliações genéticas de bovinos Guzerá. Foram utilizados dados de produções de leite (PL305), de gordura (GOR305) e de proteína (PRO305) acumuladas e truncadas em 305 dias (N=5.229) e de peso aos 450 dias de idade (P450; N=88.456), e genótipos de 1.656 animais para 44.943 SNPs. Foi utilizado um modelo animal misto unicaracterística, baseado em dados genealógicos e genômicos, considerando os grupos de contemporâneos como efeitos fixos e o efeito genético direto como aleatório. As acurácias foram calculadas com base no erro-padrão associado a cada valor genético. Para PL305, GOR305, PRO305 e P450, os ganhos em acurácia foram, respectivamente, 16,36%, 17,39%, 12,24% e 1,75%. Como maior proporção de animais genotipados eram de animais com fenótipos para produção de leite, os valores genéticos para características de leite apresentaram maiores ganhos em acurácia. Contudo, também foi observado ganho em acurácia do valor genético predito para P450. Logo, a inclusão de informações genômicas na avaliação genética dos animais estudados, promoveu aumento na acurácia dos valores genéticos para as características leiteiras e para P450, o que possibilitaria um aumento no ganho genético com a seleção.

Palavras-chave: análise unicaracterística, avaliação genética, gado de corte, gado de leite, ssGBLUP, zebu.

Accuracy of prediction of breeding values for milk and beef traits in Guzerá cattle using BLUP and *single-step genomic* BLUP

Abstract: The genotyping of Guzerá animals has been carried out, aiming to include this information in the genetic evaluations of the breed. The aim of this study was to investigate the impact of including genetic marker data on the accuracy of breeding values for milk and weight traits in genetic evaluations of Guzerá cattle. Measurements of 305-day cumulative yields of milk (PL305), fat (GOR305), and protein (PRO305) (N=5,229), and weight at the age of 450 days (P450; N=88,456) were available. There were 1,656 animals genotyped for 44,943 single nucleotide polymorphisms (SNP). Pedigree-based and genomic-based single-trait analyses were performed using an animal mixed model considering the groups of contemporaries as fixed effects and the direct genetic effect as random. Accuracies were calculated based on the standard error of prediction. For PL305, GOR305, PRO305, and P450, the gains in accuracy were equal to 16.36%, 17.39%, 12.24% and 1.75%, respectively. As a greater proportion of genotyped animals came from animals with phenotypes for milk production, the breeding values for milk traits showed greater gains in accuracy. However, gains in accuracy were also observed for breeding values of P450. Thus, the inclusion of genomic information in the genetic evaluation of animals studied promoted an increase in accuracy of breeding value prediction for milk traits and P450, which would allow greater genetic gain from selection.

Keywords: beef cattle, genetic evaluation, dairy cattle, single-trait analysis, ssGBLUP, zebu.



Introdução

O Guzerá é uma das raças zebuínas mais produtivas presentes no Brasil e é amplamente utilizada em estratégias de cruzamento com foco na produção de animais adaptados a condições climáticas tropicais para sistemas de produção de duplo propósito. Atualmente, a avaliação genética nacional dos animais Guzerá é realizada por métodos convencionais, ou seja, baseada em informações de genealogia (Bruneli et al., 2020). Embora esforços têm sido empenhados para a genotipagem ampla dos animais Guzerá, essas informações ainda não foram incluídas em estudos sobre as metodologias para a avaliação genética usando dados genômicos da raça. Dentre os métodos de avaliação genômica existentes, o *single-step genomic BLUP* (ssGBLUP) apresenta a vantagem de combinar informações fenotípicas, genealógicas e de marcadores genéticos em um único passo (Misztal et al., 2009). Nesse contexto, o objetivo desse estudo foi acessar a acurácia dos valores genéticos de bovinos Guzerá, considerando as características de produção de leite e peso aos 450 dias de idade, sob abordagem convencional e genômica.

Material e Métodos

Foram utilizadas mensurações das produções de leite (PL305), de gordura (GOR305) e de proteína (PRO305) acumuladas e truncadas em 305 dias, considerando animais de primeira lactação, e do peso ajustado para 450 dias de idade (P450), oriundas de 92.282 animais (43.101 machos e 49.181 fêmeas), nascidos entre 1975 e 2018. O arquivo de genealogia consistiu de 141.518 animais de 18 gerações, incluindo 5.211 touros e 60.922 vacas. Genótipos para 44.943 SNPs provenientes de um total de 1.656 animais (43 machos, 1.613 fêmeas) foram utilizados nas análises. A análise descritiva das características pode ser visualizada na Tabela 1.

Tabela 1. Número de animais com fenótipo (N), número de animais com genótipo (N_G), média, desvio padrão (DP) e valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características de leite e para peso aos 450 dias de idade de bovinos Guzerá

Características ^a (kg)	N	N _G	Média	DP	MIN	MAX
PL305	5.229	976	1.991,17	980,90	105,00	6.487,00
GOR305	1.853	621	82,82	37,06	6,00	281,17
PRO305	1.543	629	62,08	27,16	4,00	232,00
P450	88.456	574	275,75	58,58	102,27	499,00

^a PL305: produção de leite acumulada aos 305 dias; GOR305: produção de gordura acumulada aos 305 dias; PRO305: produção de proteína acumulada aos 305 dias; P450: peso ajustado para os 450 dias de idade.

Os valores genéticos foram preditos por meio de análise unicaracterística, sob o seguinte modelo animal: $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$, em que \mathbf{y} é o vetor de fenótipos; \mathbf{b} é o vetor de efeitos fixos de grupos de contemporâneos e covariáveis; \mathbf{a} é o vetor de efeitos aditivos genéticos diretos aleatórios; \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência que relacionam \mathbf{b} e \mathbf{a} à \mathbf{y} , respectivamente; e \mathbf{e} é o vetor de resíduos. Para as características PL305, GOR305 e PRO305, os grupos de contemporâneos foram formados concatenando-se rebanho, ano e estação de parto, e para a idade ao parto foi considerada como covariável linear. Para P450, os GCs foram formados pela concatenação das variáveis rebanho, sexo, ano e estação de nascimento, e a idade da mãe ao parto foi considerada como covariável linear.

Para verificar a habilidade preditiva dos modelos baseados em dados genealógicos (BLUP) e baseados na combinação de dados genealógicos e dados genômicos (ssGBLUP), foram realizadas validações cruzadas, em que os animais com fenótipo e genótipo (todas fêmeas) foram divididos em cinco grupos mutuamente exclusivos e as análises foram repetidas cinco vezes para cada característica, de tal forma que em cada análise, o fenótipo de um dos cinco grupos foi excluído. A acurácia individual dos valores genéticos para os animais da população de validação, foi calculada por meio da seguinte equação: $r = \sqrt{1 - (EP^2/\sigma_a^2)}$, em que r é a acurácia associada a cada valor genético; EP é o erro padrão associado com cada valor genético e σ_a^2 é a variância aditiva da característica (Hayes et al., 2009).



Resultados e Discussão

As médias (e respectivos desvios-padrão) das acurácias dos valores genéticos obtidas por BLUP e ssGBLUP, juntamente com o ganho em acurácia, podem ser visualizadas na Tabela 2.

Tabela 2. Média das acurácias dos valores genéticos dos animais (com os respectivos desvios-padrão) e o ganho em acurácia para as características de leite e para peso aos 450 dias de idade de bovinos Guzerá

Características ^a	BLUP	ssGBLUP	Ganho em acurácia
PL305	0,55 (0,08)	0,64 (0,06)	16,36%
GOR305	0,46 (0,08)	0,54 (0,06)	17,39%
PRO305	0,49 (0,08)	0,55 (0,07)	12,24%
P450	0,57 (0,06)	0,58 (0,06)	1,75%

^a PL305: produção de leite acumulada aos 305 dias; GOR305: produção de gordura acumulada aos 305 dias; PRO305: produção de proteína acumulada aos 305 dias; P450: peso ajustado para os 450 dias de idade.

As acurácias dos valores genéticos variaram de 0,46 a 0,57, considerando as análises BLUP e de 0,54 a 0,64, considerando as análises ssGBLUP. Os ganhos em acurácia foram iguais a 16,36%, 17,39%, 12,24% e 1,75% para PL305, GOR305, PRO305 e P450, respectivamente.

O ganho em acurácia foi maior nas características de leite, as quais possuíam maior quantidade de animais com fenótipo e com genótipo; 18,57%, 33,51% e 40,76% dos animais com fenótipo para, respectivamente, PL305, GOR305 e PRO305 possuíam genótipo. Por outro lado, para P450, apenas 0,65% dos animais fenotipados possuíam genótipo, o que reflete no menor ganho em acurácia, de 1,75%. Contudo, não deixa de ser um resultado interessante, uma vez que mesmo uma pequena fração de animais genotipados foi capaz de trazer ganho em acurácia para os valores genéticos dos animais mensurados para P450.

Ressalta-se que os animais utilizados para cálculo das acurácias eram fêmeas, portanto, com um menor número de descendentes fenotipados. Os ganhos em acurácia podem ser ainda maiores em machos, que podem apresentar um maior número de descendentes fenotipados na população.

O ganho genético é diretamente associado com a acurácia dos valores genéticos, ou seja, quanto maior a acurácia, maior o ganho. Dessa forma, o aumento da acurácia dos valores genéticos, com a inclusão de informações genômicas nas avaliações genéticas de bovinos Guzerá, poderá proporcionar aumento também na superioridade genética da próxima geração.

Conclusão

A acurácia dos valores genéticos dos animais Guzerá considerados no estudo foi maior quando as informações de marcadores genéticos, ou seja, dados genômicos, foram incluídas nas análises, comparada com a avaliação genética baseada apenas em dados genealógicos.

Agradecimentos

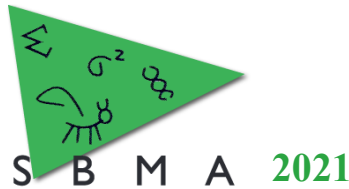
Agradecemos o suporte do Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá (CBMG²), da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), e da CAPES.

Literatura citada

Bruneli, F.A.T., Peixoto, M.G.C.D., Júnior, M.L.S., Pereira, R.J., Arbex, W.A., Penna, V.M., Zadra, L.E.F., Verneque, R. da S., Lôbo, R.B. & Carvalho, M.R.S. 2020. **National Breeding Program of Guzerá Cattle for Milk: Progeny Testing, National Zootechnical Archive and MOET Nucleus Results**. (1st Edition). Ed. Brazilian Agricultural Research Corporation Documentos, 251, Juiz de Fora: Embrapa Dairy Cattle.

Hayes, B.J., Bowman, P.J., Chamberlain, A.C., Verbyla, K. & Goddard, M.E. 2009. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetic Selection Evolution**, 41, 51.

Misztal, I., Legarra, A. & Aguilar, I. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, 92, 4648–4655.



Modelos de Normas de Reação para produção de leite em até 305 dias em bovinos da raça Girolando

Caio de Souza Teixeira^{1*}, Ivan Carvalho Filho¹, Delvan Alves da Silva¹, Thales de Lima Silva¹, Darlene dos Santos Daltro², Renata Negri², Sabrina Kluska², Marco Antônio Machado³, João Cláudio do Carmo Panetto³, Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva^{3,4}, Roberto Carneiro^{1,4}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Associação Brasileira dos Criadores de Girolando - ABCG

³Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Gado de Leite – Juiz de Fora - MG.

⁴Pesquisador do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: cs.teixeira@unesp.br

Resumo: O objetivo desse estudo foi comparar modelos de normas de reação (MNR) para produção de leite em até 305 dias (PL305) em bovinos da raça Girolando. Foram utilizados 60.256 dados fenotípicos da primeira lactação. Os gradientes ambientais (GA) foram definidos considerando as soluções dos grupos de contemporâneos utilizando o modelo animal. Em seguida, foram avaliados três modelos de norma de reação para avaliar a sensibilidade genética nos diferentes GA, considerando heterogeneidade ou homogeneidade de variância residual. As estimativas das correlações entre intercepto e a inclinação foram moderadas a altas para todos os modelos, o que demonstra que animais podem apresentar maiores variações (plasticidade) dos valores genéticos preditos nos GAs extremos, principalmente aqueles com elevados valores genéticos em ambientes médios. De modo geral, os modelos heterocedásticos tiveram melhores ajustes em relação ao modelo homocedástico com base no critério Akaike (AIC), dentre os quais, o MNR utilizando um polinômio segmentado linear-linear demonstrou ser o mais adequado, o que indica haver uma não linearidade no MNR para PL305.

Palavras-chave: Girolando, interação genótipo ambiente (GxE), norma de reação, produção de leite

Reaction Norm Models for 305-day milk yield in Girolando cattle

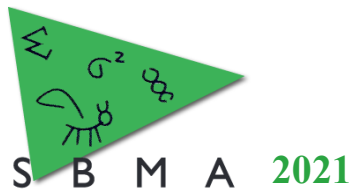
Abstract: The aim of this study was to compare reaction norm models for 305-day milk yield (PL305) in Girolando cattle. A total of 60,256 phenotypic records from the first lactation were used. The environmental gradient was based on the solutions of contemporary groups using the animal model. Then, three reaction norm models were evaluated to assess genetic sensitivity in different environmental gradients (EG). The estimates of the correlations between intercept and slope were moderate to high for all models, which demonstrates that animals may show greater variations (plasticity) of predicted breeding values in extreme EGs, especially those with high breeding values in medium environments. In general, the heteroskedastic models had better fit in relation to the homoscedastic model based on the Akaike (AIC) criterium, among which, the MNR using a spline linear-linear polynomial proved to be the most adequate, which indicates that there is a non-linearity in the MNR for PL305.

Keywords: genotype by environmental interaction (GxE), Girolando, reaction norm, milk production

Introdução

A seleção do material genético apropriado para o alcance dos objetivos de seleção na produção de leite está entre os fatores mais importantes a serem considerados dentro de um sistema produtivo. Por outro lado, variações genéticas podem ocorrer quando animais apresentam sensibilidade aos ambientes aos quais são expostos, podendo assim influenciar a seleção daqueles que tiveram seu desempenho afetado por um ambiente mais ou menos favorável. De acordo com Falconer & Mackay (1996), diferentes respostas dos genótipos às variações ambientais caracterizam a interação genótipo ambiente (GxE).

Nesse sentido, a utilização de modelos que identifiquem a GxE de forma a auxiliar na seleção de animais adequados a cada sistema, tem sido investigado por vários estudos nos últimos anos. A utilização dos modelos de norma de reação (MNR) pode ser vantajosa nesse contexto, uma vez que permite considerar uma variação gradual do ambiente em escala contínua, o que pode auxiliar na identificação de animais mais robustos às variações no gradiente ambiental (Streit et al., 2012). No entanto, ainda são necessários estudos sobre os MNR que melhor se ajuste ao conjunto de informações disponíveis dos sistemas de produção de bovinos leiteiros em condições tropicais.



Desse modo, o objetivo com esse estudo foi comparar modelos de normas de reação para produção de leite em até 305 dias (PL305) em bovinos da raça Girolando criados em diferentes regiões do Brasil.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de produção de leite em até 305 dias (PL305) e genealogia oriundos do Programa de Melhoramento Genético do Girolando (PMGG), desenvolvido em parceria entre a Girolando e a Embrapa Gado de Leite, referentes aos anos de 1989 a 2020. Edições no banco de dados foram realizadas de modo a excluir *outliers* e, ou, demais informações que poderiam estar incorretas. Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por animais nascidos no mesmo rebanho, ano de parto e época de parto, essa última definida em verão, outono, inverno e primavera. Cada GC foi constituído de no mínimo cinco animais, filhos de pelo menos dois touros. Após os critérios de edição, restaram 60.256 registros de primeira lactação, distribuídos em 4.395 GC.

O gradiente ambiental foi baseado nas soluções dos GCs padronizadas (média zero e variância um) obtidas por meio de uma análise prévia utilizando o modelo animal sem considerar a GxE, que incluiu o efeito genético aditivo direto e residual com aleatórios, efeitos fixos de GC, número de ordenha, heterozigosidade, composição racial e efeito linear e quadrático da idade da vaca ao parto, como covariável. Em seguida, foram avaliados três modelos de norma de reação (MNR) para avaliar a sensibilidade genética nos diferentes GAs (Falconer and Mackay, 1996).

O primeiro modelo de norma de reação (MNR-hom) aplicado assumiu que os resíduos para os GAs eram homogêneos sendo descrito como: $y_{ij} = x'_j\beta + \phi_1\hat{w}_i + b_{0j} + b_{1j}\hat{w}_i + e_{ij}$, em que y_{ij} é o registro fenotípico do animal j no nível i do GA; β é um vetor de efeitos fixos e x'_j é seu vetor de covariância; ϕ_1 é o coeficiente de regressão linear de y_{ij} em \hat{w}_i ; \hat{w}_i é efeito estimado do gradiente ambiental; b_{0j} é o efeito genético aditivo global aleatório ou o intercepto do animal j para um GA médio ($\bar{w}=0$); b_{1j} é o efeito genético aditivo aleatório do declive da norma de reação do animal j em \hat{w}_i expresso como um desvio de ϕ_1 ; e e_{ij} é o resíduo aleatório. O segundo modelo (MNR-het) foi similar ao MNR-hom, exceto pelo fato de os resíduos serem modelados com a pressuposição de variância residual específica para cada GA (heterogeneidade). O terceiro modelo (MNR_1-1) também assumiu variâncias residuais heterogêneas e utilizou um polinômio segmentado linear-linear para modelar a curva fixa e a norma de reação dos efeitos genéticos aditivos e residuais. As estimativas dos componentes de (co)variância de todos os MNR foram obtidas por máxima verossimilhança restrita usando o software AIREMLF90. Os diferentes MNR foram comparados com base no critério de informação de Akaike (AIC).

Resultados e Discussão

De modo geral, os modelos heterocedásticos tiveram melhores ajustes em relação ao modelo homocedástico com base no critério AIC, dentre os quais, o MNR_1-1 demonstrou ser o mais adequado, o que indica haver uma não linearidade no MNR para PL305 em bovinos da raça Girolando (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de variância genética (diagonal), covariância (triangular superior; em itálico), correlação genética (triangular inferior; em negrito) entre coeficientes de modelos de norma de reação (MNR), variância residual, herdabilidade e critérios de informação de Akaike (AIC) para produção de leite até 305 dias (kg) em bovinos da raça Girolando

Modelo ¹	Coefficiente ²	b0	b1	b2	e ³	h ² (min-máx)	AIC
MNR_hom	b0	538520	<i>129910</i>	-	2713900	0,16 (0,02-0,37)	1.002.953
	b1	0,99	32023	-			
MNR_het	b0	456730	<i>58277</i>	-	14,82	0,14 (0,09-0,19)	1.002.807
	b1	0,81	11431	-	0,11		
MNR_1-1	b0	448290	<i>82378</i>	<i>-26402</i>	15,02		
	b1	0,77	25855	<i>-4903,80</i>	0,42	0,14 (0,11-0,31)	1.002.317
	b2	-0,56	-0,43	5047,20	-0,57		

¹Modelos de norma de reação: MNR_hom: modelo homocedástico; MNR_het: modelo heterocedástico; MNR_1-1: polinômio segmentado linear-linear heteroscedástico. ²Coefficientes do MNR para efeito genético aditivo aleatório (b0: intercepto; b1 inclinação; b2 inclinação do segmento 1(2)). ³Variância residual

(MNR_hom) ou variância residual associada aos coeficientes dos parâmetros dos modelos heterocedásticos.

As estimativas das correlações entre intercepto e a inclinação foram moderadas a altas para todos os modelos, o que demonstra que animais podem apresentar maiores variações (plasticidade) dos valores genéticos preditos nos GAs extremos, principalmente aqueles com elevados valores genéticos em ambientes médios.

O resultado do MNR_hom indica que ao assumir homoscedasticidade, parte da variância residual foi estimada como variância genética aditiva, ocasionando sub e superestimação da herdabilidade nos menores e nos maiores GAs, respectivamente (Figura 1).

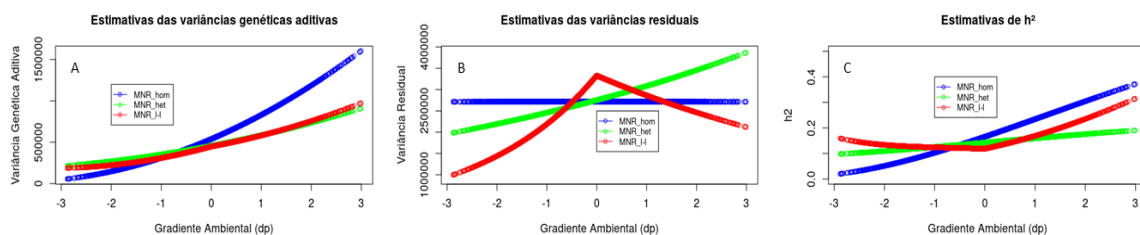


Figura 1. Estimativas das variâncias genéticas aditivas (A), variâncias residuais (B) e herdabilidade (C) em função dos gradientes ambientais.

Para os modelos heterocedásticos, estimativas médias de h^2 de 0,14 foram observadas. No entanto, verifica-se que o segundo segmento do MNR_l1 apresenta decréscimo nas estimativas das variâncias residuais, sendo inversamente proporcional as estimativas de herdabilidade, o que não ocorreu com o MNR_het nos GA médio a alto, explicando dessa forma a amplitude menor das estimativas de h^2 para esse modelo. Dalto et. al, (2021) ao compararem modelos multi-raças (Holandês, Gir e Girolando) homocedásticos e heterocedásticos na avaliação genética para a produção de leite no dia do teste, observaram melhores ajustes para os modelos heterocedásticos, e afirmaram que essa condição deve ser levada em consideração para produção de leite no dia do teste, uma vez que essa pode sofrer diferentes intensidades do ambiente ao longo da lactação.

Conclusão

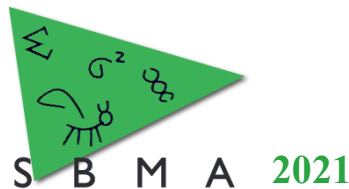
Os resultados do presente estudo sugerem a necessidade de contemplar a interação genótipo ambiente para a avaliação genética da produção de leite até 305 dias na raça Girolando. Dentre os modelos de normas de reação testados para este fim, recomenda-se a utilização do modelo heretocedástico, com a aplicação de um polinômio segmentado linear-linear para modelar o efeito genético aditivo e o resíduo.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG), à Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)/Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia - Ciência Animal (INCT-CA).

Literatura citada

- Daltro, D.S., Ambrosini, D.P., Negri, R., Silva, M.V.G.B, Cobuci, J.A. 2021. Homocedastic or heterocedastic inference in the genetic evaluation of a multi-breed dairy cattle. **Livestock Science**. 250, 1413-1871.
- Falconer D.S & Mackay T.F.C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. (Fourth Edition), Trends in Genetics.
- STREIT, M., Reinhardt, F., Thaller, G., Bennewitz, J. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the German Holstein dairy cattle. 2012. **Journal of Animal Breeding and Genetics**.129, 380–389.



Deleção no gene *MC1R* altera coloração da pelagem em bovinos da raça Guzerá

Caroline Jesus Silva Santana^{1*}, Jackeline Santos Alves¹, Louise Sarmento Martins de Oliveira¹, Marisa Silva Bastos¹, Raphael Bermal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: carol-aine1@live.com

Resumo: A coloração da pelagem em bovinos está intimamente relacionada a caracterização racial e termorregulação. O gene *MC1R* está associado a produção de melanina e polimorfismos encontrados nesse gene já foram associados a variação da coloração da pelagem em bovinos. Uma vaca da raça Guzerá de coloração vermelho-alaranjada, filha de animais com coloração acinzentada, teve o gene *MC1R* estudado pela técnica de PCR-sequenciamento. Encontrou-se uma deleção de um par de base que causa uma mudança no quadro de leitura a partir do aminoácido 104 e antecipação de códon de terminação originando uma proteína menor. A mutação causa a variação na coloração da pelagem da vaca.

Palavras-chave: cinza, laranja, SNP, pelo.

MC1R gene deletion alters coat color in Guzerat cattle

Abstract: Coat color in cattle is related to breed qualification and thermoregulation. The *MC1R* gene is associated with a production of melanin and polymorphisms found in this gene have been associated with variation in coat color in cattle. A red-orange colored Guzerat cow, daughter of gray animals, had the *MC1R* gene studied by the PCR-sequencing. A deletion of a base pair was found. It causes a frameshift alteration apart from amino acid 104 and stop codon anticipation, generating a smaller protein. The mutation causes the variation in the cow's coat color.

Keywords: gray, hair, orange, SNP.

Introdução

Bovinos da raça Guzerá possuem como uma das características raciais pelagem branco com cinza (acinzentada), própria dessa raça zebuína. Todavia, um fato inédito ocorreu na propriedade em Itagibá na Bahia (Marca Vi) onde uma vaca Guzerá nasceu com pelagem vermelho-alaranjada. Recebeu o nome de Cenoura. A vaca é filha de mãe registrada (livro aberto) e de pai (puro de origem). A fêmea não foi registrada, pois a pelagem não é aceita. Além da pelagem diferente, o animal possui cascos e cornos despigmentados também. Mediante esse fato raro, buscou-se identificar as variações genéticas causadoras desse fenótipo. A princípio pode ser desfavorável devido à despigmentação, mas há necessidade de maiores investigações bioclimatológicas, pois o pelame pode conferir facilidade na termorregulação (McManus et al 2009). Assim, estudar os mecanismos genéticos da expressão do fenótipo é o primeiro passo. Um dos principais genes causadores de alteração de pigmentação em animais é o *MC1R*, inclusive em bovinos. As variações nas pelagens preta e vermelha na raça Holandesa são causadas por polimorfismos nesse gene (Dorshorst et al 2015). Poucos estudos feitos com zebuínos para esse gene mostram variações que podem estar relacionadas a diferentes colorações de pelagem (Goud et al 2020). Assim, o objetivo desse estudo é procurar por variantes existentes no gene *MC1R* que expliquem a diferenças de pelagem dentro da raça Guzerá bem como o mecanismo de ação gênica.

Material e Métodos

A extração do material biológico (fóliculo piloso) foi feita de 11 bovinos da raça Guzerá, sendo 10 animais de pelagem cinza e 1 animal de pelagem vermelho-alaranjado, cujo nome é Cenoura (Figura 1). Posteriormente, utilizamos o kit de extração de DNA Nucleo Spin® Tissal, para extração do DNA genômico total. Após a extração, verificamos a qualidade do material genético extraído, utilizando a

técnica de eletroforese em gel de 0,8%. A extração foi realizada no Laboratório Multifuncional da Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA. Para a PCR foram utilizados primers descritos por Goud et al (2020). Para amplificação, utilizou-se um termociclador sob as seguintes condições: 95°C por 3 minutos para a desnaturação inicial, seguindo de 35 ciclos de 95°C a 1 minuto, sendo 56°C a temperatura de anelamento e 72°C para a extensão durante 1 minuto. Em seguida, ocorreu a extensão final durante 1 ciclo de 10 minutos à 72°C. O fragmento de DNA amplificado possui 954 pares de base e compreende o único éxon completo do gene. Em seguida, o produto da PCR foi submetido a eletroforese em gel de agarose a 1,5% a fim de verificar a unidade das bandas amplificadas. Posteriormente, os amplicons foram purificadas com PEG a 20%, quantificados e sequenciados para ambos os *primers*. As sequências obtidas foram analisadas usando o *software BioEdit Sequence Alignment Editor* e foram depositadas no NCBI sob as numerações: MZ361079 e MZ361080.

Figura 1. Vaca da raça Guzerá nomeada Cenoura. Fonte: Página da Marca Vi no Instagram.



Resultados e Discussão

Geraram-se sequências do gene *MC1R* para 11 bovinos da raça Guzerá. Encontraram-se três mutações na sequência do animal Cenoura. A primeira dela é uma deleção de 1 par de base, na posição 311 do gene *MC1R*, que gera uma alteração do quadro de leitura a partir do aminoácido da posição 104 pela recomposição das trincas de nucleotídeos. A deleção também causa antecipação do códon de terminação gerando uma proteína final de 155 aminoácidos bem menor que original de 318 aminoácidos (Figura 2). Além da deleção, foram encontradas dois SNPs na sequência do gene do animal alaranjado. O primeiro está localizado na posição 583 (C>T) e o segundo está na posição 663 (T>C). Os SNPs encontram-se após o códon de terminação predito e não estão envolvidos na formação dos aminoácidos da nova proteína referida.

Polimorfismos no gene *MC1R* são frequentemente associados a mudança da coloração da pelagem de animais domésticos, inclusive de bovinos (Dorshorst et al 2015, Goud et al 2020). Assim, acredita-se que essa deleção seja a mutação causadora da pelagem vermelho-alaranjada da vaca Guzerá em estudo. A frequência de ocorrência da pelagem é baixíssima, mas estudos futuros de termorregulação podem ser conduzidos a fim de se avaliar características de adaptação. O conhecimento biológico proporcionado pela descoberta ressalta a importância do gene para a coloração da pelagem e possibilita investigação de estudos futuros de variações semelhantes, tendo-o como gene candidato.

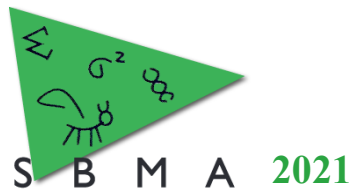


Figura 2. Sequência de aminoácidos de bovinos da raça Guzera.

	10 20 30 40 50
Guzera Gray	MPALGSQRRLLGSLNCTPPA TLPFTLAPNR TGPQCLEVSI PDGLFSLGL
Guzera Red	MPALGSQRRLLGSLNCTPPA TLPFTLAPNR TGPQCLEVSI PDGLFSLGL

	60 70 80 90 100
Guzera Gray	VSLVENVLVVAAIAKRNRLH SPMYFICCL AVSDLLSVS NVLETAVMLL
Guzera Red	VSLVENVLVVAAIAKRNRLH SPMYFICCL AVSDLLSVS NVLETAVMLL

	110 120 130 140 150
Guzera Gray	LEAGVLATQA AVVQQLDNVI DVLICGSMVS SLCFLGAIIV DRYISIFYAL
Guzera Red	LEAVSWPPRR PWCSSWTMSS TCSSADPWCP ASASWVPLLW TATSPSSTPC

	160 170 180 190 200
Guzera Gray	RYHSVVTLPRAWRIIAAIWV ASILTSLLFI TYYNHKVILL CLVGFFIAML
Guzera Red	GTTVL*-----

	210 220 230 240 250
Guzera Gray	ALMAVLYVHMLARACQHARG IARLQKRQRP IHQGFGLKGA ATLTILLGVF
Guzera Red	-----

	260 270 280 290 300
Guzera Gray	FLCWGPFPLH LSLIVLCPQH PTCGCFKNF NLFLALIICN AIVDPLIYAF
Guzera Red	-----

	310
Guzera Gray	RSQELRKTLLQ EVLQCSW*
Guzera Red	-----

Conclusão

Uma deleção de um par de base que causa uma mudança no quadro de leitura dos aminoácidos e antecipação de códon de terminação causa pelagem de coloração alaranjada em bovinos da raça Guzera.

Agradecimentos

Agradecemos ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa da primeira autora. Agradecemos ao produtor Davi Teixeira pela coleta do material biológico do animal na Fazenda Água Doce, Itagibá-BA, Brasil.

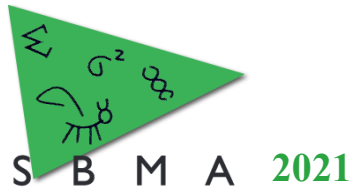
Literatura citada

Dorshorst, Ben et al. Dominant red coat color in Holstein cattle is associated with a missense mutation in the coatmer protein complex, subunit alpha (COPA) gene. **PLoS One**, v. 10, n. 6, p. e0128969, 2015.

Goud, Talla Sridhar et al. Identification and sequence characterization of melanocortin 1 receptor gene (*MC1R*) in *Bos indicus* versus (*Bos taurus* X *Bos indicus*). **Animal Biotechnology**, v. 31, n. 4, p. 283-294, 2020.

Hall, T.A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/ NT. *Nucl. Acids Symp. Ser. (Oxf)* 41, 95-98.

McManus, Concepta et al. Heat tolerance in Brazilian sheep: physiological and blood parameters. **Tropical Animal Health and Production**, v. 41, n. 1, p. 95-101, 2009.



Frequência alélica e genotípica para beta-caseína do leite em rebanhos leiteiros na microrregião de Araguaína, Tocantins, Brasil.

Rodolfo Olinto Rotoli Garcia Oliveira¹, **Jorge Luís Ferreira**^{1,2*}, Matheus Henrique Dias Rodrigues², Ana Beatriz Bezerra Sousa², Itallo Romero Marques Sobreira², Minos Esperandio de Carvalho³, Helcileia Dias Santos¹, Silvia Minharro¹, José Bento Sterman Ferraz³.

¹Programa de Pós-graduação em Sanidade Animal e Saúde Pública, Universidade Federal do Tocantins, Araguaína, TO, Brasil.

²Núcleo de Pesquisa e Extensão em Genética e Melhoramento Animal, Universidade Federal do Tocantins, Araguaína, TO, Brasil.

³Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, FZEA, USP, Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: jlferreira@uft.edu.br

Resumo: Atualmente existe uma preocupação em relação à qualidade e doenças relacionadas ao consumo de leite, pois o mesmo pode gerar desconfortos e reações alérgicas em alguns indivíduos devido aos constituintes proteicos. Objetivou-se verificar a frequência alélica e genotípica de genes para beta caseína, A1 e A2, em rebanhos leiteiros da microrregião de Araguaína-TO. A amostragem foi constituída de 421 animais, e dois marcadores das regiões polimórficas foram caracterizados e confirmados por PCR em tempo real, usando um sistema de detecção de sequências ABI Prism® 7500 (Applied Biosystems). As frequências alélicas e genotípicas foram determinadas utilizando o sistema de detecção TaqMan™ com emissão de sinais de fluorescência diferentes para cada alelo. Observou-se frequência do alelo A1 de 28,27%, e do alelo A2 de 71,73% no rebanho amostral. A frequência genotípica de A2A2 foi de 52,96%, com genótipo A1A2 37,53%, e de 9,50% com genótipo A1A1. A frequência do alelo A1 para beta-caseína em rebanhos leiteiros da microrregião de Araguaína, TO se mostrou baixa e seguiu a mesma tendência já observada na literatura nacional. Os genótipos A2A2 da beta-caseína apresentaram frequência relativa alta, entretanto o genótipo A1A2 ainda é bastante frequente, necessitando de maior pressão de seleção.

Palavras-chave: beta-caseína, bovinos, gado leiteiro, Tocantins

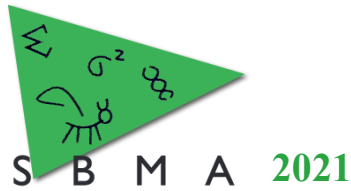
Allelic and genotypic frequency for milk beta-casein in dairy cattle in the micro region of Araguaína, Tocantins, Brazil

Abstract: At present, there is a concern about the quality of milk and diseases related to its consumption, as it can generate discomfort and allergic reactions in some individuals due to its protein components. Thus, the present study was developed to identify the allele and genotype frequencies of genes for β -casein, A1 and A2, in dairy herds in the region of Araguaína-TO, Brazil. Genetic material from 421 animals (crossbred dairy cattle in production) from the region of Araguaína were used. All animals were numbered for identification, and DNA samples were extracted from hair bulbs. Samples for two markers from the polymorphic regions were characterized and confirmed by real-time PCR using the ABI Prism® 7500 Sequence Detection System (Applied Biosystems). Allele and genotype frequencies were determined using the TaqMan™ detection system, where the primer and probe release different fluorescence signals for each allele of the polymorphism. The sampled herd showed frequencies of 28.27% for the A1 allele and 71.73% for the A2 allele. Genotype frequencies were 52.96% (223/421) for A2A2; 37.53% (158/421) for the A1A2 genotype; and 9.50% (40/421) for the A1A1 genotype. The frequency of the A1 allele for β -casein in dairy herds from the northern region of Tocantins was low and followed the same trend described in the literature. Although the A2A2 genotype of β -casein had a high relative frequency, the A1A2 genotype is still rather frequent, warranting greater selection pressure.

Keywords: beta-casein, dairy cattle, genotyping, Tocantins.

Introdução

No leite, a beta-caseína representa de 25 a 35% do total das proteínas contidas e de acordo com a genética do animal serão expressos no leite as variantes β -caseína A1 e/ou A2, originando a denominação leite A1 (no qual haverá apenas β -caseína do tipo A1 ou uma mistura de β -caseína A1 e A2) e leite A2 (no qual haverá apenas a β -caseína do tipo A2) (Barbosa et al. 2019). A presença da beta-caseína A1 no leite causa a clivagem, quebra da ligação peptídica como resultado do processo de digestão, liberando peptídeos



bioativos β -casomorfina-7 (BCM-7) que provoca reações alérgicas. Assim, a presença do alelo A2 evita a hidrólise da ligação peptídica e inibe a liberação de BCM-7 (KAMIŃSKI et al., 2007; SHARMA et al., 2013). No Brasil estudos relacionados a frequência da presença dos alelos para beta caseína ainda são escassos, principalmente referente a rebanhos zebuínos. Estudo realizado por Silva et al. (2017) com vacas Gir leiteria encontrou 41% (7/17) dos animais com alelo A1A2 e 59% (10/17) apresentavam o alelo A2A2. Pereira (2018) trabalhando com animais da raça Crioula lageana encontrou frequências de 0,01 (A1A1), 0,301 (A1A2) e 0,689 (A2A2). Dessa forma, o objetivo do presente estudo é identificar a frequência alélica e genotípica para beta caseína, A1 e A2, em rebanhos leiteiros na microrregião de Araguaína, Estado do Tocantins, Brasil.

Material e Métodos

O presente experimento foi realizado no período de agosto de 2020 a fevereiro de 2021. Foram selecionados três (03) rebanhos da bacia leiteira da microrregião de Araguaína, Tocantins, localizados nos municípios de Araguaína, Colinas do Tocantins e Arapoema, totalizando 421 amostras. A seleção dos animais obedeceu aos seguintes critérios: 60% das vacas de primeira, segunda ou terceira lactação e entre 30 e 250 dias de lactação, a raça e idade não foram consideradas, em virtude da composição e diversidade genética dos rebanhos. Todas as propriedades foram caracterizadas como granjas leiteiras. Reprodutores e tourinhos de repasse também foram amostrados. A extração do DNA do folículo piloso foi realizada no Laboratório de Melhoramento Animal (LMA) do curso de Medicina Veterinária, da Universidade Federal do Tocantins (UFT) conforme protocolo reportado por Olerup e Zetterquist (1992). As amostras de genótipos para dois marcadores das regiões polimórficas foram caracterizadas e confirmados por PCR em tempo real no equipamento, ABI Prism® 7500 (Applied Biosystems). As frequências alélicas e genotípicas foram determinadas utilizando o sistema de detecção TaqMan™, no qual o primer e a sonda emitem diferentes sinais de fluorescência para cada alelo do polimorfismo, e foram pareados na região do DNA alvo, permitindo a identificação dos diferentes alelos (A1 e A2) pela leitura da fluorescência de cada amostra. A taxa de indivíduos heterozigotos e homozigotos para um de seus genótipos foi estimada pelos sinais fluorescentes das sondas. Para a reação em cadeia pela polimerase (PCR) em tempo real, foi usado aproximadamente 15 ng de DNA para um volume de reação de 10 μ L, contendo 0,25 μ L Assay Mix® (Applied Biosystems), e 5,0 μ L Taqman® Master Mix Universal PCR (Applied Biosystems), sob condições de reação de 10 min à 95 ° C e 45 ciclos de 15 s à 92 ° C e 1 min à 60 ° C. A partir da visualização do padrão de curvas dos genótipos, foi possível calcular as frequências gênicas (x_i e x_j) e genotípicas (x_{ii} , x_{ij} e x_{jj}), que foram determinadas a partir da contagem direta dos genótipos observados. Para testar as frequências observadas, foi realizado cálculo de teste do equilíbrio de Hardy-Weinberg (Falconer & MacKay, 1996).

Resultados e Discussão

Para a genotipagem do polimorfismo para beta caseína do leite, a metodologia utilizada mostrou-se adequada, com boa visualização dos genótipos. A frequência do alelo A1 foi de 28,27%, e do alelo A2 de 71,73% no rebanho amostral. Do total de amostras (421) 2,13% (09/421) foram de machos, reprodutores, que representaram 0,47% (02/421) com o genótipo A1A1, 0,47% com A1A2 (02/421) e 1,19% com o genótipo A2A2 (05/421). As fêmeas representaram 97,86% (412/421) do plantel analisado, com 9,02% (38/421) com genótipo A1A1, 37,05% (156/421) com genótipo A1A2, e 51,79% (218/421) com genótipo A2A2. As propriedades eram todas caracterizadas como granjas leiteiras, com produção média de 15,8 litros/animal e teor de gordura médio de 4,11. Os rebanhos apresentaram na sua composição grande variação de raças, sendo 41,33% dos animais caracterizados como mestiços (*Bos taurus* x *Bos indicus*), 49,88% da raça Girolanda, 7,60% da raça Gir, e o restante 1,19% de outras raças (Jersey e Sindi). Uma característica marcante dos animais mestiços é que fenotipicamente foi possível verificar que a composição genética zebuína prevalecia sob outros fenótipos europeus, embora não se pudesse definir a contribuição de cada raça. Possivelmente essa caracterização fenotípica pode justificar a maior frequência de genótipos A2A2, com 20,66% (87/421) do rebanho total e 50% (87/174) do grupo de animais provenientes de mestiçagem. Os outros animais mestiços apresentaram frequência de 9,77% (17/174) com genótipos A1A1 e 40,23% (70/174) com A1A2. Em todos os rebanhos analisados a frequência de alelos A2 foi superior a de A1, apresentando genótipos A2A2, em 52,97% dos animais

avaliados, com genótipo A1A2 37,53%, e de 9,50% com genótipo A1A1. A figura abaixo representa as frequências absolutas e relativas dos genótipos para beta-caseína do leite em cada um dos rebanhos analisados.

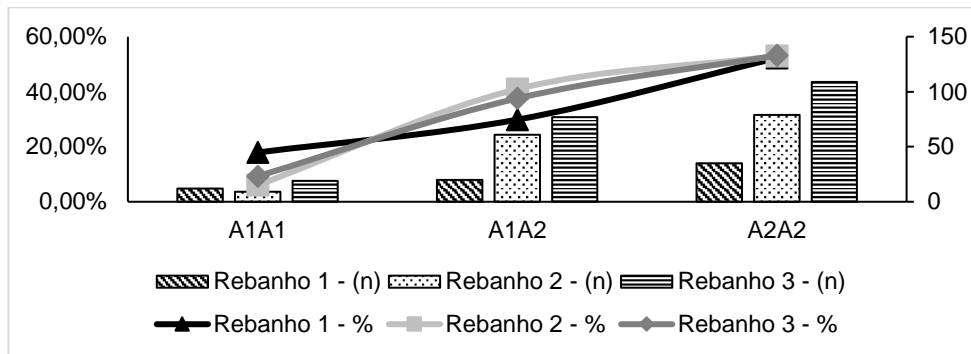


Figura 1. Frequências absolutas e relativas dos genótipos para beta-caseína do leite (A1A1, A1A2 e A2A2) dos rebanhos analisados.

Conclusão

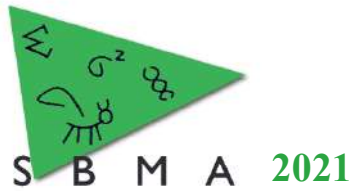
A frequência do alelo A1 para beta-caseína em rebanhos leiteiros da região norte do Tocantins se mostrou baixa e seguiu a mesma tendência já observada na literatura. Os genótipos A2A2 da beta-caseína apresentaram frequência relativamente alta, entretanto, o genótipo A1A2 ainda é bastante frequente, necessitando de maior pressão de seleção, uma vez que é recomendado o descarte de animais com este genótipo.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio do Programa Nacional de Cooperação Acadêmica na Amazônia – PROCAD/Amazônia da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES/Brasil.

Literatura citada

- KAMINSKI, S.; CIESLINSKA, A.; KOSTYRA, E. Polymorphism of bovine betacasein and its potential effect on human health. *Journal Applied Genetics*, v. 48, p. 189–198, 2007.
- OLERUP, O.; ZETTERQUIST, H. HLA-DR typing by PCR amplification with sequence-specific primers (PCR-SSP) in 2 hours: an alternative to serological DR typing in clinical practice including donor-recipient matching in cadaveric transplantation. *Tissue Antigens* 1992; 39: 225-235.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464p.
- PEREIRA, T.C. Identificação dos alelos A1 e A2 para o gene da beta-caseína na raça Crioula Lageana. Trabalho de conclusão de curso (graduação), Universidade Federal de Santa Catarina, CCA. Graduação em zootecnia. Florianópolis, 2018. 42p.
- BARBOSA, M.G., SOUZA, A.B., TAVARES, G.M., ANTUNES, A.E.C. Leites A1 e A2: revisão sobre seus potenciais efeitos no trato digestório. *Segur.Aliment.Nutr.*, Campinas, v.26,p.1-11.e019004.2019.
- SHARMA, V., NAROTAM, S., PREM, R.S., BINISH, J., SATISH, C.N. AND SINGH, R.K. Amplification of the bovine beta casein gene relevance to modern human health. *Am. J. PharmTech. Res.*, v. 3, n.1, p. 439-444, 2013.
- SILVA, M.B.; PASCHOAL, J.J.; HORTOLANI, B. Beta caseína A2 e sua relação com a produção e composição do leite de vacas Gir leiteiro. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, XXVII, 2017, Santos, São Paulo. Anais... 2017.



Avaliação do pagamento diferenciado para qualidade do leite praticado pelas indústrias do Brasil

Viviane Andrade Ligori^{1*}, Vera Lúcia Cardoso¹, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto²,
Frank Angelo Tomita Bruneli², Eula Regina Carrara³, Lenira El Faro Zadra¹

¹Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil.

²Embrapa Gado de leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

*Autor correspondente: vivianeligori@hotmail.com.br

Resumo: Este trabalho teve como objetivo avaliar diferentes sistemas de bonificação aplicados pelas indústrias lácteas sobre os teores de proteína e de gordura no leite, e sobre a contagem de células somáticas (CCS). Foram usadas tabelas de pagamento por qualidade de diferentes laticínios e estabelecidas as bonificações por classes de intervalos. Análises de regressão linear foram realizadas para estimar a condicional da variável pagamento (R\$), dadas as classes de intervalo do percentual de gordura e proteína e para a CCS. A partir das regressões pôde-se observar tendência não-linear dos valores estimados para a bonificação, bem como variação entre os pagamentos efetuados para os componentes do leite entre os estabelecimentos estudados, consequência da falta de uma política única de bonificação praticada no Brasil.

Palavras-chave: bovinos de leite, contagem de células somáticas, gordura, laticínios, proteína.

Evaluation of payment applied by the industry for milk quality components

Abstract: The aim of this study was to evaluate different systems of bonuses applied by dairy industries on protein and fat content in milk, and on somatic cell count (CCS). Tables of payment for the quality of different dairy products were used and the bonuses by interval classes were established. Linear regression analyses were performed to estimate the conditional variable payment (R\$), given the range classes of percentage of fat and protein, and for the CCS. From the regressions, a non-linear trend of estimated bonus values could be observed, as well as variation between payments made for milk components among the establishments studied, a consequence of the lack of a single bonus policy practiced in Brazil.

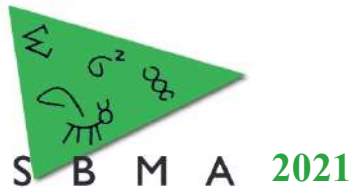
Keywords: dairy cattle, somatic cell count, fat, dairy, protein.

Introdução

Com a crescente exigência do consumidor e da agroindústria por produtos de melhor qualidade, foi criado o Programa Nacional de Melhoria da Qualidade do leite (PNQL) em 1996, por iniciativa do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). O objetivo do PNQL foi garantir a melhoria da qualidade do leite e seus derivados, assegurar a saúde da população e aumentar a competitividade dos produtos lácteos em novos mercados (TEIXEIRA JUNIOR et al., 2015). Como parte integrante deste programa, entrou em vigor a Instrução Normativa (IN) 51/2002, e depois a IN 62/2011, ambas revogadas com o implemento das IN 76/2018 e IN 77/2018, e atualizadas pela IN 59/2019. Estas normativas estabeleceram padrões mínimos de qualidade do leite na sua composição e aspectos sanitários a serem cumpridos pelos produtores e pela indústria. Como consequência, nesse período, iniciou-se uma política de pagamento diferenciado pela qualidade de leite no Brasil por cooperativas ou laticínios, com o intuito de incentivar o produtor a investir na qualidade do produto. O pagamento do leite pelo padrão de seus constituintes é empregado nos modelos bioeconômicos para o cálculo de valores econômicos, com o intuito de avaliar o impacto do aumento de uma unidade de característica (Cardoso et al., 2004). O objetivo do presente estudo foi avaliar os sistemas de pagamento diferenciado para os constituintes do leite, praticados por algumas indústrias lácteas do Brasil, a fim de aperfeiçoar futuros cálculos de valores econômicos para essas características.

Material e Métodos

Para este estudo foram coletadas tabelas de bonificação de empresas distintas sendo sete localizadas no estado de Minas Gerais, duas em São Paulo (sendo apenas uma com preços para CCS), uma no Mato Grosso e uma em Goiás. Como as empresas possuíam políticas próprias de bonificação ou penalização do



leite (R\$) de acordo com os níveis dos componentes (porcentagem de gordura e proteína e contagem de células somáticas), foram criadas tabelas únicas contendo as bonificações ou penalizações identificadas para todas as empresas, de acordo com as classes de variação do componente. Foi realizada a regressão linear do valor adicional estimado (isto é, do valor da bonificação ou da penalização) para a porcentagem de proteína ou de gordura ou para a CCS sobre a classe de intervalo de pagamentos para estes componentes (x) por meio do procedimento REG do pacote SAS (Statistical Analysis System, versão 9.2). O coeficiente de regressão linear (b) representou, portanto, o ganho por classe de pagamento (Cardoso et al., 2014).

Resultados e Discussão

As classes de bonificação praticadas pelos laticínios para a porcentagem de proteína no leite variaram de $\leq 1,99$ a $> 3,85\%$, totalizando 21 classes na regressão. Para a porcentagem de gordura, as classes variaram de $\leq 2,00$ a $> 4,90\%$, totalizando 60 classes. Para a CCS, as classes de bonificação variaram de < 5.000 a $> 1.000.000$ CCS/ml, totalizando 25 classes.

As equações da regressão linear obtidas para o cálculo das bonificações para proteína, gordura e CCS, utilizadas na composição do preço do leite foram:

Bonificação para proteína (R\$/classe%) = $-0,26711 + 0,09102x$;

Bonificação para gordura (R\$/classe%) = $-0,17170 + 0,05069x$;

Bonificação para contagem de células somáticas (R\$/classe CCS) = $0,006253 - 1,15091 \times 10^{-7}x$.

Os coeficientes de determinação (R^2) das equações para proteína, gordura e CCS foram 0,62, 0,69 e 0,66, respectivamente.

A Figura 1 mostra os valores das bonificações para a qualidade de leite, para as porcentagens de proteína e de gordura, e CCS, por equações de regressão. Os padrões mínimos estabelecidos pela IN 76/2018 de 2,9%; 3,0%; e 500.000 células/ml de leite, respectivamente para as porcentagens de proteína e de gordura e para a CCS, apresentaram diferentes bonificações. Para a porcentagem de proteína e para a CCS, os padrões mínimos estabelecidos pela IN 76/2018 apresentaram pagamento diferenciado positivo, de R\$ 0,02 e de 0,03, respectivamente. Para a porcentagem de gordura, entretanto, a média foi negativa, ou seja, com 3% de gordura, o pagamento foi de $-R\$0,07$. Para a porcentagem de proteína (Figura 1a), as bonificações acima de zero apresentam linearidade em relação às classes de aumento, porém, para as bonificações abaixo de zero, o mesmo não foi observado. Já para a porcentagem de gordura (Figura 1b), houve uma tendência de linearidade das bonificações acima de zero, ocorrendo apenas algumas variações, e para as bonificações abaixo de zero observou-se desuniformidade em relação à queda das classes. Entretanto, para a CCS, as bonificações, no geral, não apresentaram linearidade em relação às classes de aumento e queda (Figura 1c). Tais diferenças nas bonificações para cada componente explicam a magnitude do R^2 estimados pela regressão linear e mostram a diversidade dos sistemas de bonificação praticados pelas empresas lácteas, mesmo numa pequena amostra. Por meio dos coeficientes de regressão linear para cada característica, é possível estimar o preço final do leite adicionando-se as bonificações para cada classe de proteína, gordura e CCS ao preço base do leite (atualmente de R\$1,72), calculado pela média do preço pago ao produtor no período de dois anos (janeiro 2019 a 2021). Para o cálculo dos valores econômicos para características leiteiras, as informações do preço final do leite e os valores de bonificações compõem as fontes de receita utilizadas para o mesmo, e quanto maior é a variação existente entre as bonificações praticadas pelos laticínios/cooperativas, menor é o R^2 , e conseqüentemente, menor é a acurácia dos valores obtidos.

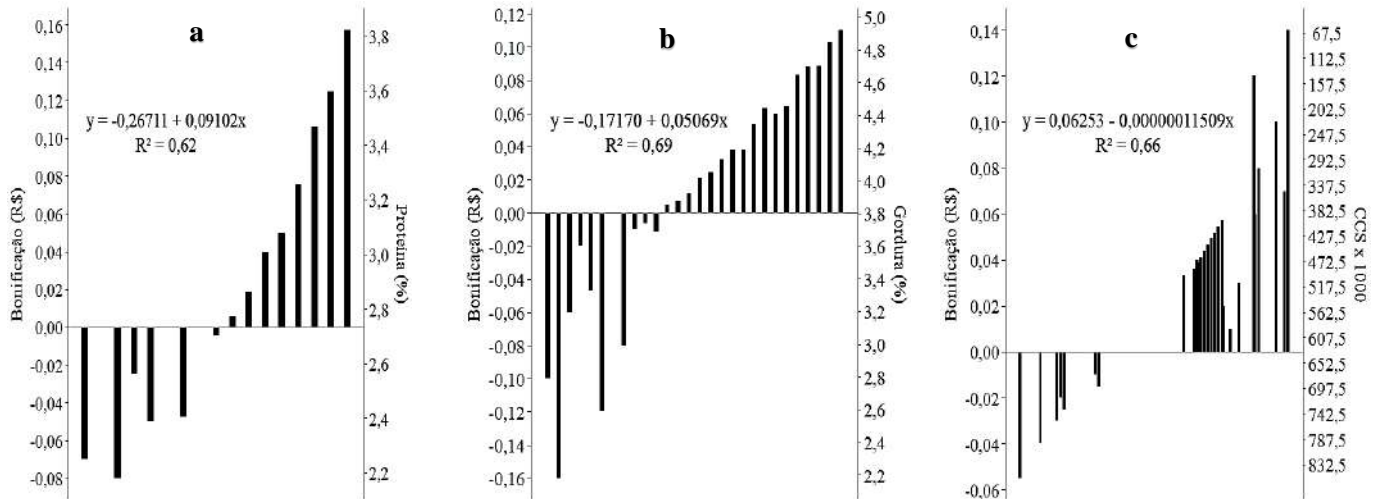


Figura 1 – Regressão da bonificação sobre as classes de intervalos dos teores de proteína (a), gordura (b) e da contagem de células somáticas (c).

Conclusão

A falta de uma política única de bonificação no Brasil, gera grande variação dos valores pagos por qualidade do leite. Desta forma, quando aplicadas análises de regressão, estes não apresentam valores lineares para o aumento dos componentes no leite.

Agradecimentos

Ao Instituto de Zootecnia por proporcionar as condições necessárias para a realização deste estudo e a Embrapa Gado de Leite pela concessão dos dados. À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES, Código de Financiamento 001) pela bolsa concedida.

Literatura citada

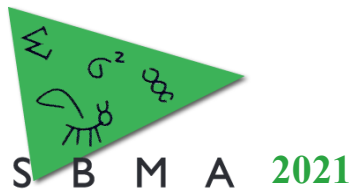
BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Departamento de Inspeção de Produtos de Origem Animal. Instrução Normativa n° 76 e 77, de 26 de novembro de 2018. Aprova os regulamentos técnicos de produção, identidade e qualidade do leite. Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil, Brasília, 30 nov. 2018. Seção I, p. 09. Disponível em: <<http://www.in.gov.br/en/web/dou/-/instrucao-normativa-n-59-de-6-de-novembro-de-2019-226515335>>. Acesso em: 01/05/2020.

BRITO, M. A. V. P.; BRITO, J. R. F. Qualidade do leite. In: MADALENA, F. H.; MATOS, L. L.; HOLANDA JUNIOR, E. V. (Ed.). Produção de leite e sociedade: uma análise crítica da cadeia do leite no Brasil. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2001. p. 61-74.

CARDOSO, V. L.; NOGUEIRA, J. R.; VERCESI FILHO, A. E.; FARO, L. E.; LIMA, N. C. Objetivos de seleção e valores econômicos de características de importância econômica para um sistema de produção de leite a pasto na região sudeste. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, n. 2, p. 320–327, 2004.

CARDOSO, V. L. et al. Economic values for milk production and quality traits in south and southeast regions of Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 43, n. 12, p. 636–642, 2014.

TEIXEIRA JÚNIOR, F. E. P.; LOPES, M. A.; RUAS, J. R. M. Efeito Do Pagamento Por Qualidade Do Leite Na Rentabilidade Da Atividade Leiteira. *Revista do Instituto de Laticínios Cândido Tostes*, v. 70, n. 1, p. 24, 2015.



Valores econômicos para características leiteiras em rebanhos mestiços da raça Guzerá

Viviane Andrade Ligori^{1*}, Vera Lúcia Cardoso¹, Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto²,
Frank Angelo Tomita Bruneli², Lenira El Faro Zadra¹

¹ Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil.

² Embrapa Gado de leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

*Autor correspondente: vivianeligori@hotmail.com.br

Resumo: Este trabalho objetivou a obtenção de valores econômicos (VE) para características de importância econômica na atividade leiteira baseada no uso de animais Guzerá puros e mestiços. Os VE para características de produção de leite (PL), proteína (PP), gordura (PG) e contagem de células somáticas (CCS) foram calculados para quatro sistemas de produção vigentes no estado de Minas Gerais, a partir de informações econômicas do mercado local e de dados zootécnicos do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite. Esses valores foram estimados por um modelo bioeconômico que considera as diferenças anuais entre receitas e despesas dos rebanhos mestiços, resultantes das mudanças em cada característica estudada. Os VE para PL e PP foram positivos para todos os sistemas de produção. A PG apresentou valores positivos para sistemas que fizeram uso de cana com ureia para suplementação na época seca, porém negativos para sistemas à base de silagem de milho. O VE para CCS foi negativo. As características de qualidade do leite devem ser consideradas no objetivo de seleção da raça, a fim de maximizar o retorno econômico e a lucratividade da atividade ou reduzir os custos por unidade dentro do sistema de produção.

Palavras-chave: qualidade do leite, modelos bio-econômicos, objetivos de seleção, produção de leite, zebu.

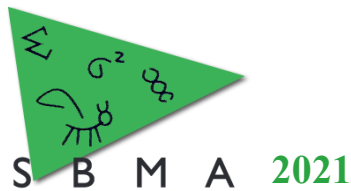
Economic values for dairy traits in Guzerá crossbred herds

Abstract: The aim of this study was to obtain economic values (EV) for relevant milk traits to dairy activity based on the use of purebred and crossbred Guzerá animals. Economic values for milk (MY), protein (PY) and fat (FY) yield and somatic cell count (SCC) were calculated for four different production systems prevailing in Minas Gerais state, using economical information from the local market and performance information from the National Breeding Program of Guzerá Cattle for Milk. These values were estimated by applying a bioeconomic model that considers the annual difference between revenues and costs resulting from changing one unit of each trait separately for each production system. Economic values for MY and PY were positive for all production systems. On the other hand, FY presented positive values for systems 2 and 4, but negative values for 1 and 3. Economic value for SCC was negative for all the production systems. It's concluded that milk quality traits must be considered in the selection objective, in order to maximize the economic return and profitability of the activity or to reduce the costs per unit within the production system.

Keywords: bioeconomic models, milk constituents, milk production, selection objectives, zebu.

Introdução

Considerada de dupla aptidão, a raça Guzerá é conhecida pela sua capacidade adaptativa ao ambiente tropical. A implantação de um programa de melhoramento genético baseado na seleção orientada economicamente requer a definição das características que irão compor os seus objetivos de seleção, com o intuito de maximizar o ganho genético econômico (HAZEL, 1943). Para que isso seja possível, os valores econômicos (VE) das características devem ser calculados. Estes são definidos como a diferença marginal no lucro anual de uma propriedade, resultante do aumento em uma unidade de uma característica, considerando as demais constantes (GROEN e VAN ARENDONK, 1997). Os modelos bioeconômicos são uma importante ferramenta para o cálculo dos VE. Estes são compostos de equações múltiplas e podem ser aplicados em situações onde se têm amplas informações dos rebanhos (GROEN e VAN



ARENDRONK,1997). O objetivo do trabalho, portanto, foi calcular valores econômicos para características de importância econômica na atividade leiteira baseada na utilização de animais puros ou mestiços da raça Guzerá.

Material e Métodos

Este estudo foi realizado com rebanhos da raça Guzerá e mestiços, localizados no estado de Minas Gerais. Um questionário socioeconômico foi aplicado em oito fazendas colaboradoras do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL), para definir os sistemas de produção. Os VE foram calculados para produção de leite, gordura e proteína e para contagem de células somáticas (CCS). Quatro sistemas de produção foram identificados: pastejo rotacionado com *Brachiaria brizantha* com suplementação de silagem de milho (sistema 1) ou com suplementação de cana-de-açúcar com ureia na estação seca (sistema 2); pastejo rotacionado com *Panicum maximum cv. Mombaça* com suplementação de silagem de milho (sistema 3) ou com suplementação de cana-de-açúcar com ureia na estação seca (sistema 4). As informações de matéria seca (MS) e nutrientes digestíveis totais (NDT), e a fórmula para o cálculo da energia líquida para lactação (NEL), para cada componente da dieta, bem como as exigências nutricionais para produção de leite, gordura e proteína, foram baseadas no NRC (2001). Os preços dos componentes da dieta para cada sistema foram definidos a partir de informações contidas no ANUALPEC (2020) e/ou obtidas diretamente do mercado. Os custos de alimentação das vacas em lactação foram calculados para cada sistema considerando-se os preços, o conteúdo de energia e a quantidade de alimentos fornecidos aos animais. Foram elaboradas planilhas em Excel para obter a média de energia líquida por alimento necessária para atender as exigências de cada animal em lactação, com seus respectivos preços, expressos em Mcal/kg MS, levando em consideração as diferentes dietas e as estações chuvosa e seca (6 meses cada). A média do preço do leite (01/2019 a 01/2021) determinou o preço base de R\$1,72/L. A regressão linear da bonificação (R\$) sobre as classes de % de gordura ou proteína e de CCS praticadas por 10 empresas determinou os adicionais recebidos por qualidade. Os VE foram obtidos pela equação de lucro (receitas - custos), assumindo-se rebanhos estabilizados. O VE para um kg extra de leite foi calculado pela diferença marginal entre receitas e custos para produzir um kg leite com um padrão de 2,9% de proteína e 3,0% de gordura (IN 76/2018). Para os VE dos componentes do leite calculou-se a diferença entre os custos e receitas obtidos após o aumento de 1% nas médias da raça (3,43% proteína e 4,21% gordura). Diferenças no lucro devido ao aumento em 1% nos teores dos componentes foram multiplicadas pela produção média de leite aos 305 dias por vaca e sistema de produção para expressar os VE em kg de cada componente. No cálculo do VE para CCS foram usados 17.309 registros de controle leiteiro de animais Guzerá e mestiços, fornecidos pelo PNMGuL. A CCS foi convertida em escore linear de CCS (ECS), por meio da equação proposta por Ali & Shook (1980). Foi empregada metodologia denominada “Milk collection” de acordo com Sadeghi-Sefidmazgi et al. (2011), adaptada usando o método de Cardoso et al. (2014) em que se alterava as classes de ECS em um escore, recalculando-se o valor do leite.

Resultados e Discussão

Os VE (R\$/kg de cada característica), obtidos para produção de leite e proteína para os quatro sistemas de produção foram positivos, indicando que a seleção para estas características implicaria em ganho econômico ao produtor (Tabela 1). Para produção de gordura no leite, os VE foram negativos para os sistemas 1 e 3 e positivos para os sistemas 2 e 4 (Tabela 1), indicando, desta forma, que a seleção para esta característica poderia gerar um impacto econômico negativo ao produtor conforme o sistema de produção praticado.

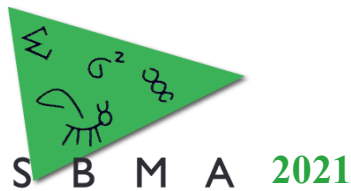


Tabela 1 - Valores econômicos para produção de leite, gordura e proteína no leite equivalentes a um quilograma de cada característica.

Características	Valores econômicos (R\$)			
	Sistema 1	Sistema 2	Sistema 3	Sistema 4
Leite (Kg)	1,28	1,38	1,28	1,38
Gordura (Kg)	-1,13	0,33	-1,15	0,30
Proteína (Kg)	5,45	6,31	5,44	6,29

Sistema 1: Brachiaria/Silagem de milho; Sistema 2: Brachiaria/Cana com ureia; Sistema 3: Mombaça/Silagem de milho; Sistema 4: Mombaça/Cana com ureia. (US\$ 1,00 = R\$ 4,58).

Os VE obtidos foram baixos de forma geral, resultado o qual pode estar relacionado a alta do valor do dólar, já que a valorização do mesmo afeta diretamente os gastos na produção animal. Observa-se redução mais significativa nos VE dos sistemas que usam o milho (silagem) na dieta (sistemas 1 e 3), em relação aos que utilizam a cana com ureia (sistemas 2 e 4) (Tabela 1), esse fato também pode ser explicado pelo aumento do dólar, pois o mesmo incentiva os produtores de milho a exportar o produto, diminuindo, desta forma, a oferta, e conseqüentemente, aumentando seu preço no mercado interno. A diferença nos sinais e nas magnitudes dos VE da produção de gordura e proteína podem ser explicados pela diferença entre as bonificações praticadas pela indústria para estes componentes, já que a bonificação da proteína foi 1,8 vezes maior do que a da gordura. O VE para a ECS foi igual a R\$ -0,013, o que representa o impacto gerado pelo aumento de 1 ECS por kg de leite, correspondente ao aumento de 25.000 células somáticas por kg de leite, neste caso. Este valor pode parecer insignificante, porém, quando atribuído ao impacto econômico anual, observa-se o grande prejuízo gerado, e por isso, essa característica deve compor o objetivo de seleção.

Conclusão

No cenário econômico atual, diante de elevados custos dos insumos e apesar da bonificação praticada por cooperativas e laticínios, a seleção para produção de gordura não é vantajosa aos rebanhos, ao contrário da seleção para a produção de leite, proteína e contagem de células somáticas que apresentaram valores econômicos satisfatórios, merecendo, assim, compor o objetivo de seleção.

Agradecimentos

Ao PNMGuL pela concessão dos dados, à CAPES pela bolsa concedida, e ao CNPq e FAPEMIG pelo suporte financeiro. Aos produtores comerciais de leite que colaboraram com o estudo.

Literatura citada

ALI, A.K.A.; SHOOK, G.E. An Optimum Transformation for Somatic Cell Concentration in Milk. **Journal of Dairy Science**, v. 63, n. 3, p. 487–490, 1980.

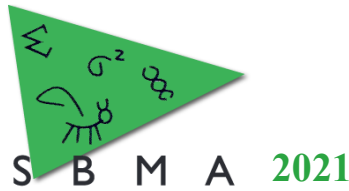
ANUALPEC 2020: **Anuário da Pecuária Brasileira**. São Paulo: FNP, 2020, 129-151p.

CARDOSO, V.L.; LIMA, M.L.P.; NOGUEIRA, J. R.; CARNEIRO, R. L. R.; SESANA, R. C.; OLIVEIRA, E. J.; FARO, L. E. Economic values for milk production and quality traits in south and southeast regions of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 43, n. 12, p. 636–642, 2014.

GROEN, A.F.; VAN ARENDONK, J.A.M. Breeding programs. **Wageningen: Wageningen Agricultural UniVersity**, p. 98, 1997.

HAZEL, L. N. The genetic basis of constructing selection index. **Genetics**, v.28, p.476-90, 1943.

SADEGHI-SEFIDMAZGI, A.; MORADI-SHAHRBABA, M.; NEJATI-JAVAREMI, A.; MIRAEI-ASHTIANI, S. R.; AMER, P. R. Estimation of economic values and financial losses associated with clinical mastitis and somatic cell score in Holstein dairy cattle. **Animal**, v. 5, n. 1, p. 33–42, 2011.



Regiões de variação no número de cópias de alta confiança identificadas em bovinos Gir Leiteiro

Larissa Graciano Braga^{1*}, Thomaz Marques Sena¹, Marco Antônio Machado², João Cláudio do Carmo Panetto², Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva², Tatiane Cristina Seleguim Chud³, Danísio Prado Munari¹

¹Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

³University of Guelph, Guelph, Canadá.

*Autor correspondente: lgbragavet@gmail.com

Resumo: O objetivo deste estudo foi detectar e caracterizar variações no número de cópias (CNV) de alta confiança em bovinos Gir Leiteiro. Neste estudo, CNV foram identificadas em 547 animais, a partir de dados de painéis de SNP (GEN), por meio do programa PennCNV, e de sequenciamento completo do genoma (WGS), por meio dos programas CNVnator e DELLY. As CNV identificadas por cada algoritmo foram agrupadas para a formação de regiões de CNV (CNVR). Em seguida, um conjunto de CNVR de alta confiabilidade foi formado a partir de CNVR encontradas em dados de WGS e de GEN. Foram encontradas 16 CNVR de alta confiança, sendo cinco compostas apenas por deleções, quatro por duplicações e sete complexas, em que ocorrem ambos os eventos. O tamanho médio de CNVR foi de 81,5 Kb, cobrindo o total de 1,3 Mb do genoma bovino. As CNV e CNVR descritas neste estudo poderão auxiliar no desenvolvimento de painéis de genotipagem para o Gir Leiteiro, pela escolha de SNP que estejam sobrepostos às CNVR.

Palavras-chave: deleções, duplicações, genoma bovino, Gir Leiteiro, variação no número de cópias

High confidence copy number variations identified in the Dairy Gir bovine

Abstract: This study aimed to detect and characterize high confidence copy number variations (CNV) in Dairy Gir cattle. The CNV were identified in 547 animals, from SNP panels data (GEN) through the PennCNV program, and whole-genome sequencing (WGS) through CNVnator and DELLY programs. The CNV identified by each algorithm were collated into CNV regions (CNVR). The high confidence CNVR set was formed from CNVR found in WGS and GEN data. The resulting high-confidence CNVR comprised 16 events, five composed only of deletions, four only duplications, and seven complexes (when both events occur). The average size of CNVR was 81.5 Kb, covering a total of 1.3 Mb of the bovine genome. The CNV and CNVR described in this study may assist in the development of SNP panels for the Dairy Gir by selecting SNP flanking CNVR.

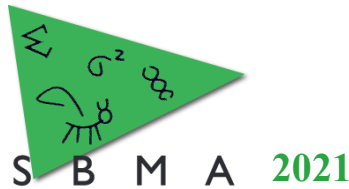
Keywords: copy number variations, bovine genome, Dairy Gir, deletions, duplications

Introdução

Dentre as variações que ocorrem no genoma, as variações no número de cópias (CNV) envolvem deleções e duplicações maiores que, em geral, 50 pares de base (bp) e menores que 5 Megabases (Mb) entre dois indivíduos de uma espécie. A detecção de CNV pode ser realizada por dados de painéis de SNP e pelo sequenciamento do genoma completo (WGS). No entanto, uma das maiores dificuldades é o equilíbrio entre o número de CNV detectadas e de falsos positivos. O objetivo deste trabalho foi detectar e caracterizar CNV de alta confiança em bovinos Gir Leiteiro.

Material e Métodos

Touros representativos do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), conduzido em parceria pela Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) e Embrapa Gado de Leite, foram selecionados para WGS. Para esse estudo, foram utilizadas amostras de 38 touros Gir Leiteiro. O alinhamento, remoção de duplicatas e recalibração do escore de qualidade das bases



seguiu os parâmetros recomendados pelo projeto *1000 Bulls Genome* (<http://www.1000bullgenomes.com/>). A detecção de CNV foi realizada por mais de uma metodologia. O CNVnator (Abyzov et al., 2011) utiliza a metodologia *read depth* (RD). O *bin size* utilizado foi de 250 bp, seguindo as recomendações de Abyzov et al. (2011). Apenas CNV de regiões com sinal de RD médio diferente do sinal de RD médio da amostra ($p < 0,05$, teste t de Student) e com fração de leituras mapeadas com baixa qualidade menor do que 0,5 foram consideradas. A detecção de CNV também foi realizada pelo programa DELLY (Rausch et al., 2012), que utiliza as metodologias *read-pair* (RP) e *split-read* (SR). A detecção de eventos ocorreu de forma simultânea, a opção de qualidade mínima de mapeamento foi utilizada com valor de 20 e a opção *paired-end support* com valor de quatro.

Amostras de 545 animais Gir Leiteiro foram genotipados com o painel Illumina BovineHD BeadChip (Illumina Inc., San Diego, CA, USA). Como controle de qualidade, marcadores SNP com escore *GenCall* abaixo de 0,15 foram removidos. A detecção de CNV foi realizada por meio do PennCNV (Wang et al., 2007) que utiliza modelo oculto de Markov. O valor da razão do Log de R (LRR) foi ajustado para *genomic waves* de acordo com o conteúdo de guanina-citosina esperado a 500 quilobases (Kb) ao redor de cada SNP. Foram mantidas CNV com: mais de dez SNP, valores de desvio-padrão de LRR menores do que 0,30, *drift* da frequência do alelo B (BAF) menor do que 0,01 e *waviness factor* menor do que 0,05.

O genoma referência ARS_UCD1.2 foi utilizado para o alinhamento das amostras de sequenciamento e para o mapa de SNP. A detecção de CNV ocorreu somente nos cromossomos autossômicos e apenas foram consideradas as CNV maiores do que 1 Kb e menores que 5 Mb. O total de 547 animais foram utilizados, pois 36 possuíam informação de WGS e de painéis de SNP. O conjunto de CNVR detectadas por meio de dados de painéis de SNP (CNVR_GEN) foi formado pelo agrupamento de CNV sobrepostas a partir de 1 bp nas amostras. Nas CNV identificadas a partir de dados de WGS, para a formação de regiões de CNV (CNVR) as CNV identificadas por cada algoritmo foram agrupadas, seguindo os mesmos critérios de sobreposição a partir de 1 bp. Em seguida, foram selecionadas apenas CNVR reciprocamente sobrepostas entre os dois programas com critério de, no mínimo, 50%, formando o conjunto CNVR_WGS. Definidos os conjuntos de CNVR_GEN e CNVR_WGS, foram selecionadas CNVR de alta confiança, que foram as sobrepostas entre esses dois conjuntos com critério de sobreposição recíproca mínima de 50%.

Resultados e Discussão

A cobertura média de alinhamento ao genoma foi de 16,35X. No conjunto CNVR_GEN foram detectadas 489 CNVR, com média de tamanho 95,17 Kb, somando 46 Mb, sendo 428 CNVR compostas apenas por deleções, 55 somente por duplicações e seis complexas, em que ocorreram ambos os eventos. No conjunto CNVR_WGS foram identificadas 960 CNVR, de tamanho médio 22,79 Kb, somando 21 Mb, sendo 728 CNVR compostas apenas por eventos de deleção, 63 CNVR apenas por duplicações e 169 CNVR complexas. Foram encontradas 16 CNVR de alta confiança localizadas em 12 cromossomos (Figura 1), sendo cinco compostas apenas por deleções, quatro somente por duplicações e sete complexas. O tamanho médio de CNVR foi de 81,5 Kb (com desvio-padrão de 122,2 Kb), cobrindo 1,3 Mb do genoma bovino.

A combinação de metodologias e de técnicas moleculares, como WGS e painéis de SNP, foi utilizada para aumentar a precisão dos pontos de quebras e aumentar a probabilidade de as CNV encontradas serem verdadeiras. Nos painéis de SNP, devido a quantidade e distribuição de marcadores e às posições pré-estabelecidas desses, CNV podem não ser detectadas (Butty et al., 2020) ou ter o seu tamanho superestimado. A principal limitação da metodologia RD é a determinação dos pontos de quebras das CNV, no entanto isso pode ser superado pelo uso das metodologias RP e SR (Pirooznia et al., 2015). Uma alternativa para estas dificuldades é o sequenciamento de leitura longas (Couldrey et al., 2017), no entanto, o alto custo é limitante para utilização em larga escala dessa tecnologia.

Os parâmetros utilizados nos programas de detecção de CNV e a estratégia identificar as CNVR de alta confiabilidade podem ter diminuído o número de CNVR identificadas. Entretanto, o foco deste trabalho foi a qualidade em termos de confiabilidade na detecção. As CNV podem ser parcialmente validadas ou ditas de alta confiança quando a mesma região de variação é detectada com o uso do sequenciamento e dados de painéis de SNP (Butty et al., 2020).

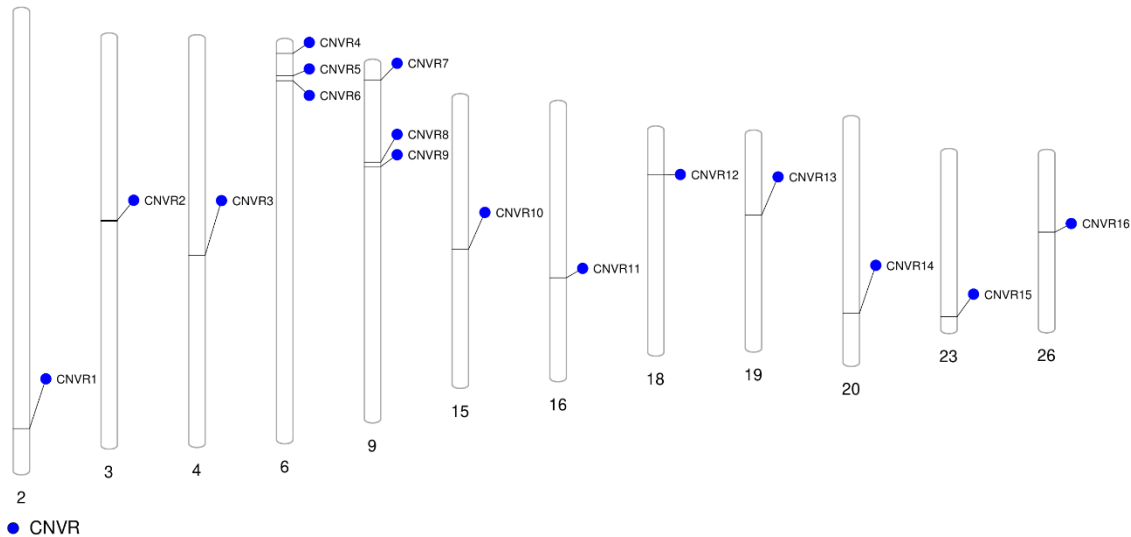


Figura 1. Distribuição de regiões de variação do número de cópia (CNVR) únicas e de alta confiança no genoma bovino. Apenas os cromossomos com CNVR estão representados

Conclusão

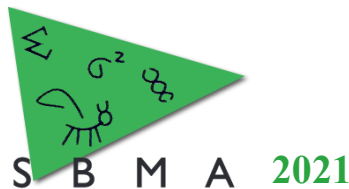
Nossos resultados abrangeram a identificação de 16 CNVR de alta confiança no genoma de bovinos Gir Leiteiro. As CNV e CNVR descritas neste estudo estabelecem a base para futuras pesquisas com zebuínos e essas podem auxiliar no desenvolvimento de painéis de genotipagem para o Gir Leiteiro, pela escolha de SNP que estejam sobrepostos às CNVR.

Agradecimentos

À CAPES pela bolsa de estudos (número 001), ao CNPq (processos 431629/2016-1 e 310199/2015-8) e à FAPEMIG (processo CVZ PPM-00606/16) pelo apoio financeiro. À Embrapa Gado de Leite (Projeto SEG 02.13.05.011.00.00) pelos dados cedidos e ao Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa Informática Agropecuária pela infraestrutura computacional e recurso de TI.

Literatura citada

- Abyzov A., Urban A.E., Snyder M. & Gerstein M. 2011. CNVnator: An approach to discover, genotype, and characterize typical and atypical CNVs from family and population genome sequencing. **Genome Research**, 21, 974–984.
- Butty A.M., Chud T.C.S., Miglior F., Schenkel F.S., Kommadath A., Krivushin K., Grant J.R., Häfliger I.M., Drögemüller C., Cánovas A., Stothard P. & Baes C.F. 2020. High confidence copy number variants identified in Holstein dairy cattle from whole genome sequence and genotype array data. **Scientific Reports**, 10, 1–13.
- Couldrey C., Keehan M., Johnson T., Tiplady K., Winkelman A., Littlejohn M.D., Scott A., Kemper K.E., Hayes B., Davis S.R. & Spelman R.J. 2017. Detection and assessment of copy number variation using PacBio long-read and Illumina sequencing in New Zealand dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 100, 5472-5478.
- Pirooznia M., Goes F. & Zandi P.P. 2015. Whole-genome CNV analysis: Advances in computational approaches. **Frontiers in Genetics**, 6, 138.
- Rausch T., Zichner T., Schlattl A., Stütz A.M., Benes V. & Korbel J.O. 2012. DELLY: Structural variant discovery by integrated paired-end and split-read analysis. **Bioinformatics**, 28, i333–i339.
- Wang K., Li M., Hadley D., Liu R., Glessner J., Grant S.F.A., Hakonarson H. & Bucan M. 2007. PennCNV: An integrated hidden Markov model designed for high-resolution copy number variation detection in whole-genome SNP genotyping data. **Genome Research**, 17, 1665–1674.



Caracterização funcional de regiões de variação no número de cópias identificadas em bovinos Gir Leiteiro

Larissa Graciano Braga^{1*}, Rafael Nakamura Watanabe¹, Samla Marques Freire Cunha¹, João Cláudio do Carmo Panetto², Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva², Tatiane Cristina Seleguim Chud³, Danísio Prado Munari¹

¹Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

³University of Guelph, Guelph, Canadá.

*Autor correspondente: lgbragavet@gmail.com

Resumo: Os objetivos deste trabalho foram: (1) definir regiões de variação no número de cópias (CNVR) de alta confiança presentes na população Gir Leiteiro estudada; (2) determinar as regiões genômicas em que ocorrem CNVR de alta confiança que coincidem com genes previamente relacionados à características de interesse para a cadeia produtiva de leite. Para a detecção de CNV, foram utilizados dados de painéis de SNP e de sequenciamento do genoma completo de 547 animais. Para identificar as regiões de polimorfismo no número de cópias (CNPR), CNVR presentes em, no mínimo, 5% da população foram selecionadas. A análise funcional revelou 16 genes sobrepostos a essas CNPR, tais como: *GBP2*, *GBP4*, *GBP6*, *CA5A*, *BANP* e genes da família de receptores olfativos. Nossos resultados poderão contribuir para a elaboração de um mapa de CNV na raça Gir e para o melhor entendimento do genoma dos zebuínos. As CNPR identificadas neste estudo podem afetar potencialmente genes que estão envolvidos no controle fenotípico de características de interesse para a indústria produtiva leiteira.

Palavras-chave: deleções, duplicações, genes, Gir, polimorfismo no número de cópias

Functional characterization of copy number variation regions in Dairy Gir cattle

Abstract: The aims of this work were: (1) define high-confidence copy number variation regions (CNVR) in the studied Dairy Gir population; (2) determine the genomic regions in which high-confidence CNVR occur that coincide with genes previously related to traits of interest for the milk production chain. For the detection of CNV samples from 547 animals were used, based on data from SNP panels and whole-genome sequencing. To identify copy number polymorphism regions (CNPR), we selected regions of CNV (CNVR) present in, at least, 5% of the population. The functional analysis revealed 16 genes overlapping the CNPR, such as *GBP2*, *GBP4*, *GBP6*, *CA5A*, *BANP*, and genes of the olfactory receptor family. Our results can contribute to developing a CNV map in the Gir breed and a better understanding of the Zebu genome. The CNPR identified in this study may potentially affect genes involved in the phenotypic control of traits of interest to the dairy industry.

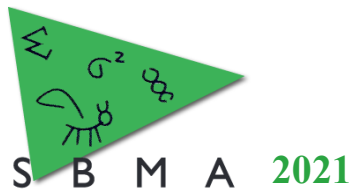
Keywords: deletions, duplications, genes, Gir, copy number polymorphism

Introdução

Uma das variações estruturais é a variação no número de cópias (CNV), que compreende deleção ou duplicação de um fragmento de DNA em relação ao genoma referência. As CNV podem alterar a expressão de características complexas. Os objetivos deste trabalho foram: (1) definir regiões de variação no número de cópias (CNVR) de alta confiança presentes na população Gir Leiteiro estudada; (2) determinar as regiões genômicas em que ocorrem CNVR de alta confiança que coincidem com genes previamente relacionados à características de interesse para a cadeia produtiva de leite.

Material e Métodos

Amostras de 545 animais Gir Leiteiro foram genotipados com o painel Illumina BovineHD BeadChip (Illumina Inc., San Diego, CA, USA). Marcadores SNP com escore *GenCall* abaixo de 0,15 foram removidos. A detecção de CNV foi realizada por meio do PennCNV (Wang et al., 2007) que utiliza



modelo oculto de Markov. O valor da razão do Log de R (LRR) foi ajustado para *genomic waves* de acordo com o conteúdo de guanina-citosina esperado a 500 quilobases (Kb) ao redor de cada SNP. Foram mantidas CNV com: mais de 10 SNP, valores de desvio-padrão de LRR menores do que 0,30, *drift* da frequência do alelo B (BAF) menor do que 0,01 e *waviness factor* menor do que 0,05.

Touros representativos do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL), conduzido em parceria pela Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) e Embrapa Gado de Leite, foram selecionados para sequenciamento. O alinhamento, remoção de duplicatas e recalibração do escore de qualidade das bases seguiu os parâmetros recomendados pelo projeto *1000 Bulls Genome* (<http://www.1000bullgenomes.com/>). As CNV foram identificadas em amostras de 38 touros Gir Leiteiro por mais de uma metodologia. O CNVnator (Abyzov et al., 2011) utiliza a metodologia *read depth* (RD). O *bin size* utilizado foi de 250 pares de base (bp). Apenas CNV de regiões com sinal de RD médio diferente do sinal de RD médio da amostra ($p < 0,05$, teste t de Student) e com fração de leituras mapeadas com baixa qualidade menor do que 0,5 foram consideradas. A detecção de CNV também foi realizada pelo programa DELLY (Rausch et al., 2012), que utiliza as metodologias *read-pair* e *split-read*. A detecção de eventos ocorreu de forma simultânea, em que a opção de qualidade mínima de mapeamento foi utilizada com valor de 20 e a opção *paired-end support* com valor de quatro.

O genoma referência ARS_UCD1.2 foi utilizado para o alinhamento das amostras de sequenciamento e para o mapa de SNP. A detecção de CNV ocorreu somente nos cromossomos autossômicos e apenas foram considerados as CNV maiores do que 1 Kb e menores que 5 megabases (Mb). O total de 547 animais foram utilizados e destes, 36 possuíam informação de sequenciamento e de painel de SNP. As CNV identificadas por cada algoritmo foram agrupadas, com critério de sobreposição mínima de 1 bp, para a formação de regiões de CNV (CNVR). Nos dados de sequenciamento, apenas as CNVR reciprocamente sobrepostas, com critério mínimo de 50%, entre os programas CNVnator e DELLY foram utilizadas. Em seguida, foram avaliadas as CNVR identificadas a partir de painéis de SNP e de sequenciamento que estavam reciprocamente sobrepostas com critério de, no mínimo, 50%. A partir dessas, foram selecionadas apenas as CNVR presentes em mais de 5% da população estudada.

Genes foram recuperados do banco de dados Ensembl Genes (Ensembl Release 104, acesso em 11/05/2021) (<https://www.ensembl.org/>). O pacote GALLO do programa R foi utilizado para identificar genes localizados dentro dos limites das CNVR de alta confiança. Informações sobre os genes anotados foram obtidas no RefSeq Genes (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/rsg/>).

Resultados e Discussão

As dez CNVR de alta confiança foram mapeadas em oito cromossomos (Figura 1), com tamanho médio de 109,9 Kb (com desvio padrão de 151,1 Kb), cobrindo 1,05 Mb. Das dez CNVR identificadas quatro CNV são compostas apenas por deleções, duas somente por duplicações e quatro complexas, em que ocorreram ambos os eventos. Quatro CNVR foram identificadas em mais de 10% da população e uma em mais de 30%. As CNVR descritas neste trabalho são confiáveis por terem sido detectadas por mais de uma metodologia nos dados de sequenciamento e por duas técnicas moleculares. Essas CNVR podem ser consideradas como regiões de polimorfismos no número de cópia (CNPR), pois estão presentes em mais de 1% da população estudada. Em adição, esse conjunto pode ser utilizado como critério de escolha de CNV a serem validadas, como por exemplo, por PCR.

De acordo com o RefSeq Genes, 16 genes e um pseudogene foram anotados. Dentre esses, foram encontrados quatro genes e um pseudogene pertencentes a família de receptores olfativos nas CNVR7 (BTA15: 44870278-44942116) e CNVR9 (BTA19: 23956716-23987626). Genes da família olfativa foram associados a afecções no casco em bovinos de raça Holandesa (Butty et al., 2021) e a longevidade (Zhang et al., 2021). Três genes das proteínas de ligação de guanilato (GBP - *guanylate binding proteins*) (GBP2, GBP4, GBP6) foram encontrados na CNVR2 (BTA3:54329751-54851188), os quais participam da imunidade inata contra diversos patógenos intracelulares. Hou et al. (2012) encontraram CNV nos genes da família GBP (*GBP2*, *GBP4*, *GBP5* e *GBP7*) associadas a consumo alimentar residual em vacas Holandesas. Os genes *CA5A* (*Carbonic anhydrase 5A*) e *BANP* (*BTG3 Associated Nuclear Protein*) foram encontrados na CNVR8 (BTA18:13328574-13397206). Esses genes foram previamente relacionados a longevidade em bovinos da raça Holandesa (Zhang et al., 2021) e também estão relacionados à reprodução e imunidade, respectivamente.

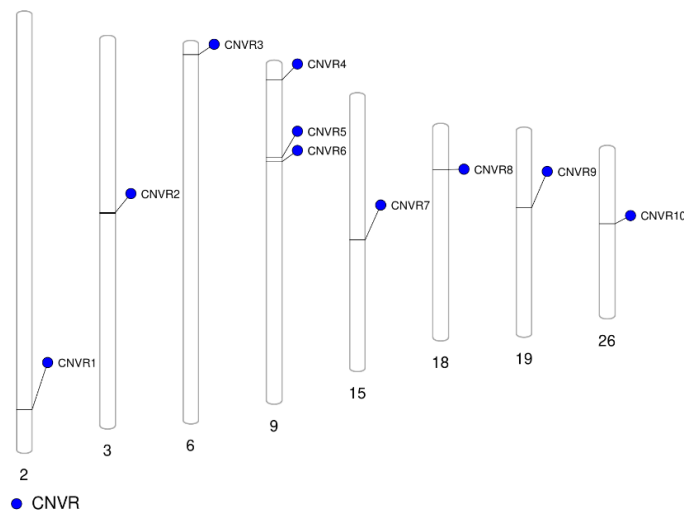


Figura 1. Distribuição de regiões de polimorfismo no número de cópia (CNP) únicas e de alta confiança no genoma bovino. Apenas os cromossomos com CNPR estão representados

Conclusão

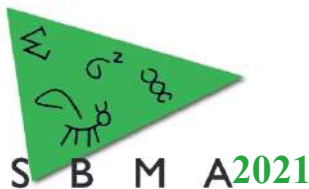
Nossos resultados abrangem a identificação e caracterização de dez CNPR de alta confiança no genoma de bovinos Gir Leiteiro. Isso poderá contribuir para a elaboração de um mapa de CNV na raça Gir e para o melhor entendimento do genoma dos zebuínos. As CNPR identificadas neste estudo podem afetar potencialmente genes que estão envolvidos no controle fenotípico de características de interesse para a cadeia produtiva leiteira, como sanidade, produção e reprodução.

Agradecimentos

À CAPES pela bolsa de estudos (número 001), ao CNPq (processos 431629/2016-1 e 310199/2015-8) e à FAPEMIG (processo CVZ PPM-00606/16) pelo apoio financeiro. À Embrapa Gado de Leite (Projeto SEG 02.13.05.011.00.00) pelos dados cedidos e ao Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa Informática Agropecuária pela infraestrutura computacional e recurso de TI.

Literatura citada

- Abyzov A., Urban A.E., Snyder M. & Gerstein M. 2011. CNVnator: An approach to discover, genotype, and characterize typical and atypical CNVs from family and population genome sequencing. **Genome Research**, 21, 974–984.
- Butty A.M., Chud T.C.S., Cardoso D.F., Lopes L.S.F., Miglior F., Schenkel F.S., Cánovas A., Häfliger I.M., Drögemüller C., Stothard P., Malchiodi, F. & Baes C.F. 2021. Genome-wide association study between copy number variants and hoof health traits in Holstein dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 104, 8050–8061.
- Hou Y., Bickhart D.M., Hvinden M.L., Li C., Song J., Boichard D.A., Fritz S., Eggen A., DeNise S., Wiggans G.R., Sonstegard T.S., Van Tassell C.P. & Liu G.E. 2012. Fine mapping of copy number variations on two cattle genome assemblies using high density SNP array. **BMC Genomics**, 13, 1-10.
- Rausch T., Zichner T., Schlattl A., Stütz A.M., Benes V. & Korbel, J. O. 2012. DELLY: Structural variant discovery by integrated paired-end and split-read analysis. **Bioinformatics**, 28, i333–i339.
- Wang K., Li M., Hadley D., Liu R., Glessner J., Grant S.F.A., Hakonarson H. & Bucan M. 2007. PennCNV: An integrated hidden Markov model designed for high-resolution copy number variation detection in whole-genome SNP genotyping data. **Genome Research**, 17, 1665–1674.
- Zhang H., Liu A., Wang Y., Luo H., Yan X., Guo X., Li X, Liu L. & Su G. 2021. Genetic Parameters and Genome-Wide Association Studies of Eight Longevity Traits Representing Either Full or Partial Lifespan in Chinese Holsteins. **Frontiers in Genetics**, 12, 231.



Biotechnologias reprodutivas aliadas à avaliação genética promovem aumento da produção de leite em búfalas

Rayanne Casabona Castanheira^{1*}, Viviane Andrade Ligori², Otávio Bernardes³, Pietro Sampaio Baruselli⁴, Lenira El Faro Zadra¹, Nélcio Antônio Tonizza de Carvalho⁵

¹Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de Pesquisas de Bovinos de Corte, Sertãozinho, SP, Brasil.

²FCAV, UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

³Sítio Paineiras da Ingaí, Alambari, SP, Brasil.

⁴Departamento de Reprodução Animal da FMVZ-USP, São Paulo, SP, Brasil.

⁵Instituto de Zootecnia, Unidade de Pesquisa e Desenvolvimento de Registro, SP, Brasil.

*Autor correspondente: rayanne.zootecnia@gmail.com

Resumo: Este estudo comparou as curvas de lactação de fêmeas bubalinas, filhas de touros usados em monta natural (MN), inseminação artificial (IA) e transferência de embriões (TE), empregando-se a função Gama Incompleta. Os testes indicaram que houve diferença nas formas das curvas, principalmente quanto ao nível de produção, mostrando a superioridade genética dos touros avaliados geneticamente. O uso de material genético provado, com valor genético positivo, além da adoção de biotecnologias reprodutivas proporcionou ganhos na produção de leite.

Palavras-chave: avaliação genética, curva de lactação, inseminação artificial, transferência de embrião.

Reproductive biotechnologies combined with genetic evaluation promote increased milk production in buffaloes

Abstract: This study compared the lactation curves of Murrah females daughters of sires used in natural breeding (MN), artificial insemination (AI) and embryo transfer (TE), using the Incomplete Gamma function. The statistical analysis indicated differences in the shapes of the lactation curves, especially regarding the level of production, showing the genetic superiority of genetically evaluated sires. The use of superior genetic animals in addition to the adoption of reproductive biotechnologies provided gains in milk production.

Keywords: artificial insemination, embryo transfer, genetic evaluation, lactation curve.

Introdução

Dentre as raças de búfalos com aptidão leiteira presentes no Brasil, a raça Murrah compõe mais de 50% dessa população, sendo a raça mais importante no país para produção de leite. As fêmeas podem apresentar de nove a dez lactações, com duração média de 256 dias, e com produção média diária de 7 a 11 litros de leite (Cavali & Pereira, 2020). É consenso na literatura que a inseminação artificial (IA) permite a multiplicação de material genético de origem paterna, o que é indispensável para o melhoramento da espécie bubalina. Porém, apesar do progresso e da aplicação da IA nos rebanhos bubalinos, faz-se necessário aumentar a contribuição das fêmeas para acelerar o processo de melhoramento genético. Para tanto, torna-se indispensável a utilização de outras biotecnologias, como a transferência de embriões produzidos in vitro (TE/PIVE). Para demonstrar o impacto das biotecnologias reprodutivas em um rebanho de búfalas leiteiras e corroborar a informação supracitada para o setor produtivo, há necessidade de avaliar a produção de leite de búfalas oriundas de diferentes métodos de concepção, de mesma categoria produtiva, mesmo rebanho e submetidas ao mesmo manejo nutricional e de ordenha. Curva de lactação é definida por uma representação gráfica da produção de leite em uma lactação, representada por meio de componentes e parâmetros que descrevem a sua forma empregando-se funções algébricas (El Faro et al., 1999). Neste sentido, o objetivo do presente estudo foi avaliar as curvas de lactação de búfalas primíparas produtos de monta natural (MN), TE e IA.

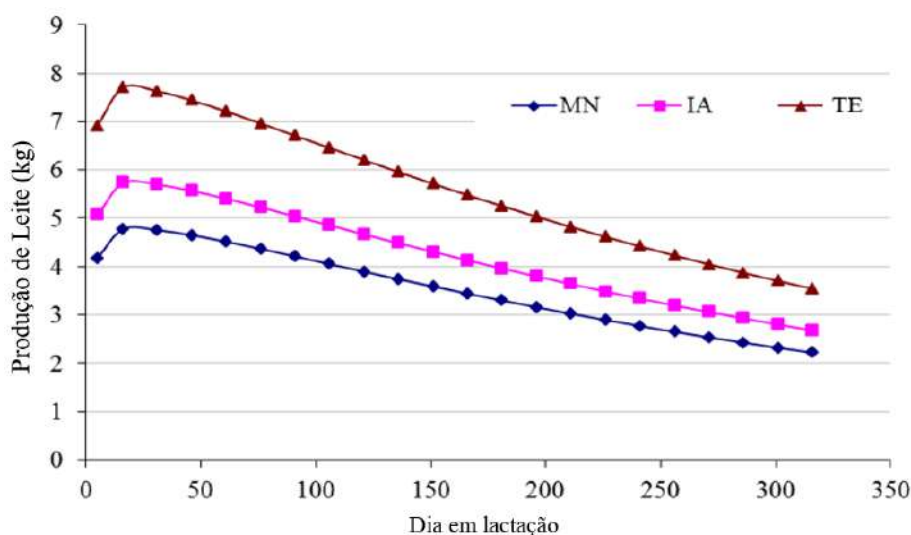
Material e Métodos

Foram utilizadas 112 búfalas de primeira lactação, pertencente a um único rebanho, localizado em Registro-SP. As fêmeas foram submetidas a uma ordenha diária com a presença do bezerro ao pé.

Alimentação composta por ração (± 1 kg por búfala) e mineral comercial (± 100 g por búfala) fornecidos em conjunto com o volumoso de *Brachiaria* (*Brizantha cv. Xaraés*). Ao todo foram usados 2239 registros de produção de leite (PL) sendo, 660 registros para filhas de touros MN, 101 e 1478 registros de filhas de touros TE e IA, respectivamente. As produções de leite foram pesadas a cada 15 dias e as lactações truncadas aos 315 dias. Os touros usados na TE (3 touros) também foram usados na IA (11 touros) e estes animais possuíam valores genéticos positivos para produção de leite, enquanto os touros MN (2 touros) não possuíam avaliação genética. Na TE os pais e mães possuíam avaliações genéticas. O ajuste aos dados de produção de leite foi feito por regressão não-linear sobre o dia de lactação, por meio da função Gama Incompleta-FGI (Wood, 1967), usando processo iterativo, método de Gauss-Newton, disponível no procedimento NLIN (SAS, 2000). Foram realizadas duas análises, sendo que a primeira análise empregou o modelo reduzido, em que um único conjunto de parâmetros (a, b e c) representava a curva de lactação média das filhas dos três grupos de touros. A segunda análise empregou o modelo completo (MC), em que foi estimada uma curva média para as filhas de touros de MN, uma para filhas de touros de IA e outra para filhas de touros de TE. O MC pode ser representado pela equação: $PL = a_1 \cdot t^{b_1} e^{-c_1 \cdot t}$. (touro = MN) + $a_2 \cdot t^{b_2} e^{-c_2 \cdot t}$. (touro = IA) + $a_3 \cdot t^{b_3} e^{-c_3 \cdot t}$. (touro = TE) + erro, em que a(i), b(i) e c(i) são os parâmetros da FGI, sendo i = 1 até 3, t é o dia em lactação (5 a 315 dias); erro é o resíduo aleatório. O modelo reduzido (MR) definiu, como hipótese de nulidade, que não houve diferença entre as curvas de lactação das filhas de touros MN, IA ou TE e o MC definiu como hipótese alternativa (HA), que existiam diferenças nas formas das curvas de lactação. O MC e o MR foram comparados por meio do teste do “lack of fit”, comparado a uma distribuição F, em que $F_{obs} = ((SQEMR - SQEMC) / (GLEMR - GLEMC)) / QMEMC$ (Paz et al., 2004), sendo que SQE é a soma de quadrados do resíduo, GLE é o grau de liberdade para o resíduo e QME é o quadrado médio do resíduo. A probabilidade do valor observado de F foi calculada por $Prob > F = 1 - ProbF \{F_{obs}, (GLEMR - GLEMC), GLEMC\}$, sendo que foi empregada a função PROBF (SAS, 2000).

Resultados e Discussão

A produção de leite média observada em uma ordenha foi de $4,2 \pm 1,6$ kg de leite/dia. A idade média ao parto foi de $45,2 \pm 7,7$ meses. O teste do “lack of fit” foi altamente significativo ($P < 0,0001$) indicando que houve diferença entre as formas das curvas estimadas para o modelo reduzido e o completo. Isso indica que as curvas de lactação das filhas dos touros MN, IA e TE possuem, em média, produções e formas diferentes (Figura 1). Os parâmetros estimados para a FGI para o modelo completo foram de $4,187 \pm 0,199$, $0,066 \pm 0,0157$ e $0,00322 \pm 0,00027$, respectivamente para os parâmetros a_1 , b_1 e c_1 (MN); de $5,081 \pm 0,135$, $0,062 \pm 0,0087$ e $0,00315 \pm 0,00015$, respectivamente para os parâmetros a_2 , b_2 e c_2 (IA); de $6,940 \pm 0,524$, $0,0560 \pm 0,0254$ e $0,00372 \pm 0,00046$, respectivamente para os parâmetros a_3 , b_3 e c_3 (TE). A produção de leite estimada no pico de lactação foi de 4,79 kg (MN), 5,74 kg (IA) e 7,64 kg (TE). O tempo de pico (dias) foi de 20,53 (MN), 19,59 (IA) e 15,05 dias (TE) e a persistência da lactação, que não possui unidade de medida, foi de 6,12 (MN), 6,12 (IA) e 5,91 (TE), mas valores maiores indicam maior persistência.



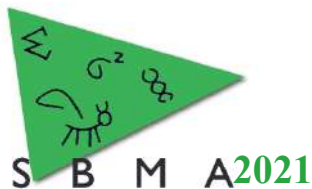


Figura 1. Produções de leite estimadas em função do dia em lactação, para o modelo completo, para as filhas de touros de MN, de IA e TE, empregando-se a função Gama Incompleta.

Os touros usados na IA e na TE possuíam valores genéticos positivos para produção de leite, ao contrário dos touros de MN. Outro ponto relevante, é que as mães de TE também foram avaliadas geneticamente, mostrando a importância do uso de touros e matrizes geneticamente superiores, aliado às tecnologias reprodutivas. Os resultados confirmam que a utilização de animais com material genético superior de origem paterna ou mesmo materna, como no caso da TE, proporcionou ganhos na produção de leite desse rebanho, principalmente com relação ao nível de produção das curvas estimadas. Concomitantemente, o uso de biotecnologias reprodutivas como a IA e a TE são importantes ferramentas para a difusão e a multiplicação de material genético superior nas populações bubalinas.

Conclusão

Embora usando poucas informações, os resultados deste estudo permitem mostrar aos produtores a importância do uso de material genético provado, com valor genético positivo para a produção de leite, além de adotar biotecnologias reprodutivas nos rebanhos bubalinos da região estudada.

Literatura citada

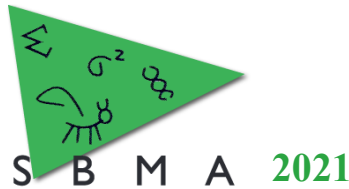
Cavali J.; Pereira, R.G.deA. 2020. **Produção leiteira de búfalos**. Embrapa Rondônia-Capítulo em livro técnico (INFOTECA-E), (pp. 391-399).

El Faro L.Z.; Albuquerque, L.G.D.; Fries, L.A. 1999. Comparação de alguns modelos matemáticos para ajuste à curva de lactação média de um rebanho da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 28, 987-992.

Paz C.C.P.; Packer I.U.; Freitas A.R.D.; Tambasco-Talhari D.; Regitano L.C.D.A.; Alencar M.M.D.; Rodrigues A.D.A. 2004. Influência de polimorfismos genéticos sobre os parâmetros da curva de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.4, p.858-869.

SAS. 2000. Statistical Analysis Systems User's Guide. Stat. Cary: **SAS Institute**.

Wood P.D.P. Algebraic model of the lactation curve in cattle. 1967. **Nature**. v. 216, p. 164-165.



Avaliação da persistência da primeira lactação de vacas Holandesas por meio de modelo de regressão aleatória

Amauri Felipe Evangelista^{1,2,*}, Rafaela Martins², Lukas Pfeiffer³, Altair Antônio Valoto⁴, Laila Talarico Dias⁵, Rodrigo de Almeida Teixeira⁵

¹ Parte da tese de Doutorado do 1º. Autor, bolsista Capes, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

² Discente do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

³ Discente do curso de Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

⁴ Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa - APCBRH, Curitiba, PR, Brasil.

⁵ Professor Associado do Depto de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

*Autor correspondente: amaurifelipe17@gmail.com

Resumo: O objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos para seis medidas de persistência da lactação de vacas Holandesas. Foram utilizados 414.356 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de 47.215 vacas primíparas da raça Holandesa, proveniente do serviço de controle leiteiro da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), referentes ao período de 2010 a 2017. As PLDC foram analisadas por meio de modelo de regressão aleatória, o efeito genético aditivo e o efeito de ambiente permanente foram ajustados por meio de polinômios ortogonais de Legendre de quarta ordem e a variância residual ao longo da lactação a foi considerada homogênea. As estimativas de herdabilidade para as medidas de persistência foram de baixa magnitude. As correlações genéticas entre as diferentes medidas de persistência foram de alta magnitude e, além disso, a correlação genética entre as medidas com a produção de leite acumulada até 305 dias variaram de -0,11 a 0,52. Considerando que uma boa medida de persistência deva apresentar baixa correlação genética com as PLDC próximas ao pico e valores de correlação superiores com as PLDC após o pico de lactação, a PS4 foi aquela que apresentou melhores parâmetros genéticos e associação com a produção corrigida para 305 dias. A seleção para o aumento da produção de leite no controle leiteiro a partir dos 50 dias de lactação poderia acarretar aumento da persistência, principalmente no terço final da lactação.

Palavras-chave: curva de lactação, gado leiteiro, parâmetros genéticos, polinômio de Legendre.

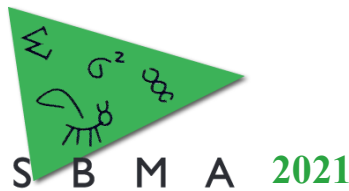
Evaluation of first lactation persistency of Holstein cows using a random regression model

Abstract: The aim of this study was to estimate genetic parameters for six persistency measures lactation cows Holstein. They were used 414,356 test-day milk yield (TDMY) of 47 215 primiparous Holstein cows, from the dairy control service of the Holstein Association in Paraná (APCBRH), for the period 2010 to 2017. The TDMY were analyzed using a random regression model, the additive genetic effect and the permanent environment effect were adjusted using fourth-order orthogonal Legendre polynomials and a residual variation throughout lactation a was considered homogeneous. Heritability estimates for persistency measures were of low magnitude. The genetic correlations between the different persistency measures were of high magnitude and, in addition, the genetic correlation between the measures with the 305-day milk yield accumulated ranged from -0.11 to 0.52. Considering that the ideal measure for persistency should have a low genetic correlation with TDMY close to the peak and higher correlation values with TDMY after the lactation peak, the PS4 was the one with the best genetic parameters and association with 305-day milk yield corrected. The selection for increased milk production in dairy control from 50 days of lactation could lead to increased persistency, especially in the final third of lactation.

Keywords: dairy cattle, genetic parameters, lactation curve, Legendre polynomial.

Introdução

A persistência da lactação pode ser definida como a taxa de redução na produção de leite (PL) após o pico de produção, ou ainda, como a capacidade da vaca em manter a PL após o pico (COBUCI et al., 2004). Selecionar animais com boa persistência é recomendado para obter maiores ganhos em produção de leite e obter uma curva de lactação desejável. Apesar de existirem diferentes definições para persistência na lactação, ainda não há um consenso de expressar essa característica em termos matemáticos. Isso ocorre, devido a persistência de lactação ser uma medida variável, dessa forma, é interessante identificar qual momento da lactação deve ser mensurada. Com isso, nosso intuito com o presente trabalho foi avaliar a



persistência de lactação através de seis períodos diferentes da lactação utilizando o modelo de regressão aleatória.

Material e Métodos

Foram avaliados 414.356 registros de produção de leite no dia do controle (PLDC) de 47.215 vacas da raça Holandesa de primeira lactação, com idade ao parto variando de 18 a 43 meses, controladas do 5º dia após o parto até o 305º dia de lactação. Os dados foram provenientes do controle leiteiro realizado pela Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), com sede em Curitiba – PR, compreendendo lactações do período 2010 a 2017.

Foram excluídas informações de rebanhos com menos de 10 animais, vacas com menos de 5 controles leiteiros e vacas cujo primeiro controle leiteiro foi realizado após 45 dias do parto, produções de leite inferiores a 5 kg ou superiores a 80 kg por dia e animais pertencente a grupos de contemporâneos (rebanho, ano e mês do controle leiteiro) com menos de três animais. O banco de dados consistido continha lactações com frequência de ordenha de duas e três vezes por dia.

A PLDC foi analisada por meio de um modelo de regressão aleatória, empregando-se polinômios de Legendre de 4ª ordem, com variância residual homogênea. No modelo, considerou-se como fixos os efeitos de grupo contemporâneo, interação entre a frequência de ordenha e dias em lactação (20 classes), além dos efeitos linear e quadrático da idade da vaca ao parto, como covariável. Como aleatórios foram considerados os efeitos: genético aditivo direto, ambiente permanente do animal e residual.

Os componentes de covariância e os parâmetros genéticos foram estimados por meio de inferência Bayesiana, utilizando-se o programa GIBBS2F90 (MISZTAL et al., 2018). Foram geradas cadeias amostrais com comprimento de 500.000 ciclos, com descarte inicial de 50.000 amostras e um intervalo de armazenamento de 20 amostras, resultando em 22.500 amostras. A convergência foi monitorada pela inspeção gráfica das amostras × interações. Foram avaliadas seis medidas de persistência da produção de leite (PSi) baseadas nos valores genéticos preditos (VG) para a produção de leite em diferentes períodos da lactação:

$$PS1 = (VG_{280} - VG_{60}); \quad PS2 = \sum_{t=61}^{280} (VG_t - VG_{60}); \quad PS3 = (\sum_{t=106}^{205} VG_t - \sum_{t=6}^{105} VG_t)$$

$$PS4 = (\sum_{t=206}^{305} VG_t - \sum_{t=6}^{105} VG_t); \quad PS5 = \sum_{t=60}^{279} (VG_t - VG_{280}); \quad PS6 = (VG_{290} - VG_{90}).$$

As medidas PS1 e PS2 foram propostas por Jamrozik et al. (1997); PS3, PS4 e PS5 por Jakobsen et al. (2002) e PS6 por Cobuci et al. (2004).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 foram apresentadas as estimativas de herdabilidade para as seis medidas de persistência (PSi) e para a produção de leite aos 305 dias (P305), bem como as correlações genéticas entre as PSi e a P305.

Tabela 1 - Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) entre medidas de persistência (PS1 a PS6) e produção de leite em até 305 dias (P305).

	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	P305
PS1	0,05	0,94	0,84	0,99	-0,90	0,97	0,29
PS2		0,05	0,96	0,98	-0,70	0,83	0,40
PS3			0,14	0,92	-0,54	0,69	0,52
PS4				0,12	-0,82	0,92	0,37
PS5					0,03	-0,98	-0,11
PS6						0,04	0,18
P305							0,31

PS1 a PS6 = medidas da persistência da lactação.

As estimativas de herdabilidade para as seis medidas de persistência foram de baixa magnitude, sendo menor para PS5 (0,03) e maior valor para PS3 (0,14). Os baixos valores de persistência indicaram que há grande contribuição de fatores não genéticos no desempenho desta característica em vacas Holandesas na região Sul do Brasil. Estimativas de herdabilidade de baixa magnitude também foram



obtidas por Yamazaki et al. (2019) em rebanhos de vacas Holandesas. A estimativa de herdabilidade para P305 foi de magnitude moderada, semelhante aos reportados em estudos empregando modelos de regressão aleatória com polinômios de Legendre em vacas Holandesas no Brasil (DORNELES et al., 2009).

As correlações genéticas entre as medidas de persistências foram de alta magnitude, indicando que estas características (PS1, PS2, PS3, PS4, PS5 e PS6) em grande parte são determinadas pelos mesmos conjuntos de genes. Pode-se notar que a correlação genética entre a PS5 e as demais medidas de persistência foi negativa o que, era esperado, pois como a PS5 é o acumulado dos desvios dos valores genéticos entre 60 até os 280 dias obtidos em relação aos 280 dias, maiores valores desta medida indicam maior persistência, ao contrário das demais características avaliadas que medem este desvio no terço inicial da lactação.

Observou-se aumento na magnitude da correlação genética entre persistência e a P305 com o avanço da lactação. A correlação genética entre as medidas de persistência e a P305 foi positiva (exceto entre P305 e PS5 que a correlação foi negativa e de baixa magnitude). Em geral, os resultados indicam que a seleção para o aumento persistência resultará no aumento da produção de leite.

Conclusão

A seleção para o aumento da produção de leite no controle leiteiro a partir dos 50 dias de lactação poderia acarretar aumento na persistência, principalmente no terço final da lactação. Entretanto, a persistência não seria um critério de seleção eficiente uma vez que é influenciado fortemente por efeitos não genéticos.

Agradecimentos

Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) pela concessão dos dados para a realização deste trabalho. Capes pela concessão da bolsa de estudos

Literatura citada

Cobuci, J.A., Euclides, R.F., Costa, C.N., Lopes, P.S., Torres, R.D.A. & Pereira, C.S. 2004. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 33(3), 546-554.

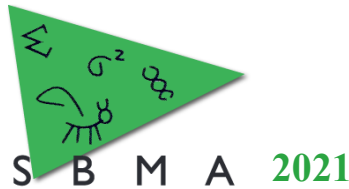
Dorneles, C.K.P., Cobuci, J.A., Rorato, P.R.N., Weber, T., Lopes, J.S. & Oliveira, H.N.D. 2009. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de vacas da raça Holandesa via regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 61(2), 407-412.

Jakobsen, J.H., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L.G. & Sorensen, D. A. 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science**, 85(6), 1607-1616.

Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. & Dekkers, J.C.M. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, 80(6), 1217-1226.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A. & Vitezica, Z. 2018. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia, 199.

Yamazaki, T., Takeda, H., Osawa, T., Yamaguchi, S. & Hagiya, K. 2019. Genetic correlations among fertility traits and lactation persistency within and across Holstein herds with different milk production during the first three lactations. **Livestock Science**, 219, 97-103.



Influência da frequência de ordenha sobre a curva de lactação em vacas Holandesas

Amauri Felipe Evangelista^{1,2,*}, Lukas Pfeiffer³, Denyus Augusto de Oliveira Padilha³, Altair Antônio Valoto⁴, Laila Talarico Dias⁵, Rodrigo de Almeida Teixeira⁵

¹ Parte da tese de Doutorado do 1º. Autor, bolsista Capes, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

² Discente do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

³ Discente do curso de Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná - UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

⁴ Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa - APCBRH, Curitiba, PR, Brasil.

⁵ Professor Associado do Depto de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

*Autor correspondente: amaurifelipe17@gmail.com

Resumo: O objetivo do presente estudo foi avaliar o efeito da frequência de ordenha sobre as características da curva de lactação e a produção de leite estimada para 305 dias de lactação em vacas Holandesas. Foram utilizados dados do serviço de controle leiteiro da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) referentes ao período de 2010 a 2019. As curvas de lactação foram calculadas de acordo com a frequência de ordenha (2 ou 3) para animais de 1ª, 2ª e 3ª ordem de lactação. Utilizou-se o modelo WOOD para estimar a curva de lactação, por meio do procedimento NLIN, considerando-se o método de Gauss-Newton. Por meio do procedimento GLM do SAS, avaliou-se a influência da frequência de ordenha sobre os seguintes parâmetros da curva de lactação: produção de leite inicial (PI), produção no pico de lactação (PP), tempo do pico de lactação (TP) e persistência (PER) e a produção de leite estimada para 305 dias (L305). Os resultados mostraram que vacas ordenhadas 2 vezes/dia atingiram o pico de lactação precocemente. Os maiores picos de lactação, persistência e níveis de L305 foram observados em vacas ordenhadas 3 vezes/dia. Portanto, o formato da curva de lactação é dependente da frequência de ordenha, esses resultados contribuem para a tomada de decisão dos produtores, possibilitam realizar ajustes nos valores de produção a fim de realizar comparações genéticas mais precisas entre os animais.

Palavras-chave: controle leiteiro, curvas de lactação, pico, persistência.

Influence of milking frequency on the lactation curve in Holstein cows

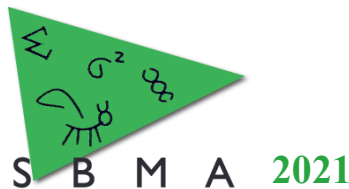
Abstract: The aim of the present study was to evaluate the effect of milking frequency on the traits of the lactation curve and the estimated milk yield for 305 days of lactation in Holstein cows. It was used data from the dairy control service of the Holstein Association in Paraná (APCBRH) for females the period 2010 to 2019. The lactation curves were calculated according to the frequency of milking (2 or 3x) for dairy animal 1st, 2nd and 3rd order of lactation. The WOOD model was used to estimate the lactation curve, through the NLIN procedure, considering the Gauss-Newton method. Using the SAS GLM procedure, the influence of milking frequency on the parameters of the lactation curve was evaluated, such as initial milk yield (PI), yield at peak lactation (PP), time to peak lactation (TP) and persistence (PER) and estimated milk yield for 305 days (L305). The results showed that cows milked twice a day reached their lactation peak early. The highest lactation peaks, persistence and milk yield levels at the end L305 were observed in cows milked 3 times/day. Therefore, the shape of the lactation curve is dependent on the frequency of milking, these results contribute to the decision-making of producers, and the adjusted productions can lead to more accurate genetic comparisons among the animals.

Keywords: lactation curves, peak, persistence, test day.

Introdução

Com o crescimento populacional, as empresas do setor leiteiro buscam cada vez mais aumentar a sua produção, dessa forma, o aumento da frequência de ordenhas tem sido uma alternativa. Atashi (2015), relatou que o aumento da frequência de ordenha de 2 para 3, aumentou de 12% a 15% do volume total de leite. O autor ainda destacou que o aumento da frequência de ordenha não só aumentou a produção de leite, mas também melhorou as características da curva de lactação, como a produção inicial, pico de produção e persistência da lactação.

No Brasil, embora muitos estudos tenham considerado o efeito potencial da frequência de ordenha na produção de leite (RUAS et al., 2006), porém, são escassos relatos científicos detalhando seu efeito sobre as características da curva de lactação em vacas leiteiras. Dessa forma, o objetivo do presente estudo



foi avaliar o efeito da frequência de ordenha (duas vezes ao dia vs. três vezes ao dia) sobre as características da curva de lactação e a produção de leite ajustada para 305 dias de lactação em vacas Holandesas.

Material e Métodos

Foram utilizados dados do controle leiteiro da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), com sede em Curitiba – PR, no período 2010 a 2019, pertencentes a 343 rebanhos. Foram considerados dados mensais da produção de leite, de vacas de primeira, segunda e terceira lactação, com idade ao parto variando de 18 a 43, 30 a 60 e 42 a 72 meses, respectivamente, controladas do 5º dia após o parto até o 305º dia de lactação e ordenhadas duas ou três vezes por dia.

Foram excluídos do arquivo de dados, rebanhos com menos de 10 animais, vacas com menos de 5 controles leiteiros durante a lactação, vacas cujo primeiro controle leiteiro foi realizado após 45 dias do parto, com produção diária de leite inferior a 5 kg ou superior a 80 kg/dia. Após a edição, os dados foram organizados de acordo com ordem de parto das vacas: primeira (48.758 vacas e 427.613 controles leiteiros), segunda (40.125 vacas e 352.128 controles leiteiros) e terceira lactação (24.298 vacas e 211.675 controles leiteiros). Posteriormente, dentro de cada ordem de lactação os animais foram classificados conforme a frequência de ordenha (2 ou 3x). Para o ajuste das curvas de lactação individuais para cada frequência de ordenha (2 ou 3x) foi empregado o modelo WOOD (1967), de acordo com a seguinte equação:

$$Y = at^b \exp^{-ct}$$

em que: Y = produção de leite(kg) no dia do controle leiteiro; a = parâmetro associado com o início da produção de leite (kg); t = período de tempo em dias após o parto, no qual a produção de leite (kg) foi medida; b = representa a fase de ascensão média na fase pré-pico de produção; exp = constante igual a 2,7182; c = representa a fase declínio da curva após o pico de lactação.

Os parâmetros de cada curva individual foram estimados pelo método iterativo de Gauss-Newton, utilizando-se o procedimento NLIN do pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 2018). Com base nos parâmetros do modelo foram conhecidas as características das curvas: Produção de leite inicial (PI), Produção no pico de lactação (PP), Tempo do pico de lactação (TP) e persistência (PER), pelas expressões apresentadas a seguir: $PI = (a \cdot 1^b) \cdot (\exp^{-c \cdot 1})$; $PP = a \cdot ((b/c)^b) \cdot \exp^{-b}$, $TP = b/c$, e, $PER = - (b + 1) \ln(c)$. A influência do efeito da frequência de ordenha sobre as variáveis dependentes (produção de leite no início da lactação, tempo em dias para atingir o pico de lactação, produção no pico de lactação, persistência e o volume de leite produzido para 305 dias) foi avaliada pelo procedimento GLM (SAS, 2018) e as comparações entre as médias foram realizadas utilizando-se pelo teste t.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 estão apresentados os valores dos parâmetros da curva de lactação de acordo com as frequências de ordenha. Nota-se que, para todos os parâmetros avaliados, a realização da 3ª ordenha proporcionou maiores valores ($P < 0,05$) quando comparada a produção obtida com 2 ordenhas. Vacas ordenhadas 3x ao dia apresentaram maior produção de leite no início da lactação e no pico de lactação, entretanto, chegaram tardiamente ao PP. O mecanismo responsável pelo aumento da produção de leite à frequência de ordenha, pode ser devido a um aumento nas células epiteliais mamárias, redução da apoptose células epiteliais mamárias e aumento da atividade celular (MCNAMARA et al., 2008).

Tabela 1. Parâmetros da curva de lactação estimados pelo modelo Wood em vacas Holandesas no Estado do Paraná em função da ordem de lactação e frequência de ordenha

Lactação	FO	N	PI	TP	PP	PER	L305
1 ^a	2 vezes/dia	28.915	15,66 ^b	94 ^b	32,79 ^b	7,47 ^b	9.196,62 ^b
	3 vezes/dia	19.843	16,63 ^a	103 ^a	39,72 ^a	7,61 ^a	10.975,81 ^a
2 ^a	2 vezes/dia	23.886	20,92 ^b	65 ^b	40,54 ^b	7,02 ^b	9.825,67 ^b
	3 vezes/dia	16.531	23,01 ^a	71 ^a	48,42 ^a	7,14 ^a	11.762,28 ^a
3 ^a	2 vezes/dia	14.716	22,24 ^b	62 ^b	43,00 ^b	6,97 ^b	10.078,59 ^b
	3 vezes/dia	9.668	23,68 ^a	66 ^a	51,03 ^a	7,07 ^a	11.970,54 ^a

Médias seguidas de letras distintas na coluna são significativamente diferentes pelo teste t ($p < 0,05$). Frequência de Ordenha (FO); Número de animais (N); Produção de leite inicial (PI), Produção no pico de lactação (PP), Tempo do pico de lactação (TP); persistência (PER); Produção de leite ajustada para 305 dias de lactação (L305).

Os valores encontrados para PER foram estatisticamente superiores em vacas ordenhadas 3x ao dia (Tabela 1), o que indica que as curvas de lactação dessas vacas não apresentaram uma queda brusca na produção de leite após o pico de lactação. Ao avaliar L305, notou-se que as vacas ordenhadas 3x ao dia produziram em média 1779,19; 1936,61 e 1891,95 kg de leite a mais do que as vacas ordenhadas 2x ao dia, o que representa uma superioridade de 16,21%, 16,46% e 15,80%, respectivamente, na primeira, segunda e terceira lactação. Os resultados deste estudo também concordaram com Ruas et al. (2006), que relatou que o aumento da frequência de ordenha de 2x para 3x em vacas resultou em aumento de 6 a 25%.

Na Figura 1 foram apresentadas as curvas de lactação em função da frequência de ordenha e ordem de lactação de vacas da raça Holandesa.

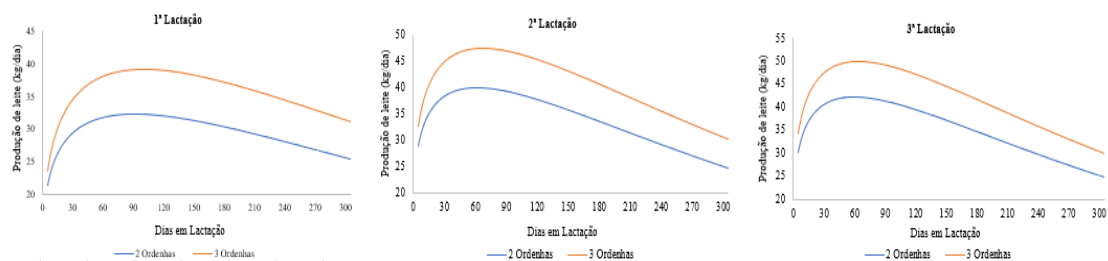


Figura 1: Curvas de lactação para vacas Holandesas em função do número de ordenhas e ordem de lactação.

Observa-se que a frequência de ordenha provoca diferença no formato das curvas de lactação. Vacas ordenhadas 3x ao dia tendem a ter uma curva de lactação mais alta e mais plana do que vacas ordenhadas 2x ao dia. O aumento médio na produção de leite foi de 16% entre vacas primíparas e multíparas, melhorando os parâmetros para o pico e persistência na lactação de vacas Holandesas no Paraná. Esses resultados são semelhantes aos obtidos por Atashi (2015), que observou que a forma da curva de lactação foi amplamente dependente da frequência de ordenha em vacas Holandesas.

Conclusão

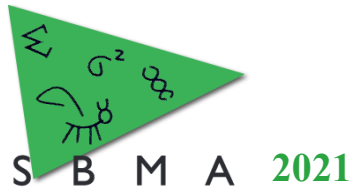
O aumento da frequência de ordenha de 2x para 3x ao dia, teve influência sobre os parâmetros das curvas de lactação de vacas entre 1º. e o 3º. parto, e tal efeito foi ainda mais acentuado em vacas de 1º. e 2º. parto. Sendo assim, é recomendável avaliar os ajustes nos valores das produções em função de tal diferença de manejo para que sejam utilizados nas comparações genéticas entre os animais.

Agradecimentos

Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) pela concessão dos dados para a realização deste trabalho. Capes pela concessão da bolsa de estudos.

Literatura citada

- Atashi, H. 2015. Effect of milking frequency on the lactation performance and lactation curve of Holstein dairy cows in Iran. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 5(2), 273-278.
- Boujenane, I. 2019. Effects of milking frequency on milk production and composition of Holstein cows during their first three lactations. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 9(1), 25-29.
- McNamara, S., Murphy, J.J., O'mara, F.P., Rath, M. & Mee, J. F. 2008. Effect of milking frequency in early lactation on energy metabolism, milk production and reproductive performance of dairy cows. *Livestock science*, 117(1), 70-78.
- Ruas, J.R.M., Brandão, F.Z., Silva, J.M.D., Borges, Á.M., Carvalho, B.C.D., Menezes, A. D. C. & Marcatti Neto, A. 2006. Influência da frequência de ordenhas diárias sobre a eficiência produtiva de vacas mestiças Holandês-Zebu e o desempenho dos seus bezerros. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 35(2), 428-434.
- Wood, P. D. P. 1967. Nature Publishing Group. *Nature Publishing Group*, v. 216, p. 615–616, 1967.



Caracterização morfométrica da estrutura corporal de vacas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas⁴

Alvimara Felix dos Reis¹, Maria Dulcinéia da Costa², José Reinaldo Mendes Ruas², Virgílio Mesquita Gomes², Luciana Albuquerque Caldeira Rocha², Felipe Matheus Ferreira Chagas³

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba, MG, Brasil.

³Médico Veterinário, Farpal Agropastoril, Jaíba, MG, Brasil.

⁴Dados retirados da dissertação de Alvimara Felix dos Reis

*Autor correspondente: *alvimara.reis@ufv.br*

Resumo: Objetivou-se com esse estudo fazer a caracterização morfométrica de fêmeas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas. Foram utilizadas 266 fêmeas F1, progênies do cruzamento de 26 touros da raça Holandesa com fêmeas de composição genética zebuínas: Gir, Nelore, Guzonel e Nelogir. As características morfométricas avaliadas foram as medidas de tronco, ângulo da perna e da garupa e peso. As médias das características foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Foi possível observar que as vacas com genes da raça Nelore são 5,0cm mais altas ($P<0,05$). As vacas F1 de base materna Gir tiveram estrutura corporal menor que as fêmeas que portam genes da raça Nelore.

Palavras-chave: bovinocultura de leite, características fenotípicas, vacas mestiças

Morphometric characterization of the body structure of Holsteins x Zebu F1 cows from different maternal bases

Abstract: The aim of this study was to make the morphometric characterization of F1 Holstein x Zebu females of different maternal bases. A total of 266 F1 female progenies from the crossbreeding of 26 Holstein bulls with females of Zebu genetic composition were used: Gir, Nelore, Guzonel and Nelogir. The morphometric characteristics evaluated were the measures of torso, leg and rump angle and weight. The means for morphometric characteristics were compared by Tukey test at 5% probability. Cows with Nelore genes are 5.0cm taller ($P<0.5$). F1 Girly-based cows have a smaller body structure than females carrying Nelore genes.

Keywords: milk cows, phenotypic characteristics, crossbred cows

Introdução

Os animais F1 oriundos do cruzamento entre raças taurinas e zebuínas são utilizados como alternativa a sistemas de produção de leite em condições tropicais pois apresentam maior eficiência produtiva quando comparado a raças puras (Ribeiro et al., 2017). Esses animais podem apresentar grande variação fenotípica devido à utilização de diferentes raças zebuínas para a obtenção das matrizes F1, essa variação pode interferir diretamente na escolha desses animais pelos produtores.

As características morfométricas são associadas a diversas características funcionais dos animais, como a adaptação do animal ao ambiente que está inserido, à produção de leite e à permanência no rebanho (Kern et al., 2018) e em comparação com as avaliações feitas por meio de escore, tornam-se mais objetivas pois diminuem o viés das observações causadas pela influência do avaliador.

Com a crescente utilização de animais mestiços na produção leiteira brasileira e como esses animais não possuem padrão fenotípico estabelecido, faz-se necessário caracterizar fêmeas F1, para orientar produtores e técnicos na formação do rebanho e/ou selecionar animais pelas características morfométricas, visando à produtividade desses animais. Com isso, objetivou-se caracterizar fêmeas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas quanto às características morfométricas.

Material e Métodos

Este trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética em Experimentação e Bem Estar Animal da Universidade Estadual de Montes Claros (CEEBEA/Unimontes), sob protocolo nº179/2018. Foram

utilizadas informações de características morfométricas de animais F1 Holandês x Zebu do Campo Experimental de Felixlândia (CEFX) da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), localizada na região central do estado, no município de Felixlândia.

As bases genéticas maternas consideradas foram *Bos taurus indicus* das raças Gir (n=80), Nelore (n=30) e dois compostos Zebus: Guzerá x Nelore (Guzonel, n=92) e Gir x Nelore (Nelogir, n=64) totalizando 266 fêmeas F1, filhas de 26 touros *Bos taurus taurus* da raça Holandesa. Para as medidas (cm) de altura, comprimento e diâmetro foram utilizados hipômetro metálico com nível e fita métrica e para as medidas (graus) de ângulo foi utilizado o artrogoniômetro. O peso (kg) foi obtido por meio de balança eletrônica, instalada no próprio curral de manejo da fazenda, e foi também estimado por fita barimétrica em função do perímetro torácico. As mensurações foram tomadas antes da ordenha das vacas. Foi calculado a diferença entre as alturas no fíio e ísquio para classificar o ângulo da garupa (WORLD..., 2016).

As características morfométricas de tronco cada base materna foram: comprimento e profundidade corporal, altura de cernelha e de garupa, perímetro torácico, largura de peito, largura entre fílios e ísquio, comprimento de garupa e duas medidas angulares de perna e garupa. Foram feitas análise de variância e, as médias que apresentaram diferenças significativas entre as bases genéticas pelo teste F foram submetidas ao teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Resultados e Discussão

Verificou-se (Tabela 1) que as fêmeas F1 que possuem genes da raça Nelore são aproximadamente 5,0 cm mais altas que fêmeas de origem materna Gir (altura na cernelha e de garupa, $P < 0,05$). A menor altura observada nas F1 de origem materna Gir pode ser devido ao direcionamento da seleção dos animais da raça Gir para produção de leite que diretamente diminuiu o tamanho da vaca, pois a correlação entre essas duas características é negativa (Wenceslau et al., 2000)

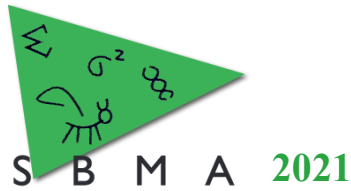
Tabela 1. Média \pm desvio padrão das características das morfométricas do tronco, angulações e pesos de fêmeas F1 Holandês x Zebu de acordo com as bases genéticas maternas

Variável ^a	Bases genéticas materna				P – valor
	Gir	Nelore	Guzonel	Nelogir	
Tronco (cm)					
ACER	138,5b \pm 3,99	144,6a \pm 4,27	143,7a \pm 4,65	142,6a \pm 4,71	<0,0001
AGAR	140,9b \pm 4,36	146,5a \pm 3,53	145,7a \pm 4,78	145,2a \pm 4,04	<0,0001
PCOR	78,9a \pm 6,24	77, 1a \pm 4,56	78,6a \pm 6,66	80,1a \pm 4,45	0,1190
PTOR	188,6b \pm 7,87	196,4a \pm 6,94	194,6a \pm 15,99	193,6ab \pm 6,66	0,0009
LPEI	39,4b \pm 3,59	41,7a \pm 3,71	41,9a \pm 4,01	41,2ab \pm 3,28	<0,0001
CCOR	155,7b \pm 5,66	160,8a \pm 9,68	156,8b \pm 6,87	160,1a \pm 5,64	<0,0001
CGAR	49,1b \pm 2,66	50,2ab \pm 4,81	50,5a \pm 3,21	50,2ab \pm 2,55	0,0248
LILI	44,8a \pm 4,25	46,1a \pm 4,51	46,4a \pm 4,91	46,8a \pm 4,51	0,0507
LISQ	22,1a \pm 3,93	22,2a \pm 2,55	21,9a \pm 2,93	22,6a \pm 4,31	0,7019
Ângulos (graus)					
ANGA	83,0a \pm 3,71	84,8a \pm 4,37	82,9a \pm 4,64	84,1a \pm 3,81	0,555
ATIM	147,1a \pm 5,43	148,6a \pm 5,37	147,2a \pm 4,50	147,2a \pm 4,47	0,4864
Pesos (kg)					
PBAL	504,1b \pm 55,33	554,8a \pm 61,02	547,4a \pm 61,55	556,1a \pm 55,31	<0,0001
PFIT	507,7b \pm 57,64	552,2a \pm 58,70	543,3a \pm 62,31	533,3ab \pm 57,50	0,0002

^aACER= altura de cernelha; AGAR= altura de garupa; PCOR= profundidade corporal; PTOR= perímetro torácico; LPEI= largura do peito; CCOR= comprimento corporal; CGAR= comprimento de garupa; LILI= largura entres as tuberosidades ilíacas; LISQ= largura entre as tuberosidades isquiáticas; ANGA= ângulo da garupa; ATIM= ângulo da perna; PBAL= peso na balança eletrônica; PFIT= peso estimado pela fita convencional.

Não houve diferença ($P > 0,05$) para profundidade corporal, indicando que todas as vacas F1 avaliadas possuem boa capacidade digestiva e produtiva (Silva et al., 2018).

As fêmeas de origem materna Gir obtiveram as menores medidas de perímetro torácico (Tabela 1, $P < 0,05$). Contudo todas as fêmeas, independente da base materna, apresentaram medidas de perímetro



torácico acima do valor recomendado para raça Gir, que é de 175,0 cm, o que indica boa capacidade cardíaca e respiratória desses animais (Panetto et al., 2021). Esses fatores auxiliam nas trocas gasosas para efeito de termorregulação, o que pode estar associado à maior resistência do animal e, conseqüentemente, valores mais elevados favorecerão a produção principalmente em pasto, características atribuídas pelo Zebu.

Verificou-se também que as fêmeas F1 portadoras de genes da raça Nelore (Tabela 1) apresentaram maiores ($P<0,05$) perímetros torácicos e largura de peito, provavelmente por essas características serem selecionadas em bovinos de corte para maior produção de carne.

Independente ($P>0,05$) da base materna as fêmeas F1 Holandês x Zebu apresentaram valores superiores a 18cm para largura entre ísquio, o que é recomendado para a raça Gir (Panetto et al., 2021).

Como as vacas F1 Holandês x Gir têm a menor estrutura corporal dentre as fêmeas das demais bases maternas, também foram 48,0 kg mais leves ($P<0,05$; peso na balança) do que as F1 que possuem genes da raça Nelore (Tabela 1).

As vacas F1 Holandês x Zebu apresentaram, em média (Tabela 1; $P>0,05$), ângulo de garupa e de perna que se enquadra no escore intermediário (WORLD..., 2016). Esses valores são considerados ideais, pois diminuem a probabilidade de descarte involuntário das fêmeas (Kern *et al.*, 2018).

Conclusão

As fêmeas F1 com origem genética da raça Nelore apresentam estrutura corporal maior que animais de base materna Gir, sendo mais altas, mais compridas, com maior comprimento e largura de garupa e mais pesadas. As fêmeas F1 Holandês x Zebu apresentam ângulo de garupa e perna aceitáveis independente da base materna.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (Capes) - Código de Financiamento 001. À Epamig, pela liberação dos animais, à Fapemig - PPM 00265-18, ao CNPq, à Unimontes e ao INCT-CA, pelo apoio financeiro.

Literatura citada

Kern, E.L.; Cobuci, J.A.; Costa, C.N.; Ducrocq, V. 2018. Phenotypic relationship between type traits and productive life using a piecewise Weibull proportional hazard model. **Scientia Agricola**, 75, 470-478.

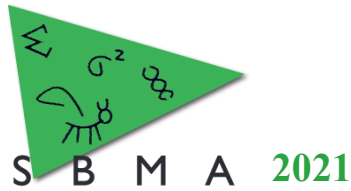
Panetto, J.C.C.; Silva, M.V.G.B.; Verneque, R.S.; Machado, M.A.; Fernandes, A.R; Machado, C.H.C.; Martins, M.F.; Reis, D.R.L.; Borges, C.A.V.; Oliveira, J.C.; Ventura, H.T.; Pereira, M.A.; Garcia, A.O.; Leandro, F. D. 2021. Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro. Sumário brasileiro de touros. 4ª Avaliação genômica de touros: resultado do teste de Progênie. Juiz de Fora: **Embrapa Gado de Leite**, 102p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 254).

Ribeiro, L.S.; Goes, T.J.F.; Torres Filho, R.A.; Araújo, C.V.; Reis, R.B.; Saturnino, H.M. 2017. Desempenho produtivo e reprodutivo de um rebanho F1 Holandês x Gir em Minas Gerais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 69, 1624-1634.

Silva, M.V.G.B.; Martins, M.F.; Cembranelli, M.A.R.; Panetto, J.C.C.; Paiva, L.C.; Gonçalves, G.S.; Machado, M.A.; REIS, D.R. de L. 2018. Programa de melhoramento genético da raça Girolando. Sumário de touros. Resultado do teste de progênie junho 2018. Juiz de Fora: **Embrapa Gado de Leite**. 65p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 220).

Wenceslau, A.A.; Lopes, P.S.; Teodoro, R.L., Verneque R.S., Euclides R.F., Ferreira W.J., Silva M.A. 2000. Estimativa de parâmetros genéticos de medidas de conformação, produção de leite e idade ao primeiro parto em vacas da raça Gir leiteiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 29, 153- 158.

WORLD Holstein Friesian Federation. 2016. Disponível em:< <http://www.whff.info> >. Acessado em: 10 mai. 2019.



Caracterização morfométrica do sistema mamário de vacas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas³

Alvimara Felix dos Reis¹, Maria Dulcinéia da Costa², José Reinaldo Mendes Ruas², Cinara da Cunha Siqueira Carvalho², Virgílio Mesquita Gomes², Luciana Albuquerque Caldeira Rocha²

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba, MG, Brasil.

³Dados retirados da dissertação de Alvimara Felix dos Reis

*Autor correspondente: *alvimara.reis@ufv.br*

Resumo: Objetivou-se com esse estudo caracterizar morfométricamente o sistema mamário de fêmeas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas. Foram utilizadas 159 fêmeas F1, progênies do cruzamento de 26 touros da raça Holandesa com fêmeas de composição genética zebuínas: Gir, Nelore, Guzonel e Nelogir. As médias das características foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Observou-se que as vacas F1 de base materna Gir apresentam estrutura de sistema mamário diferente das fêmeas de origem materna Nelore. As fêmeas F1 de base materna Gir possuem o úbere mais profundo em comparação com as outras bases maternas.

Palavras-chave: bovinocultura de leite, características fenotípicas de úbere, vacas mestiças

Morphometric characterization of the mammary system of F1 Holstein x Zebu cows from different maternal bases

Abstract: The aim of this study was to make the morphometric characterization of F1 Holstein x Zebu females of different maternal bases. A total of 159 F1 female progenies from the crossbreeding of 26 Holstein bulls with females of Zebu genetic composition were used: Gir, Nelore, Guzonel and Nelogir. The means for characteristics were compared by Tukey test at 5% probability. It was possible to observe that F1 cows of Gir maternal base have a different mammary system structure than females of Nelore maternal origin. F1 females with a Gir maternal base have the deepest udder compared to other maternal bases.

Keywords: milk cows, udder phenotypic characteristics, crossbred cows

Introdução

A classificação morfométrica é utilizada para determinar a conformação dos animais, identificando os pontos fortes e fracos, principalmente de úbere, produção leiteira e a permanência da vaca no rebanho. Das características morfométricas que são mensuradas as obtidas no sistema mamário são as mais associadas com fatores de importância econômica para pecuária leiteira (Kern et al., 2018). De acordo com Sewalem et al. (2004) as fêmeas devem apresentar valores intermediários para as medidas de sistema mamário, pois assim serão menos susceptíveis à mastite e a outras doenças infecciosas.

Dependendo da base materna que é utilizada para a formação de animais mestiços pode ocorrer mudanças no padrão fenotípico apresentados pelas progênies. Então determinar quais fenótipos as vacas F1 Holandês x Zebu apresentam dependendo da base materna utilizada pode auxiliar no direcionamento dos cruzamentos para se obter o biótipo de animal mais adaptado aos sistemas de criação brasileiros.

Com isso, objetivou-se caracterizar fêmeas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas quanto às características morfométricas do sistema mamário.

Material e Métodos

Este trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética em Experimentação e Bem Estar Animal da Universidade Estadual de Montes Claros (CEEBEA/Unimontes), sob protocolo nº179/2018. Foram utilizadas informações de características morfométricas do sistema mamário de animais F1 Holandês x Zebu do Campo Experimental de Felixlândia (CEFX) da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), localizada na região central do estado, no município de Felixlândia.

As bases genéticas maternas consideradas foram *Bos taurus indicus* das raças Gir (n=80), Nelore (n=30) e dois compostos Zebus: Guzerá x Nelore (Guzonel, n=92) e Gir x Nelore (Nelogir, n=64) totalizando 159 fêmeas F1, filhas de 26 touros *Bos taurus taurus* da raça Holandesa.

Para obter as medidas de sistema mamário os animais foram conduzidos individualmente ao tronco de contenção e as medidas foram efetuadas do lado direito do animal. As mensurações foram tomadas antes da ordenha das vacas. As obtidas foram: distância dos tetos anteriores e posteriores, comprimento e diâmetro dos tetos, altura, largura e profundidade de úbere (Figura 1). Para as medidas (cm) de teto foi utilizado o paquímetro. Foram feitas análise de variância e, as médias que apresentaram diferenças significativas entre as bases genéticas pelo teste F foram submetidas ao teste de Tukey a 5% de probabilidade.



Figura 1. Medidas de sistema mamário: distância dos tetos anteriores (1) e posteriores (2), comprimento (3) e diâmetro dos tetos (4), altura (5), largura (6) e profundidade do úbere (7) de vacas F1 Holandês x Zebu de diferentes bases maternas.

Fonte: Arquivo pessoal.

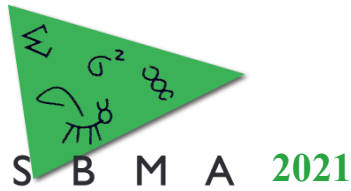
Resultados e Discussão

Não houve diferença ($P>0,05$) para largura e altura do úbere, entre as fêmeas F1 das diferentes bases maternas, provavelmente devido a genes da raça Holandesa (Tabela 1), pois são características avaliadas na seleção desses animais especializados para produção de leite.

Tabela 1. Média \pm desvio padrão das características das morfométricas no sistema mamário (cm) de fêmeas F1 Holandês x Zebu de acordo com as bases genéticas maternas

Variável ¹	Bases genéticas materna				P - valor
	Gir	Nelore	Nelogir	Guzonel	
LUBE	11,3a \pm 2,77	10,7a \pm 1,96	11,7a \pm 2,97	10,6a \pm 2,85	0,2454
AUBE	24,4a \pm 4,54	24,5a \pm 4,06	22,7a \pm 4,68	23,6a \pm 4,71	0,4011
PUBE	16,2c \pm 4,19	22,0a \pm 5,08	17,3bc \pm 4,2	19,6ab \pm 4,21	<0,0001
DTAN	8,2a \pm 3,01	6,1b \pm 3,31	5,9b \pm 2,29	7,6ab \pm 2,76	0,0012
DTPO	3,4a \pm 1,81	3,2a \pm 1,73	3,2a \pm 1,78	3,0a \pm 1,71	0,7048
CTAN	7,0a \pm 1,52	5,4c \pm 1,08	6,5ab \pm 1,57	5,9bc \pm 1,15	<0,0001
CTPO	6,3a \pm 1,42	4,8c \pm 0,84	5,2ab \pm 0,81	5,2bc \pm 0,89	<0,0001
DITA	2,8ab \pm 0,42	2,5c \pm 0,54	3a \pm 0,47	2,6bc \pm 0,38	0,0006
DITP	2,6a \pm 0,35	2,3a \pm 0,48	2,5a \pm 0,27	2,5a \pm 0,52	0,0633

¹LUBE= largura do úbere posterior; AUBE= altura do úbere posterior; LCEN= ligamento central; PUBE= profundidade do úbere; DTAN= distância dos tetos anteriores; DTPO= distância dos tetos posteriores; CTAN= comprimento dos tetos anteriores; CTPO= comprimento dos tetos posteriores; DITA= diâmetro dos tetos anteriores; DITP= Diâmetro dos tetos posteriores.



Fêmeas F1 de base materna Gir apresentaram úberes (Tabela 1) mais profundos ($P<0,05$), sendo que a distância da base do teto até o jarrete é de 5,8cm menor do que animais de base genética Nelore o que pode ser explicado pela seleção dos animais da raça Gir e a genética aditiva (tousos Holandeses) para produção de leite resultando em úberes mais profundos com maior capacidade de armazenamento (Panetto et al., 2021). As vacas F1 apresentaram diferentes ($P<0,05$) distâncias entre tetos anteriores, no entanto não diferiram ($P>0,05$) para os tetos posteriores. Recomenda-se que a profundidade do úbere seja de aproximadamente 10cm de distância da altura do jarrete, com tetos mais centralizados no quarto mamário para facilitar a ordenha mecânica (Silva et al., 2018)

Embora as vacas F1 portadoras de genes da raça Nelore terem obtido menores valores ($P<0,05$) em comprimento de tetos (Tabela 1) todas as fêmeas apresentaram valores aceitáveis para a raça Girolando, de 5 a 7cm de comprimento (Silva et al., 2018), porém o diâmetro ficou abaixo do recomendado para raça Gir que é 3,8cm (Panetto et al., 2021)

De acordo com Kern et al. (2018) as características do sistema mamário são as que mais influenciam a produção de leite e a permanência do animal no rebanho. Valores intermediários para profundidade do úbere, comprimento de tetos e a distância entre eles, refletem a menor suscetibilidade à mastite e outras doenças infecciosas (Sewalem et al., 2004).

Conclusão

As fêmeas oriundas da base materna Gir apresentam úberes mais profundos e maiores tamanhos de tetos em comparação com fêmeas F1 que aqueles de base materna Nelore.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (Capes) - Código de Financiamento 001. À Epanig, pela liberação dos animais, à Fapemig - PPM 00265-18, ao CNPq, à Unimontes e ao INCT-CA, pelo apoio financeiro.

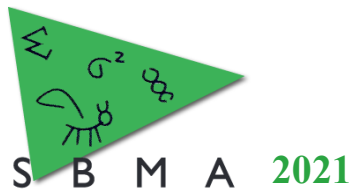
Literatura citada

Kern, E.L.; Cobuci, J.A.; Costa, C.N.; Ducrocq, V. 2018. Phenotypic relationship between type traits and productive life using a piecewise Weibull proportional hazard model. **Scientia Agricola**, 75, 470-478.

Panetto, J.C.C.; Silva, M.V.G.B.; Verneque, R.S.; Machado, M.A.; Fernandes, A.R; Machado, C.H.C.; Martins, M.F.; Reis, D.R.L.; Borges, C.A.V.; Oliveira, J.C.; Ventura, H.T.; Pereira, M.A.; Garcia, A.O.; Leandro, F. D. 2021. Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro. Sumário brasileiro de touros. 4ª Avaliação genômica de touros: resultado do teste de Progênie. Juiz de Fora: **Embrapa Gado de Leite**, 102p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 254).

Silva, M.V.G.B.; Martins, M.F.; Cembranelli, M.A.R.; Panetto, J.C.C.; Paiva, L.C.; Gonçalves, G.S.; Machado, M.A.; REIS, D.R. de L. 2018. Programa de melhoramento genético da raça Girolando. Sumário de touros. Resultado do teste de progênie junho 2018. Juiz de Fora: **Embrapa Gado de Leite**. 65p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 220).

Sewalem, A.; Klstemaker, G.J.; Migllor, F.; Van Doormaal, B.J. 2004. Analysis of the relationship between type traits and functional survival in Canadian Holsteins using a Weibull proportional hazards model. **Journal Dairy Science**, 87, 3938-3946.



Avaliação do peso ao nascimento para predição genética da facilidade de partos em bovinos Girolando

Luciana Almeida da Silva Olivera¹, Giovana da Silva Zanini¹, João Cláudio do Carmo Panetto², Marco Antonio Machado², Edivaldo Ferreira Júnior³, Leandro de Carvalho Paiva³, Thaise Pinto de Melo¹, Fernanda Breda Mello¹, Pamela Itajara Otto¹, Marcos Vinicius G. Barbosa da Silva^{2*}

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil.

²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

³Associação Brasileira dos Criadores de Girolando, Uberaba, MG, Brasil.

*Autor correspondente: marcos.vb.silva@embrapa.br

Resumo: O peso dos bezerros ao nascimento (PN) pode ser utilizado como característica auxiliar para avaliar a facilidade de parto em bovinos leiteiros. Objetivou-se com este estudo avaliar fatores que influenciam o PN e estabelecer um modelo estatístico inicial para a avaliação genética desta característica em bovinos da raça Girolando. As análises foram conduzidas com dados do Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG), por meio de um modelo animal unicaracterística. O PN variou de 18 a 60 kg, com média de 33,95 kg e foi significativamente influenciado pelas composições raciais, sexo, tipo de concepção e instrumento de aferição do peso nos bezerros. A herdabilidade foi estimada em 0,59 e os valores genéticos foram preditos com uma acurácia média de 0,84. Os resultados indicam que diferentes fatores podem influenciar o PN e há presença de variabilidade genética para esta característica, mostrando potencial para seleção.

Palavras-chave: animais cruzados, bovinos leiteiros, distocia, facilidade de parto.

Birth weight evaluation to genetic prediction of calving ease in Girolando cattle

Abstract: Calf birth weight (BW) can be used as an auxiliary trait to evaluate calving ease in dairy cattle. The aim with this study was to evaluate the factors affecting BW and to define an initial statistical model for the genetic evaluation of this trait in Girolando cattle. The analyzes were performed with data from the National Girolando Breeding Program (PMGG), using an animal single-trait model. BW ranged from 18 to 60 kg, with an average of 33.95 kg and it was significantly influenced by breed composition, sex, type of conception and instrument used to measure the BW. The estimated heritability was 0.59 and breeding values were predicted with an average accuracy of 0.84. The results indicate that different factors can influence the BW and its genetic variability, indicating a good potential for its genetic improvement through selection.

Keywords: crossbred animals, dairy cattle, dystocia, calving ease.

Introdução

No Brasil, a maior parte do leite é produzida em sistemas de pastejo em ambientes desafiadores, que requerem a criação de animais adaptados. Em virtude dessas circunstâncias, bovinos que possuam diferentes composições raciais entre o Gir e o Holandês, como a raça Girolando, estão presentes na maioria das fazendas leiteiras brasileiras e são responsáveis por 80% do leite produzido no país.

As características reprodutivas apresentam grande importância no sistema de criação de bovinos leiteiros, pois cada lactação é iniciada após um parto. A facilidade de parto, é uma característica importante para o sucesso financeiro em rebanhos de bovinos leiteiros, já que a dificuldade de parto pode diminuir a sobrevivência dos bezerros e estender os intervalos pós-parto para as vacas, o que reduz as taxas de reprodução. As distocias, ocorrências de anormalidades de tamanho ou posição fetal, são caracterizadas por partos difíceis e prolongados, que requerem intervenção humana e trazem grandes prejuízos econômicos e sanitários para a cadeia produtiva (Eaglen et al., 2012).

A facilidade de parto mede a presença ou ausência de distocia e sua intensidade. Esta característica é geralmente mensurada em uma escala categórica ou binária pelo criador, o que a torna mais sensível à subjetividade. Em contrapartida, o peso dos bezerros ao nascimento (PN) é facilmente mensurado e



representa um valioso fenótipo que pode ser utilizado para avaliar a facilidade de parto em bovinos leiteiros (Johanson et al., 2011). Desta forma, objetivou-se com este estudo avaliar os fatores que influenciam o PN e estabelecer um modelo estatístico inicial para a avaliação genética desta característica em bovinos da raça Girolando.

Material e Métodos

As análises foram conduzidas com dados obtidos de rebanhos supervisionados e participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG), com coordenação técnica da Embrapa Gado de Leite. Foram utilizados dados de 49.019 registros de PN e um arquivo de pedigree com 292.695 animais: 34.912 touros, 93.241 matrizes, incluindo animais puros e cruzados, com diferentes composições raciais (determinada pela proporção da raça Holandesa, 1/4, 3/8, 1/2, 5/8, 3/4 e 7/8). Os indivíduos foram separados em grupos contemporâneos com base no rebanho, mês e ano de nascimento e sexo. Também foi calculada a heterozigosidade individual do bezerro considerando a composição racial dos pais.

A avaliação genética foi realizada utilizando os programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2018), com o seguinte modelo unicaracterístico:

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

em que y é o vetor de observações para PN; β , a e e são os vetores de efeitos fixos, efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos e residual, respectivamente; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios. Assumiu-se que $a \sim N(0; A\sigma_a^2)$ com matriz de relacionamento A e a variância genética aditiva σ_a^2 ; e $e \sim N(0; I\sigma_e^2)$ com matriz de identidade I e variância genética residual σ_e^2 . O modelo animal incluiu período gestacional, idade da mãe (efeito linear) e heterozigosidade como covariáveis e tipo de concepção, instrumento de mensuração do PN, composição racial do bezerro e grupo contemporâneo como efeito fixo, além dos efeitos genéticos direto e resíduo.

A acurácia dos valores genéticos (R) foi estimada para cada indivíduo da população da seguinte forma: $R^2 = \sqrt{1 - (PEV/\sigma_a^2)}$, em que PEV é a variância do erro de predição.

Resultados e Discussão

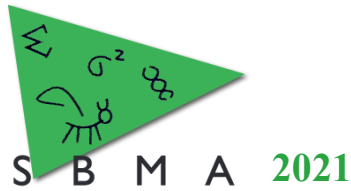
O peso ao nascimento variou de 18 a 60 kg, com média \pm desvio-padrão de $33,95 \pm 5,86$ kg. O PN foi significativamente influenciado ($P < 0,05$) pela composição racial, sexo, tipo de concepção e tipo de mensuração do peso nos bezerros (Tabela 1).

Tabela 1. Valor médio \pm erros padrão para peso de nascimento (PN) de bezerros em diferentes grupos de avaliação.

Grupo	PN (kg)	Grupo	PN (kg)
<i>Composição racial</i>		<i>Tipo de concepção</i>	
5/8Holandês + 3/8Gir	35,26 \pm 0,08 ^a	Monta a Campo	35,09 \pm 0,16 ^a
3/4Holandês + 1/4Gir	35,14 \pm 0,05 ^{ab}	Inseminação artificial	34,62 \pm 0,04 ^b
7/8Holandês + 1/8Gir	34,96 \pm 0,13 ^b	Monta Controlada	34,39 \pm 0,19 ^b
3/8Holandês + 5/8Gir	34,39 \pm 0,26 ^c	Transferência de embriões	34,11 \pm 0,50 ^{bc}
1/4Holandês + 3/4Gir	33,67 \pm 0,17 ^d	Fertilização <i>in vitro</i>	33,45 \pm 0,03 ^c
1/2Holandês + 1/2Gir	32,95 \pm 0,04 ^e		
<i>Sexo</i>		<i>Instrumento de aferição PN</i>	
Macho	35,80 \pm 0,11 ^a	Fita de pesagem para bovinos	34,70 \pm 0,03 ^a
Fêmea	33,86 \pm 0,03 ^b	Balança	32,19 \pm 0,05 ^b

^{a-e}Estimativas com letras sobrescritas diferentes são significativamente diferentes ($P < 0,05$).

Com base nos grupos raciais, o peso encontrado variou de 32,95 kg a 35,26 kg. Animais 1/2Holandês + 1/2Gir apresentaram a menor média (32,95 kg), enquanto os 5/8 apresentaram a maior média para PN (35,26 kg). Valores médios superiores para PN em machos e fêmeas (em média 41,74 kg) foram descritos anteriormente em uma população de animais cruzados Holandês x Gir (Rezende et al., 2020). Dhakal et al.



(2013), avaliando bovinos puros e cruzados, encontraram PN médio variando de 33,8 kg (Holandês) e 22,1 kg (Jersey) nas raças puras e de 26,9 a 30,5 kg nos animais cruzados.

O sexo dos animais também influenciou o PN de bovinos Girolando (35,80 kg para machos e 33,86 kg para fêmeas), corroborando com achados de Johanson et al. (2011) e Dhakal et al. (2013). Bezerros machos apresentam maior PN devido a maior quantidade dos hormônios andrógenos, entre eles, a testosterona, e podem apresentar períodos de gestação mais longos (Rezende et al., 2020). Estudos comprovam que o aumento do período gestacional apresenta correção positiva com o PN dos bezerros, com aumento de $0,12 \pm 0,02$ kg por dia de gestação (Dhakal et al., 2013). Além disso, diferenças significativas foram encontradas avaliando-se o tipo de concepção e o tipo de mensuração do PN, mostrando a importância da anotação e inclusão destas variáveis no modelo de avaliação.

A h^2 foi estimada em 0,59, valor de alta magnitude, em comparação com estudos realizados por Johanson et al. (2011) e Yin e König (2018), que estimaram herdabilidades de 0,26 e 0,47, respectivamente, avaliando populações de bovinos da raça Holandesa. As diferenças nas estimativas podem ser atribuídas a fatores genéticos e variações ambientais, ao tamanho da população e raça avaliada, medida da característica (peso em kg ou classificatório) e principalmente ao modelo de análise utilizado. A variabilidade genética para PN em bovinos Girolando torna o uso da seleção genética promissora para o melhoramento desta característica. Os valores genéticos foram preditos com uma acurácia média de 0,84 para a população.

Conclusão

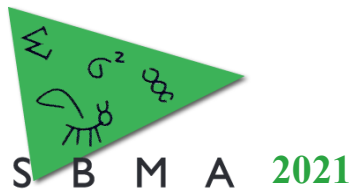
Os resultados obtidos neste estudo indicam a presença de variabilidade genética para esta característica, mostrando potencial para seleção. O modelo utilizado no presente estudo inicial, é um promissor modelo estatístico que pode ser utilizado para uma acurada predição do mérito genético para o peso ao nascimento em bovinos Girolando, como uma medida de facilidade de parto.

Agradecimentos

Ao Centro de Ciências Rurais da UFSM pelo apoio financeiro com a bolsa FIPE júnior, à FAPEMIG e à Associação Brasileira dos Criadores de Girolando pelo fornecimento dos dados necessários à realização deste estudo.

Literatura citada

- Dhakal, K., C. Maltecca, J.P. Cassady, G. Baloche, C.M. Williams, and S.P. Washburn. 2013. Calf birth weight, gestation length, calving ease, and neonatal calf mortality in Holstein, Jersey, and crossbred cows in a pasture system. **Journal of Dairy Science**, 96, 690–698.
- Eaglen, S.A.E., M.P. Coffey, J.A. Woolliams, and E. Wall. 2012. Evaluating alternate models to estimate genetic parameters of calving traits in United Kingdom Holstein-Friesian dairy cattle. **Genetics Selection Evolution**, 44, 1–13.
- Johanson, J.M., P.J. Berger, S. Tsuruta, and I. Misztal. 2011. A Bayesian threshold-linear model evaluation of perinatal mortality, dystocia, birth weight, and gestation length in a Holstein herd. **Journal of Dairy Science**, 94, 450–460.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. A. L. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, Z. Vitezica. 2018. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia.
- Rezende, E.V., I.J. Reis, C.C. Campos, and R.M. Santos. 2020. Influence of gestation length, seasonality, and calf sex on birth weight and placental retention in crossbred dairy cows. **Ciência Animal Brasileira**, 21.
- Yin, T., and S. König. 2018. Genetic parameters for body weight from birth to calving and associations between weights with test-day, health, and female fertility traits. **Journal of Dairy Science**, 101, 2158–2170.



Risco de Descarte em Função das Características do Composto Mamário em Vacas Holandesas no Estado do Paraná

Lorena Carla Gomes Vernaschi^{1,2,*}, Altair Antonio Valloto², Rodrigo de Almeida Teixeira³ e Laila Talarico Dias³

¹Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, Brasil.

²Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH). Curitiba, PR, Brasil

³Professor(a) Associado do Departamento de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, Brasil.

*Autor correspondente: lvernaschi.zootecnia@gmail.com

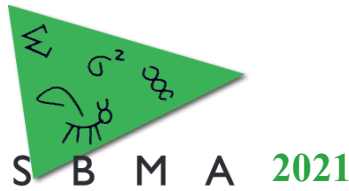
Resumo:

A característica longevidade é considerada de importância econômica, por influenciar diretamente a rentabilidade das fazendas leiteiras. Porém, esta é uma característica complexa por não ser diretamente mensurada e apresentar sensibilidade a diversos fatores como: produção de leite e classificação linear. O objetivo do presente trabalho foi estimar o risco de descarte de vacas Holandesas em função das características do composto mamário. Para tanto, foram utilizados 36.228 registros das classificações lineares, referentes às características do composto mamário, pertencentes a Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da raça Holandesa. Na análise de sobrevivência realizada pelo Modelo de Regressão de Cox, as características inserção do úbere anterior, comprimento de tetos, colocação de tetos posteriores, textura do úbere, ligamento mediano e largura de úbere apresentaram significância estatística ($p < 0,001$) em relação a longevidade. Já, as características colocação de tetos anteriores, altura e profundidade de úbere não foram significativas ($p > 0,001$). Os resultados indicaram que as vacas que têm úbere com inserção fraca, tetos extremamente longos, base dos tetos juntos ao ligamento mediano, úbere carnudo e o ligamento mediano extremamente fraco apresentaram os maiores riscos de descarte. Sugere-se a escolha de vacas com os úberes bem inseridos, altos, pouco profundos, com textura leve, pregueado e elástico, e com o ligamento mediano bem marcado, pois estas apresentarão menores riscos de descarte e, conseqüentemente, maior longevidade produtiva.

Palavras-chave: análise de sobrevivência, descarte voluntário, classificação linear, seleção.

Abstract: The longevity trait is considered of economic importance, as it directly influences the profitability of dairy farms. However, this is a complex characteristic because it is not directly measured, besides being sensitive to several factors such as milk production and linear classification. The objective of this study was to estimate the risk of culling as a function of mammary system traits in Holstein cows in the state of Paraná. For this, 36,228 information of linear classifications were used, referring to the characteristics of the mammary system, belonging to the Paranaense Association of Breeders of Holstein. In the survival analysis performed by the Cox Regression Model, the characteristics anterior udder insertion, teat length, rear teat placement, udder texture, median ligament and udder width were significant ($p < 0.001$). However, the characteristics anterior teat placement, height and udder depth were not significant ($p > 0.001$). The results indicated that cows with weakly inserted udder, extremely long teats, base of teats close to the median ligament, fleshy udder and extremely weak median ligament had the highest risks of culling. It is suggested the choice of cows with extremely inserted, high, and shallow udders, with a soft texture, pleated and elastic, and with a well-marked median ligament, because they will present a lower risk of culling and, consequently, a greater productive longevity.

Keywords: survival analysis, voluntary culling, linear type, selection.



Introdução

A classificação linear é uma ferramenta importante para as tomadas de decisão dentro das propriedades leiteiras por identificar fêmeas com potencial produtivo e reprodutivo por meio das características fenotípicas (Posadas et al., 2004), sendo o composto mamário (CM) o de maior relevância para esta atividade econômica. Kern et al. (2015) estimaram correlações genéticas positivas e moderadas entre algumas características que compõe o CM e a longevidade, e concluíram que vacas Holandesas longevas tendem a apresentar úberes macios, elásticos, bem inseridos e mais rasos. Embora a seleção de vacas longevas seja um dos principais objetivos dos produtores de leite, a longevidade é uma característica complexa tanto por ser mensurada tardiamente na vida das fêmeas, como também por ser influenciada pela produção de leite, idade ao primeiro parto, classificação linear e ocorrência de doenças.

A partir dos escores das características lineares de tipo do composto mamário, o criador tem uma referência para melhor identificar fêmeas mais adequadas para conformação dentro da propriedade leiteira por exemplo e, com isso, as tomadas de decisão deixam de ser empíricas. Dessa forma, o presente estudo tem como objetivo estimar o risco de descarte de vacas Holandesas em função das características lineares do composto mamário usando o modelo de regressão de Cox.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de classificação e controle leiteiro oficial de 36.228 vacas paridas entre 2010 e 2019, pertencentes ao banco de dados da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da raça Holandesa (APCBRH). Foram consideradas todas as características pertencentes ao composto mamário conforme a classificação Canadense (Profundidade de úbere, textura de úbere, ligamento mediano, inserção úbere anterior, colocação tetos anteriores, altura e largura do úbere posterior, colocação de tetos posteriores e comprimento de tetos), e as classes para pontuação final (Fracas (F) – 50 a 64 pontos, regular (R) – 65 a 74 pontos, boa (B) – 75 a 79 pontos, boa para mais (B+) – 80 a 84 pontos, muito boa (MB) – 85 a 89 pontos, e excelente (EX) – 90 a 97 pontos) (Valloto e Ribas Neto, 2012).

A duração da vida produtiva foi definida como o número total de dias entre o primeiro parto e o último dia de controle leiteiro oficial da fêmea (Shabalina et al., 2020). A análise de sobrevivência foi realizada pelo procedimento PHREG do software SAS/STAT 9.4 (SAS Institute, 2018), por meio do modelo de Regressão de Cox apresentado a seguir:

$$\lambda(t) = \lambda_0(t)g(x'\beta)$$

Em que:

t = Variável tempo, $\lambda(t)$ = Taxa de falha, $\lambda_0(t)$ = Componente não paramétrico e g = uma função não negativa, calculada como:

$$g(x'\beta) = \exp\{x'\beta\} = \exp\{\beta_1x_1 + \dots + \beta_px_p\}$$

Em que: β = vetor dos parâmetros associados as covariáveis (Classe da classificação linear e as características do composto mamário). Como fixo foram consideradas as variáveis: rebanho(número), ordem de parto(variação), ano (2010 a 2019) e mês da classificação. Dessa forma, se uma vaca apresenta risco de descarte igual a 2, significa que esse animal apresenta 2 chances a mais em ser descartada do que o animal referência na análise que possui RD igual a 1 (Procedimento do SAS). Na análise foram determinados animais de referência os animais com escore 9 e os classificados como regulares para pontuação final.

Resultados e Discussão

As médias \pm desvios-padrão das características lineares que compõem o composto sistema mamário variaram entre 4,5 (inserção de úbere) e 8,0 (profundidade de úbere) pontuações distantes das consideradas ideais para a raça Holandesa (*True Type* – Valloto e Ribas Neto, 2012), sugerindo que ainda é necessário a escolha por vacas com úberes bem inseridos ao abdômen, extremamente altos, não muito rasos, extremamente macios e preguiados, e com um ligamento mediano bem destacado.

Na Figura 1A pode-se observar que as fêmeas com escore 1 para ligamento mediano apresentaram o maior risco de descarte (RD) (1.533) quando comparadas com o grupo de referência (Escore = 9), indicando que há seleção nas fazendas para essa característica. Já as vacas que apresentaram textura de úbere leve, preguiada e elástica obtiveram o menor risco de descarte (1.000 – Figura 1B). Em relação a

profundidade de úbere, as fêmeas com o úbere extremamente profundo (Figura 1C) e baixo (Figura – 1D) foram as que tiveram o maior RD (1.374 e 1.517, respectivamente).

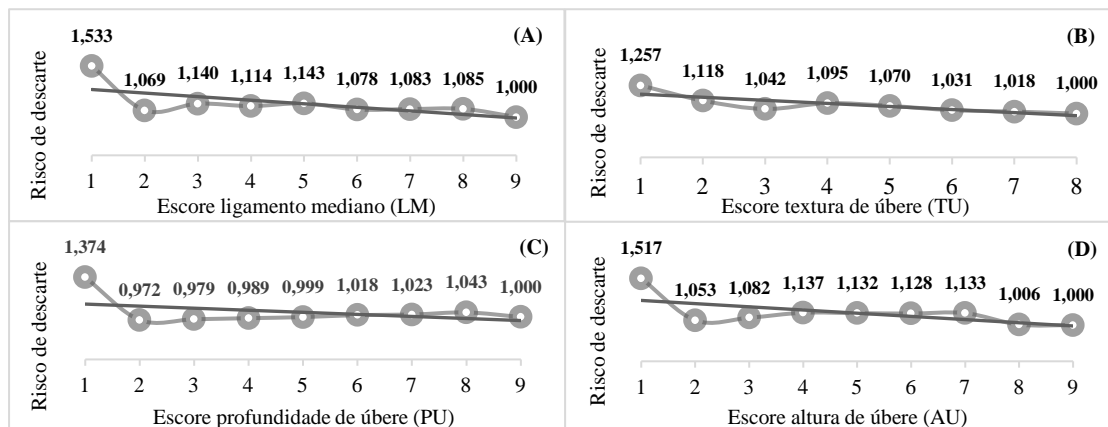


Figura 1: Risco de descarte para as características lineares do composto mamário que apresentam maior ponderação. Animais referência: LM – escore 9, TU – escore 8, PU – escore 9 e AU – escore 9.

As vacas que apresentaram pontuação final entre 50 e 64 pontos (Classe fraca) foram as que apresentaram o maior risco de descarte (2,352), indicando que os produtores têm priorizado fêmeas mais funcionais e harmoniosas (Figura 2), e as que apresentam vários pontos a serem corrigidos são descartadas logo na primeira lactação.

Portanto, com a classificação linear o produtor pode identificar os pontos fortes e fracos do rebanho e não descartar os animais com melhor conformação.

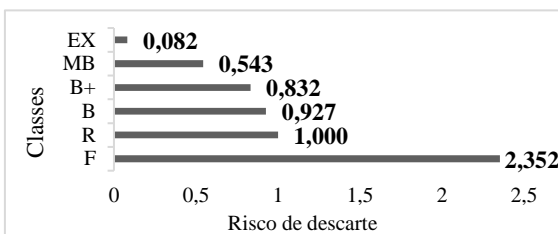


Figura 2: Risco de descarte conforme a pontuação final da classificação para o composto mamário em vacas da raça Holandesa. Animal referência – Regular (R)

Conclusão

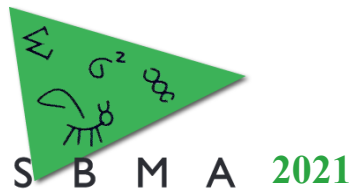
Vacas com úberes altos, com uma distância de 10 cm entre o piso do úbere e as pontas do jarrete, bem macio e pagueado, e com o ligamento mediano bem marcado, apresentaram maior chance de permanecerem por mais tempo no rebanho (além do terceiro parto).

Agradecimentos

A Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa pela concessão dos dados.

Literatura citada

- Kern, E.L., Cobuci, J.A., Costa, C.N., McManus, C.M., Neto, J.B. 2015. Genetic association between longevity and linear type traits of Holstein cows. *Scientia Agricola* 72, 203-209.
- Posadas, M.V., López, F.J.R., Valdenegro, H.H.M. 2004. Estimation of genetic parameters for longevity traits and milk production in Holstein cattle in Mexico. *Interciencia* 29, 52-56.
- SAS Institute Inc. 2018. SAS/SAT® 9.4 *User's Guide*. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Shabalina, T., König, S. 2020. Influence of common health disorders on the length of productive life and stayability in German Holstein cows. *Journal of Dairy Science* 103, 583-596.
- Valloto, A.A., Ribas Neto, P.G. 2012. *Avaliação e conformação da vaca leiteira*. (1ª Edição). Curitiba: SENAR, Paraná.



Utilização do gene *PRDM9* em estudo de diversidade genética de bovinos da raça Sindi

Victoria Camilla Parente Rocha¹, Jackeline Santos Alves², Valdecy Aparecida Rocha Cruz², Gregório Miguel Ferreira de Camargo², Raphael Bernal Costa¹

¹Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Produção Animal, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: victoriacamilla_24@hotmail.com

Resumo: A raça Sindi é caracterizada pelo porte mediano e rusticidade, sendo adaptada às regiões de climas tropicais. Apresenta qualidades de conversão alimentar, fertilidade, dupla aptidão e potencial como material de cruzamentos. Apesar de seus atributos, o rebanho da raça Sindi se encontra reduzido. Portanto, o estudo da diversidade genética desta raça se torna essencial para elaborar estratégias de conservação e/ou melhoramento genético da mesma. Diante disso, o gene *PRDM9* se destaca por especificar locais de recombinação meiótica em todo o genoma de mamíferos, promovendo maior diversidade. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho é estimar a variabilidade genética da raça Sindi, utilizando o gene *PRDM9* como marcador. Para tanto, foi extraído DNA de 88 amostras de bovinos da raça Sindi, destes, 10 amostras foram amplificadas e sequenciadas. As análises de caracterização do gene foram realizadas a partir das sequências e das imagens com o padrão de bandas do *PRDM9*. O estudo identificou variação nos alelos presentes na raça, mostrando que esse gene tem potencial para estudo de diversidade genética a nível de população.

Palavras-chave: conservação, recursos genéticos, variabilidade genética.

Use of *PRDM9* gene in genetic diversity study of Sindhi cattle.

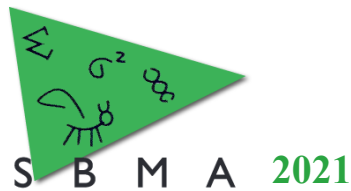
Abstract: The Sindhi breed is characterized by its medium size and rusticity, being adapted to regions with tropical climates. It presents qualities of feed conversion, fertility, dual purpose and potential as a crossing material. Despite its attributes, the herd of the Sindhi race is reduced. Therefore, the study of the genetic diversity of this breed becomes essential to develop strategies for its conservation and/or genetic improvement. Therefore, the *PRDM9* gene stands out for specifying meiotic recombination sites throughout the mammal's genome, promoting greater diversity. In this sense, the objective of this work is to estimate the genetic variability of the Sindhi breed, using the *PRDM9* gene as a marker. For this purpose, DNA was extracted from 88 samples of Sindhi cattle, of which 10 samples were amplified and sequenced. Gene characterization analyzes were performed from the sequences and images with the *PRDM9* band pattern. The study identified variation in the alleles present in the breed, showing that this gene has the potential to study genetic diversity at the population level.

Keywords: conservation, genetic resources, genetic variability,

Introdução

A raça bovina Sindi é oriunda do Paquistão e possui rusticidade e adaptação a climas tropicais. (AbcSindi, 2019). Todavia, a raça possui tamanho efetivo da população reduzido quando comparado a outras raças zebuínas (Santana Jr et al., 2016), o que pode prejudicar a manutenção da variabilidade genética e levar a endogamia. Diante disso, estratégias para aumentar variabilidade genética da raça são importantes.

Nesse contexto, o gene *PRDM9* desempenha um papel importante na recombinação meiótica. O *PRDM9* é determinado pela proteína de dedo de zinco (ZF) que se liga ao DNA e promove ação na determinação de pontos críticos do genoma durante a meiose. Apesar da estrutura proteica do gene ser altamente conservada entre as espécies, a matriz terminal é altamente polimórfica, tanto no número de



dedos de zinco presentes, quanto na identidade dos três aminoácidos em cada dedo que entram em contato com o DNA e que determinam a especificidade de ligação ao DNA do *PRDM9* (Ahlawat et al., 2017). Essa ação confere aumento de variabilidade genética nas espécies ao passo, que uma mudança de aminoácido dentro do dedo de zinco, pode gerar uma nova variante do *PRDM9* com uma nova especificidade de ligação ao DNA. Tendo em vista que a redução de variabilidade genética é um fator preocupante para a conservação e diversidade genética das raças, objetivou-se identificar se existe variação genética entre os bovinos da raça Sindi no Brasil por meio do gene *PRDM9*

Material e Métodos

Um total de 10 animais da raça Sindi (*Bos taurus indicus*) pertencentes a seis fazendas integradas ao Núcleo Nordeste de Criadores de Sindi no Brasil foram utilizados. Foram coletados o bulbo capilar de 25 mg de pelos proveniente da vassoura da cauda. O DNA foi extraído a partir do kit de extração de DNA NucleoSpin® Tissue mediante protocolo do fabricante. Foi utilizado a eletroforese em gel de agarose a 0,8%, sendo as amostras coradas com o corante Sybr Gold e visualizadas em sistema de fotodocumentação, com incidência de iluminação UV. O DNA extraído de dez animais foi utilizado para a amplificação via PCR de um fragmento do gene *PRDM9* utilizando os *primers* (F: ACCTAGATGATTAGTGGGCG e R: GCTGCAGTAATTCTCCTGTGAC) descritos por Ahlawat et al. (2017).

Para a amplificação dos fragmentos desejados, foi utilizada uma solução com um volume final de 25 µL contendo 2,0 µL do DNA (100ng) extraído anteriormente, 9,0 µL da mistura comercial GoTaq Promega, 0,8 µL de cada um dos primers (10 pM) e 12,4 µL de H₂O. A reação de PCR foi submetida ao termociclador Applied Biosystems sob as seguintes condições de amplificação: desnaturação inicial a 95°C por 5 min, seguido por 35 ciclos com temperatura de desnaturação de 95°C por 1min e temperatura de anelamento de 60°C e extensão a 72°C por 1min. Em seguida uma extensão final a 72°C por 8 min. Os resultados da amplificação foram verificados por meio da técnica de eletroforese em gel de agarose a 2%, identificando assim os animais homocigotos e heterocigotos. Em seguida, o produto de amplificação dos homocigotos foram purificados utilizando polietilenoglicol (PEG) 20% e posteriormente sequenciados utilizando um kit de sequenciamento BigDye v3.1 (Applied Biosystems) e um sequenciador de DNA ABI 3130 (Applied Biosystems) de acordo com o manual do fabricante.

A identificação dos alelos e genótipos presente na população estudada foi realizada a partir da verificação do padrão de bandas do gene *PRDM9* nas imagens dos géis. Os alelos foram identificados e comparados aos que foram descritos por Ahlawat et al. (2017).

As sequências obtidas foram editadas utilizando o programa Bioedit v.7.0.5 e posteriormente, foram alinhadas utilizando o algoritmo ClustalW Multiple alignment. As sequências obtidas foram analisadas e comparadas com as sequências depositadas no GenBank por Ahlawat et al. (2017) usando MEGA v.7.0.14

Resultados e Discussão

A análise do padrão de bandas do gene *PRDM9* de dez animais da raça Sindi permitiu determinar a variabilidade desta raça. Destes dez, identificamos seis indivíduos como homocigotos (AA, BB e CC) e quatro como heterocigotos (AC, BC e CD) (Figura 1).

Os quatro alelos (A, B, C e D) do gene *PRDM9* em bovinos detectados por Ahlawat et al. (2017) foram observados na raça Sindi. O genótipo homocigoto DD não foi encontrado na raça Sindi, corroborando com os resultados de Ahlawat et al. (2017), onde não foi verificado esse genótipo em 280 amostras das raças bovinas indianas. No entanto, foi identificado o genótipo CD em dois animais Sindi, genótipo este não identificado em nenhuma das amostras identificadas por Ahlawat et al. (2017). A presença do genótipo CD pode conferir maior taxa de recombinação e variabilidade para o gene dessa raça.

O genótipo CC, bastante presente nas raças indianas (Ahlawat et al., 2017), também foi encontrado no nosso trabalho, indicando considerável presença deste alelo em raças *Bos indicus*. Esses resultados são promissores e são os primeiros na literatura científica que utiliza o gene *PRDM9* em estudo de diversidade com a raça Sindi. Resultados preliminares obtidos para raça Sindi mostram um indicativo

de uma boa diversidade genética na raça, permitindo utilizá-lo como base para o andamento do estudo com mais animais empregando o gene *PRDM9* em estudo de diversidade com a raça Sindi.

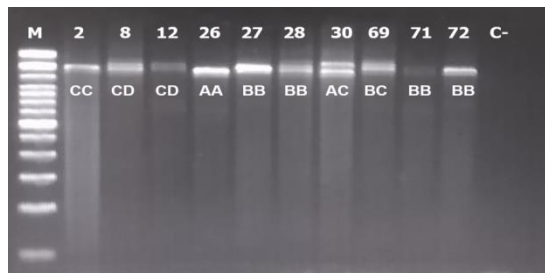


Figura 1. Fotodocumentação e caracterização genotípica dos indivíduos da raça Sindi.

Conclusão

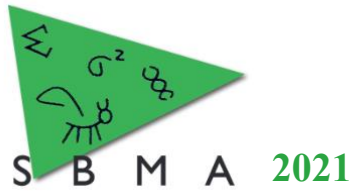
Na raça Sindi detectou-se diversidade genotípica do gene *PRDM9*. Tal fato possibilitará que indivíduos com diferentes genótipos sejam utilizados em acasalamentos direcionados a favorecer uma maior taxa de recombinação e conseqüentemente aumento da diversidade genética. Desta forma, estratégias de conservação e utilização da raça podem ser desenvolvidas baseadas no presente estudo.

Agradecimentos

Essa pesquisa foi apoiada pelo Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia [bolsa CNPq nº 126642 / 2020-6].

Literatura citada

- Abc Sindi. 2007. **A Raça Sindi no Brasil**. Disponível em: < <http://www.sindi.org.br/Novo/>>. Acesso em: Novembro de 2019.
- Ahlawat, S.; De, S.; Sharma, P.; Sharma, R.; Arora, R.; Kataria, R.S.; Datta, T.K & Singh, R.K. 2017. Evolutionary dynamics of meiotic recombination hotspots regulator *PRDM9* in bovinds. **Molecular genetics and genomics**, 292,117-131.
- Barros, R. R. O. 2014. **Eficiência reprodutiva e produção de leite em zebuínos da raça Sindi**. Seropédica: UFRRJ, 36 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). Instituto de Zootecnia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2014.
- Faostat. 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture; Rome, Italy. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: novembro de 2020.
- Santana JR, M. L.; Pereira, A. B.; Bignardi, D. R; Ayres, G. R. O.; Menezes, L. O. C.; Silva, G.; Leroy, C.H.C; Machado, L. A.; Josahkian, L.G & Albuquerque. 2016. Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. **Livestock Science**, 187, 6-1



Association study between copy number variants and stillbirth in Holstein cattle

Hinayah R. Oliveira^{1,*}, Tatiane C. S. Chud¹, Gerson A. Oliveira Junior¹, Saranya G. Narayana¹, Lucas Alcantara¹, Kerry Houlahan¹, Christine F. Baes^{1,2}, Flavio S. Schenkel¹

¹Centre for Genetic Improvement of Livestock, Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.

²Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland.

*Autor correspondente: holivier@uoguelph.ca

Abstract: Stillbirth is an ethically and economically important trait in several production systems. Copy number variants (CNV) may contribute to reduce the frequency of stillbirths in dairy cattle. Therefore, association analyses of high-confidence CNV regions with stillbirth traits were carried out in this study. Four stillbirth traits were evaluated: stillbirth measured in heifers (CSh), cows (CSc), and bulls (when mated with either heifers or cows; SCSH and SCSc, respectively). A total of six CNV regions were significant for CSh, two for CSc, four for SCSH, and three for SCSc. Moreover, the majority of significant CNV regions were deletions. Among the candidate genes identified, *ORC6*, *CTBP1*, and *CDTI* genes seem to play an important role in the incidence of stillbirths in Holsteins.

Key-words: abortion, CNV, dairy cattle, GWAS, mortality

Estudo de associação entre variações de número de cópias e natimortos em gado Holandês

Resumo: O nascimento de natimortos é uma característica de importância ética e econômica em vários sistemas de produção. Variações no número de cópias (CNV) podem contribuir para reduzir a frequência de natimortos em gado leiteiro. Análises de associação de natimortos com regiões de CNV de alta confiabilidade foram realizadas neste estudo. Quatro diferentes características foram avaliadas: natimortos medidos em novilhas (CSh), vacas (CSc) e touros (quando acasalados com novilhas ou vacas; SCSH e SCSc, respectivamente). Um total de seis regiões de CNV foram significativas para CSh, duas para CSc, quatro para SCSH e três para SCSc. Além disso, a maioria das regiões de CNV significativas foram deleções. Entre os genes candidatos identificados, os genes *ORC6*, *CTBP1* e *CDTI* parecem desempenhar um papel importante na incidência de natimortos na raça Holandesa.

Palavras-chave: aborto, CNV, gado de leite, GWAS, mortalidade

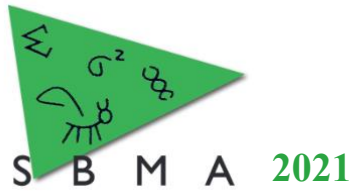
Introduction

Stillbirth is an ethically and economically important trait in several production systems. In dairy cattle, stillbirths are usually defined as calves that are either born dead or die within the first 24 hours. Stillbirths do not include abortions, as they comprise only calves that are considered full-terms, i.e., when they are born after 260 days of gestation. Reducing the frequency of stillbirths in dairy farms is crucial, as stillbirth parturitions have a negative impact on cows' milk production, fertility, and welfare. Genetic and genomic evaluations are currently performed to reduce the incidence of stillbirth in several countries. However, the estimated low heritabilities (0.01 to 0.07; Oliveira Jr. et al., 2021) and the lack of major candidate genes controlling this trait (e.g., Olsen et al., 2010) have hampered its genetic progress.

Copy number variants (CNV) may contribute to reduce the frequency of stillbirths in dairy cattle. CNV are variations in the number of DNA segments (e.g., deletions or duplications) that can affect gene structure and function by changing coding sequences and regulatory elements (Zhang et al., 2021). In humans, CNV have been shown to be related to several pathogenetic mechanisms underlying genetic disorders, including stillbirths (e.g., Zhang et al., 2021). However, to our best knowledge, there is still a lack of studies reporting the impact of CNV on dairy cattle stillbirths. Therefore, the goal of this study was to perform genome-wide association analysis between CNV and stillbirth using Canadian Holstein data.

Material e Methods

A total of 5,211 animals were genotyped using a medium-density panel (GGP Bovine 95K), and the corresponding intensity signal files were used for CNV detection in the PennCNV software. A complete



description of CNV detection and characterization performed in this population are reported in Oliveira et al. (2021). CNV were also identified using sequence data of 23 Holstein cows, following the pipeline currently recommended by the 1000 Bull Genomes Project (<http://www.1000bullgenomes.com>). Neighboring CNV (less than 1Mb apart) within each identification approach were combined to create CNV regions (CNVRs). CNVRs from the medium-density panel that showed at least a 5% overlap with CNVRs identified using sequence data were assumed as high-confidence CNVRs.

Deregressed estimated breeding values (dEBV) for stillbirth measured in heifers (CSh), cows (CSc), and bulls (when mated with either heifers or cows; SCSh and SCSc, respectively) were retrieved from the official April 2020 routine genetic evaluation performed by Lactanet (Guelph, Canada). The dEBV of animals included in the genetic evaluation were used to derive dEBV for animals with CNVR identified, by using a pedigree index. A total of 1,976; 1,962; 1,978; and 1,976 animals had both dEBV and CNV data for CSh, CSc, SCSh, and SCSc, respectively, and were used in the association analyses. The association analyses between CNVRs and stillbirth traits were performed using a linear regression, following the pipeline reported by Lin et al. (2013). Only high-confidence CNVR identified in at least 1% of phenotyped animals (i.e., 20 animals) were included in the association analysis. Adjustment for multiple testing was performed using the false discovery rate (FDR) method.

The CNVRs that were significant at 5% FDR were further investigated. Positional candidate genes located close to the associated regions ($\pm 500\text{Kb}$) were retrieved from the Ensembl Gene Database using the Ensembl Biomart tool. The NetworkAnalyst web server was used for construction of the gene networks. Candidate genes were identified based on degree and betweenness centrality used in the networks. Biological pathways from the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) were used to validate the candidate genes found.

Results and Discussion

A total of 47 high-confidence CNVRs were used for the association analysis. Of these, six were significant for CSh, two for CSc, four for SCSh, and three for SCSc. A total of four CNVRs were significant for more than one trait (i.e., CNVR_11, CNVR_22, CNVR_41, and CNVR_42), and the majority of the significant CNVRs were deletions (only CNVR_19 and CNVR_29 were duplications). A description of the significant CNVRs identified for each trait is presented in Table 1.

Table 1. Copy number variant regions (CNVRs) associated with the stillbirth traits.

¹ Trait	CNVRs	² State	Chromosome	Start (Kb)	End (Kb)	³ P-value
CSh	CNVR_22	DEL	14	398,877	2,625,352	0.007
	CNVR_29	DUP	18	12,313,214	17,009,714	0.003
	CNVR_34	DEL	20	70,496,746	71,971,476	0.031
	CNVR_39	DEL	22	52,575	212,526	0.026
	CNVR_42	DEL	25	38,939,113	42,321,155	0.000
	CNVR_43	DEL	26	49,529,378	51,990,348	0.026
CSc	CNVR_23	DEL	14	6,912,869	14,196,101	0.001
	CNVR_42	DEL	25	38,939,113	42,321,155	0.001
SCSh	CNVR_11	DEL	6	113,322,800	117,792,640	0.003
	CNVR_22	DEL	14	398,877	2,625,352	0.003
	CNVR_27	DEL	16	42,746,732	51,464,253	0.003
	CNVR_41	DEL	25	31,475	2,596,671	0.003
SCSc	CNVR_11	DEL	6	113,322,800	117,792,640	0.015
	CNVR_19	DUP	12	67,801,611	74,113,355	0.013
	CNVR_41	DEL	25	31,475	2,596,671	0.015

¹Traits: stillbirth measured in heifers (CSh), cows (CSc), and bulls (when mated with either heifers or cows; SCSh and SCSc, respectively). ²State: single deletion (DEL) or duplication (DUP). ³P-value of significant associations at 5% FDR.

A total of 287 positional candidate genes were retrieved from Ensembl. Of these, 27 candidate genes were included in the most enriched network associated with stillbirth (Figure 1). Among them, *ORC6*,

CTBP1, and *CDT1* have been previously associated with intrauterine and prenatal growth restriction in humans (Yates et al., 2017). Specifically regarding *ORC6*, this gene seems to play an important functional role during replication, which might explain its association with stillbirth in this study. The most significant KEGG pathways were related to neuroactive ligand-receptor interaction, cancer and melanogenesis.

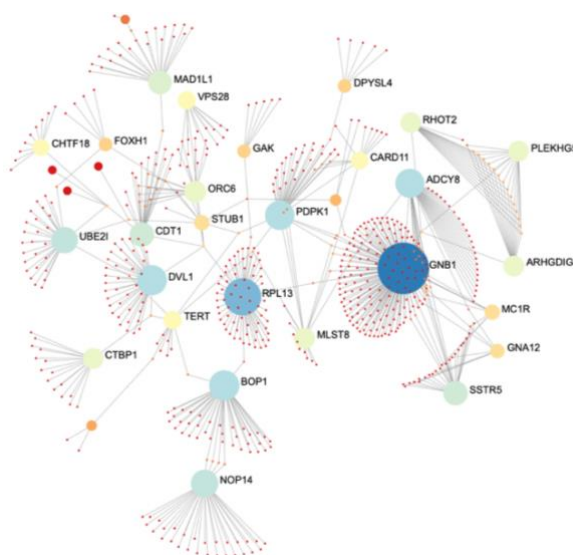


Figure 1. Most enriched gene network associated with stillbirth.

Conclusion

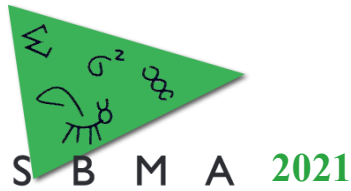
Various copy number variant regions were identified to be associated with stillbirth in this study. Among the candidate genes identified, *ORC6*, *CTBP1*, and *CDT1* genes seem to play an important role in the incidence of stillbirths in Canadian Holsteins. Further studies to validate our findings are warranted.

Acknowledgment

The authors thank the funding and support from all partners within the Resilient Dairy Genome Project, administered through Genome Canada and Genome Alberta. The authors also thank the financial support provided in main part by Agriculture and Agri-Food Canada, and by additional contributions from Dairy Farmers of Canada, the Canadian Dairy Network, and the Canadian Dairy Commission under the Agri-Science Clusters Initiative. The financial support provided by Mitacs is also recognized here.

Cited literature

- Lin, C., Naj A.C. & Wang L. 2013. Analyzing copy number variation using SNP array data: protocols for calling CNV and association tests. **Current Protocols in Human Genetics**, 79(1).
- Oliveira Jr. G., Schenkel F., Alcantara L., Houlihan K., Lynch C. & Baes C. 2021. Estimated genetic parameters for all genetically evaluated traits in Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, 104(1).
- Oliveira, H.R. Chud T.C.S., Oliveira Jr. G.A., Baes C.F. & Schenkel F.S. 2021. Characterization of copy number variants identified in Canadian Holstein dairy cattle using genotype array data. In: American Dairy Science Association (ADSA) meeting, 2021, virtual.
- Olsen, H., Hayes B., Kent M., Nome T., Svendsen M. & Lien S. 2010. A genome wide association study for QTL affecting direct and maternal effects of stillbirth and dystocia in cattle. **Animal Genetics**, 41(3).
- Yates, C.L., Monaghan K.G., Copenheaver D., Retterer K., Scuffins J., Kucera C.R., Friedman B., Richard G. & Juusola J. 2017. Whole-exome sequencing on deceased fetuses with ultrasound anomalies: expanding our knowledge of genetic disease during fetal development. **Genetics in Medicine**, 19(10).
- Zhang X., Huang Q., Yu Z. & Wu H. 2021. Copy number variations characterization and possible candidate genes in miscarriage and stillbirth by next-generation sequencing analysis. **The Journal of Gene Medicine**, 3383.



Influência de fatores não genéticos sobre a mortalidade perinatal de crias de vacas e novilhas puras e com alta porcentagem da raça Lucerna

Alejandra Álvarez Múnera¹, Maira Alejandra Mejía Sanchez¹, Natalia Andrea Marín-Garzón², Luis Gabriel González-Herrera^{1,3}

¹Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil

³Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM)

*Autor correspondente: luggonzalezhe@unal.edu.co

Resumo: O objetivo deste estudo, foi avaliar a influência de fatores não genéticos sobre a mortalidade perinatal em vacas e novilhas da raça Lucerna, como primeiro passo para estabelecer um programa de avaliação genética para essa característica. Foram analisadas informações de mortalidade perinatal de vacas da raça Lucerna e cruzadas com raça Holandesa pertencentes a duas fazendas. Os dados foram coletados entre os anos 2000 e 2019. Análises de ji quadrado e de regressão logística foram conduzidos para identificação de fatores não genéticos com influência sobre a mortalidade perinatal. A taxa de mortalidade perinatal foi de 1.62. Os efeitos significativos indicados pelas análises de ji quadrado e regressão logística foram o ano de parto, sexo do bezerro e fazenda. Não foi evidenciada tendência de aumento da mortalidade perinatal com o aumento da ordem de parto nem ao longo dos anos. A época de parto que conduz a menor mortalidade perinatal foi a época A (a mais seca do ano). Estes efeitos podem ser incluídos no modelo animal, com o intuito de estimar parâmetros genéticos para mortalidade perinatal na raça Lucerna e os cruzes com a raça Holandesa.

Palavras-chave: raça crioula, ji quadrado, regressão logística

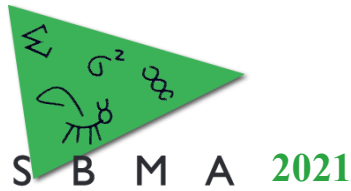
Influence of nongenetic factors on perinatal mortality of calves from purebred and high percentage Lucerna cows and heifers

Abstract: The aim of this study was to evaluate the influence of non-genetic factors on perinatal mortality in Lucerna cows and heifers, as a first step to establish a genetic evaluation program for these traits. Information on perinatal mortality of Lucerna cows and Holstein crosses from belonging to two herds were analyzed. Data were collected between 2000 and 2019. Chi-square and logistic regression analyzes were conducted to identify non-genetic factors influencing perinatal mortality. The perinatal mortality rate in was 1.62. The significant effects indicated by the chi-square analyzes and logistic regression were the calving year, calf sex and farm. There was no evidence of a trend towards an increase in perinatal mortality with an increase in the order of birth or over the years. The calving season that leads to the lowest perinatal mortality was season A (the driest of the year). These effects can be included in the animal model, in order to estimate genetic parameters for perinatal mortality in the Lucerna breed and crosses with the Holstein breed.

Keywords: creole breed, chi-square, logistic regression

Introdução

O desempenho reprodutivo das fêmeas é um dos principais determinantes da lucratividade dos sistemas de produção de leite (Johanson et al., 2011). Diversas características indicadoras da eficiência reprodutiva hoje são incluídas nos programas de melhoramento animal, especialmente de raças especializadas como a Holandesa (Sigdel, Bisnotto & Peñagaricano, 2020). Porém, a perda do bezerro em diferentes períodos ainda não é considerada na maioria dos programas de seleção. A mortalidade de bezerras antes, durante e nas primeiras horas após o parto, representam grandes perdas econômicas ao sistema de produção, uma vez diminui do número de fêmeas potenciais para reposição, eleva o custo de produção e compromete o bem estar animal, tanto das fêmeas quanto dos bezerras (Johanson et al., 2011). Adicionalmente a perda da prenhez (aborto) leva ao aumento do intervalo entre partos, menor produção de leite e abatimento prematuro das fêmeas (Sigdel, Bisnotto & Peñagaricano, 2020). Embora a mortalidade



de bezerros seja influenciada por fatores inatos do bezerro, é um importante indicador de baixa eficiência reprodutiva das fêmeas (Bamber et al., 2009).

A raça Lucerna (raça crioula da Colômbia) é destacada por apresentar bons desempenhos em produção de leite especialmente em regiões abaixo de 1,800 m.s.n.m., onde as condições de produção são adversas quanto à humidade, radiação, baixa qualidade das pastagens e incidência de doenças causadas por ectoparasitas (Lopez Martínez, Quijano Bernal & González Herrera, 2019). Existem programas de melhoramento genético orientados à produção de leite nessa raça, mas outras características de relevância econômica, como a perda do bezerro em diferentes períodos, poderia ser considerada como potencial objetivo de seleção, sempre que houver variabilidade genética. O objetivo deste estudo, foi avaliar a influência de fatores não genéticos sobre a mortalidade perinatal em vacas e novilhas da raça Lucerna, como primeiro passo para estabelecer um programa de avaliação genética para essas características.

Material e Métodos

Foram avaliadas informações fenotípicas de um total de 17.823 partos de vacas da raça Lucerna pertencentes a duas fazendas localizadas na região do Valle del Cauca-Colômbia, nascidas entre 1974 e 2019. A característica avaliada foi mortalidade perinatal de bezerros (MP), considerada como característica da vaca. A mortalidade perinatal foi considerada como a mortalidade de bezerros ocorrida durante o parto (natimortos) e após as primeiras 48 horas de vida (Johanson et al., 2011). O fenótipo para MP foi criado atribuindo um valor de “1” para partos onde ocorreu a morte dos bezerros no período descrito e classificados como “natimorto” ou “nasceu e morreu” no registro das fazendas, e “2” para aqueles que sobreviveram o período. Foram eliminadas informações incompletas e que apresentaram valores extremos. Foram mantidos partos com informações completas e consistentes para as variáveis ano e mês de nascimento, idade da vaca ao parto, fazenda, número de parto (novilhas e múltiparas), produção de leite, duração da lactação, e sexo da cria. Inicialmente, a influência dos fatores não genéticos sobre as características IA e MP foi investigada a través de teste estatístico de ji quadrado (χ^2) de maneira separada, no software R através do ambiente de desenvolvimento integrado Rstudio, com o intuito de conhecer o efeito dos fatores de número de parto (NP), ano de parto (AP), época de parto (EP), sexo do bezerro (S) e fazenda (F) sobre a MP. Posteriormente foi utilizado uma análise de regressão logística para verificar os resultados do teste de χ^2 quando todos os fatores são considerados no mesmo modelo. As EP foram conformadas pelos meses de janeiro, fevereiro e março (EP1), abril, maio e junho (ep2), julho, agosto e setembro (EP3) e outubro, novembro e dezembro (EP4). Foram consideradas ordens de parição da 1 a 8.

Resultados e Discussão

A taxa de mortalidade perinatal (MP) geral foi de 1.62%. De acordo com o ano de parição, a MP variou 0.18% (ano 2000) e 10.12% (ano 2005), sem existência de algum padrão de aumento ou diminuição da MP ao longo dos anos estudados, mas com diferença significativa pelo teste de χ^2 ($p < 0.001$). A MP de acordo com o sexo da cria apresentou diferenças significativas ($p < 0.001$), sendo de 1.90% para machos e de 1.31% para fêmeas. Pelo efeito de fazenda, também foram verificadas diferenças significativas ($p < 0.001$), com maior incidência na fazenda B (3.25%) que na fazenda A (0.55%). Os únicos fatores que não apresentaram influência pelo teste de χ^2 sobre a MP foi o número de parto e a época de parto. A MP para o fator de NP variou entre 1.38% (NP7) e 2.17% (NP6), enquanto para o fator de EP variou entre 1.30% (época mais seca do ano) e 1.34% (época mais chuvosa do ano).

A análise de regressão logístico (Tabela 2) confirmou os resultados encontrados pela análise de χ^2 . O resultado mais relevante encontrado com esta análise indica que a EP significativa e que apresenta menor probabilidade de MP foi a mais seca do ano, indicando que quando a vaca apresenta o parto no começo do ano, vai experimentar condições de manejo, ambientais, entre outras, que vão favorecer a sobrevivência do bezerro após a parição da vaca; entre tanto, o AP que incluído na análise de regressão logística como covariável, indica que existe influência do AP sobre a MP, mas sem a existência de uma tendência positiva ou negativa ao longo dos anos sobre esta característica.

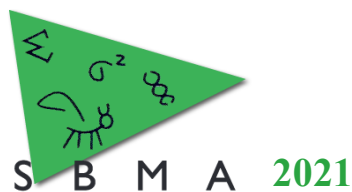


Tabela 2. Resultados da análise de regressão logística.

Fator	Valor p	I.C. 95%
NP2	0.067	-0.684 ; 0.018
NP3	0.125	-0.865 ; 0.084
NP4	0.109	-0.706 ; 0.062
NP5	0.096	-0.802 ; 0.052
NP6	0.828	-0.531 ; 0.394
NP7	0.090	-1.205 ; 0.044
NP8	0.770	-0.767 ; 0.494
AP	<0.001	0.106 ; 0.136
S (M)	0.001	0.159 ; 0.649
H (B)	< 0.001	0.664 ; 1.293
EP2	0.558	-0.424 ; 0.226
EP3	0.367	-0.473 ; 0.173
EP4	0.026	-0.743 ; -0.051

NP: número de parto, AP: ano de parto, EP: época de parto, S: sexo da cria

Conclusão

Os efeitos de AP, F e S, podem ser incluídos como efeitos fixos no modelo animal, na tentativa de estimar parâmetros genéticos para a característica de mortalidade perinatal.

Agradecimentos

Os autores agradecem a disponibilidade das informações aos criadores da raça Lucerna.

Literatura citada

- Bamber R.L., Shook G.E., Wiltbank M.C., Santos J.E.P. & Fricke P.M. 2009. Genetic parameters for anovulation and pregnancy loss in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 92, 5739-5753.
- Johanson J.M., Berger P.J., Tsuruta S. & Misztal I. 2011. A Bayesian threshold-linear model evaluation of perinatal mortality, dystocia, birth weight and gestation length in a Holstein herd. **Journal of Dairy Science**, 94, 45-460.
- López Martínez J.L., Quijano Bernal J.H. & González Herrera L.G. 2019. Estimation of genetics parameters for test day and 305 day milk yield in first lactations of Lucerna cows. **Livestock Research for Rural Development**, 31(179) .
- Sigdel A, Bisinotto R.S. & Peñagaricano F. 2020. Genes and Pathways associated with pregnancy loss in dairy cattle. **Scientific Reports**, 11(13329).

Caprinos e Ovinos





Meta-análise de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos

Bruno Delphino Medrado^{1,3}, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Universidade Estadual De Ponta Grossa.

³Instituto Federal Baiano Campus Santa Inês

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Este estudo propôs uma meta-análise para estimar herdabilidade e correlações genéticas para nove características ligadas ao crescimento de ovinos. O trabalho utilizou 164 estimativas de herdabilidade e 191 correlações genéticas. Foi utilizada a metodologia com efeitos aleatórios, que contabiliza a variabilidade entre artigos. A meta-análise estimou herdabilidades variando de 0,1213 (ganho diário pós-desmame) a 0,3912 (peso vivo aos 18 meses), enquanto as correlações genéticas entre as diversas características de crescimento foram positivas e variaram entre 0,3822 (entre os ganhos médios pré e pós-desmama) a 0,9665 (Peso vivo a desmama x ganho médio pré-desmama). Os parâmetros genéticos estimados podem ser utilizados em programas de melhoramento nas mais diversificadas condições ambientais, visto que foram obtidos através de diversos estudos em diferentes situações. Assim, esses resultados podem subsidiar o desenvolvimento inicial de programas de melhoramento genético de ovinos.

Palavras-chave: cordeiros, correlação genética, herdabilidade, seleção

Meta-analysis of genetic parameters for growth traits in sheep

Abstract: This study aimed to carry out a meta-analysis to estimate both heritability and genetic correlations for nine growth-related traits in sheep. 164 estimates of heritability and 191 genetic correlations were used in the meta-analysis with a random model effect, which accounts for the variability between articles. The meta-analysis estimated heritability ranging from 0.1213 (post-weaning weight gain) to 0.3912 (body weight at 18 months), while the genetic correlations were positive and ranging from 0.3822 (between pre- and post-weaning weight gains) to 0.9665 (weaning weight x pre-weaning weight gain). The genetic parameters estimated in this study can be used in breeding programs under the most diversified environmental conditions, as they were obtained through several studies in different situations. Thus, these results can support the development of genetic improvement programs with sheep, especially in developing and underdeveloped countries, where sheep farming is an important agricultural activity.

Keywords: genetic correlation, heritability, lamb, ovine, selection

Introdução

Características ligadas ao crescimento são importantíssimas, pois aumentando a taxa de crescimento dos animais consegue-se alcançar o peso desejado em menor tempo. A garantia de melhores resultados na ovinocultura passa por animais mais pesados ao desmame e com maior ganho de peso no pós-desmame (Mohammadi et al., 2015). O conhecimento dos parâmetros genéticos para o peso dos cordeiros em várias idades e as relações genéticas entre essas pesagens são de extrema importância para a eficiência da atividade (Kamjoo et al., 2014). Vários artigos foram publicados com estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos, entretanto, há uma variabilidade significativa entre os diferentes estudos, dificultando o uso dessas estimativas em programas em fase de implementação. Uma meta-análise com efeitos aleatórios pode resolver o problema da heterogeneidade entre os artigos e estimar parâmetros genéticos confiáveis, através da combinação dos parâmetros encontrados nos diversos estudos (Akanno et al., 2013). Portanto, o presente estudo teve como objetivo realizar uma meta-análise com um modelo de efeito aleatório, para combinar diferentes estimativas de herdabilidade e correlações genéticas publicadas para características de crescimento em ovinos.



Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática da literatura para identificar estimativa de parâmetros genéticos para peso corporal de ovinos ao nascimento, ao desmame e aos 4, 6, 9, 12 e 18 meses de idade. Na meta-análise para peso ao desmame foram utilizados apenas artigos com desmame aos 90 dias de idade. Além disso, foi registrado o ganho de peso médio diário pré e pós-desmame. A meta-análise foi realizada para herdabilidade direta e correlações genéticas. O erro-padrão relativo (EPR) foi utilizado para assegurar a qualidade da meta-análise quanto ao número mínimo de artigo necessário para gerar uma estimativa confiável. A heterogeneidade entre os artigos foi avaliada através do teste proposto por Higgins et al. (2003). O teste de Shapiro-Wilk foi utilizado para verificar se a distribuição das estimativas se assemelha a uma Normal, e quando este teste apresentou um $P < 0,05$ foi gerado um diagrama de caixa e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada.

A meta-análise foi realizada usando o pacote meta do programa R, que usou o modelo de efeitos aleatórios para cada característica, demonstrado por $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j, $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, u_j é o componente entre os estudos do desvio da média, com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, a quantidade de heterogeneidade entre os estudos é representada pelo τ^2 , enquanto e_j é o componente de desvio da média dentro de cada artigo j, com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. O efeito combinado dos estudos foi calculado usando a seguinte equação: $\bar{\theta} = \frac{(\sum_{k=1}^k w_j \hat{\theta}_j)}{\sum_{k=1}^k w_j}$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j, $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, e w_j é o peso do efeito de cada artigo.

Resultados e Discussão

O número de artigos utilizados foi adequado para a estimação das médias ponderadas, haja visto o EPR abaixo de 25% demonstrado nas tabelas 1 e 2. As características de crescimento mostraram herdabilidade baixa a moderada (Tabela 1), o que sugere que os esquemas de seleção irão melhorar o crescimento dos ovinos em longo ou médio prazo. As herdabilidades estimadas para características de peso corporal aumentaram do nascimento até a idade adulta, o que pode ser devido a influência do efeito materno em idades mais precoces. Já as correlações genéticas apresentaram valores positivos e elevados (Tabela 2), exceto para a correlação genética entre os ganhos médios diários pré e pós-desmame. Nota-se que as correlações genéticas foram maiores para idades adjacentes, com valores mais altos nas idades mais avançadas. Por exemplo, a correlação de PVN com PVD foi 0,56, enquanto PV9 x PV12 (0,84).

Tabela 1. Número de artigos utilizados (n), herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (EPR %).

Característica	n	h^2	IC 95%	I^2 %	EPR %
Peso vivo ao nascer	34	0,1651	0,1397 - 0,1906	86,7	8,70
Peso vivo ao desmame	21	0,1513	0,1179 - 0,1846	84,8	10,00
Peso vivo aos 4 meses	11	0,1766	0,1408 - 0,2123	58,0	13,24
Peso vivo aos 6 meses	26	0,1951	0,1588 - 0,2315	76	7,17
Peso vivo aos 9 meses	15	0,1667	0,1362 - 0,1973	0	7,61
Peso vivo aos 12 meses	26	0,2403	0,2013 - 0,2793	72,5	8,38
Peso vivo aos 18 meses	5	0,3912	0,3362 - 0,4462	20,7	8,97
Ganho diário pré-desmame	14	0,1557	0,1080 - 0,2033	85,1	15,17
Ganho diário pós-desmame	12	0,1213	0,0838 - 0,1589	59,2	15,40

Com base apenas nas estimativas de herdabilidade encontradas nesta meta-análise, a seleção para crescimento de ovinos teria maiores ganhos anuais se os pesos aos 12 ou 18 meses fossem utilizados nos esquemas de seleção. Contudo, pesos nestas idades tardias gerariam aumentos no intervalo de geração. Assim, considerando as idades mais precoces, sugere-se o peso aos 6 meses como critério de seleção para aprimorar pesos de ovinos, pois tem herdabilidade próxima de 0,2 e forte correlação com outras variáveis de crescimento aqui analisadas.

Tabela 2. Número de artigos (n), correlações genéticas (r_g), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios erro-padrão relativo (EPR%).

Características	n	r_g	IC 95%	I^2 %	EPR %
PVN x PVD	21	0,5669	0,4179 - 0,7159	94,5	8,02
PVN x PV4	5	0,5485	0,5196 - 0,5775	64,9	4,13
PVN x PV6	14	0,5303	0,3958 - 0,6647	85,2	11,24
PVN x PV9	10	0,4538	0,2486 - 0,6591	91,2	16,82
PVN x PV12	15	0,4979	0,3918 - 0,6040	81,8	10,85
PVD x PV6	13	0,9009	0,8551 - 0,9467	62,5	2,93
PVD x PV9	9	0,6742	0,5619 - 0,7864	71,2	9,23
PVD x PV12	13	0,7093	0,6137 - 0,8050	76,3	7,16
PV6 x PV9	9	0,8508	0,7735 - 0,9282	82,2	8,62
PV6 x PV12	10	0,7970	0,6919 - 0,9021	87,4	7,64
PV9 x PV12	9	0,8466	0,7726 - 0,9207	91,0	8,48
PVN x pré-GMD	11	0,4343	0,3046 - 0,5639	39,4	15,74
PVD x pré-GMD	11	0,9665	0,9367 - 0,9963	73,5	7,40
PVD x pós-GMD	8	0,4171	0,2494 - 0,5847	76,4	22,92
PV6 x pré-GMD	8	0,7241	0,5921 - 0,8561	59,7	11,85
PV6 x pós-GMD	7	0,5960	0,3858 - 0,8062	88,9	16,32
PV9 x pré-GMD	3	0,6530	0,4412 - 0,8648	60,7	20,38
PV12 x pré-GMD	4	0,6054	0,4054 - 0,8055	67,4	19,91
PV12 x pós-GMD	3	0,7949	0,6710 - 0,9188	93,8	7,33
pré-GMD x pós-GMD	8	0,3822	0,2400 - 0,5244	50,9	22,62

PVN: peso vivo ao nascer; PVD: peso vivo ao desmame; PV4: peso vivo aos 4 meses; PV6: peso vivo aos 6 meses; PV9: peso vivo aos 9 meses; PV12: peso vivo aos 12 meses; pré-GMD: ganho diário pré desmame; pós-GMD: ganho diário pós desmame

Conclusão

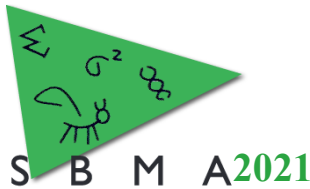
Foi possível encontrar estimativas confiáveis de herdabilidade e correlações genéticas para diversos critérios de seleção relacionados ao objetivo de melhorar o crescimento por meio de meta-análise em modelo aleatório. Os parâmetros aqui estimados podem ser usados sob diferentes condições de manejo, clima, raças e modelos, principalmente em programas em fase inicial de implementação, tendo em vista a grande diversificação dos artigos utilizados para sua estimação.

Agradecimentos

Ao Instituto Federal Baiano campus Santa Inês e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal nos Trópicos da Universidade Federal da Bahia.

Literatura citada

- Akanno, E.C., Schenkel, F.S., Quinton, V.M., Friendship, R.M., Robinson, J.A.B. 2013. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth, and carcass traits of pigs in the tropics. **Livestock Science**, 152, 101–113. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.07.021>.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G. 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. **British Medical Journal**, 327, 557–560. <https://doi.org/10.1136/bmj.327.7414.557>.
- Kamjoo, B., Baneh, H., Yousefi, V., Mandal, A., Rahimi, G. 2014. Genetic parameter estimates for growth traits in Iran-Black sheep. **Journal of Applied Animal Research**, 42, 79–88. <https://doi.org/10.1080/09712119.2013.822806>.
- Mohammadi, K., Abdollahi-Arpanahi, R., Amraei, F., Mohamadi, E.M., RASHIDI, A. 2015. Genetic parameter estimates for growth and reproductive traits in Lori sheep. **Small Ruminant Research**, 131, 35–42.



Meta-análise de parâmetros genéticos para características reprodutivas em ovinos

Bruno Delphino Medrado^{1,3}, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Universidade Estadual De Ponta Grossa.

³Instituto Federal Baiano Campus Santa Inês

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Objetivou-se realizar uma meta-análise para obter estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para características ligadas a reprodução em ovinos. Utilizou-se 144 estimativas de herdabilidade e 69 correlações genéticas. A metodologia com efeitos aleatórios, que contabiliza a variabilidade entre artigos, foi utilizada. Estimou-se herdabilidades variando de 0,0398 (Taxa de parição) a 0,3047 (Perímetro escrotal), enquanto as correlações genéticas foram positivas, variando entre 0,5959 (cordeiros desmamados/ovelha parida x peso total de cordeiros nascidos) e 0,9318 (cordeiros nascidos/ovelha parida x cordeiros desmamados/ovelha parida). Os parâmetros genéticos estimados no presente estudo podem ser utilizados em programas de melhoramento nas mais diversificadas condições ambientais, visto que foram obtidos através de diferentes estudos. Assim, esses resultados podem subsidiar o desenvolvimento inicial de programas de melhoramento genético com ovinos.

Palavras-chave: cordeiros, correlação genética, herdabilidade, seleção

Meta-analysis of genetic parameters for reproductive traits in sheep

Abstract: The aim was to carry out a meta-analysis to estimate both heritability and genetic correlations for reproductive traits in sheep. 144 estimates of heritability and 69 genetic correlations were used. A random effect model was used in the current meta-analysis, which accounts for the variability between articles. The meta-analysis estimated heritability ranging from 0.0398 (lambing rate) to 0.3047 (scrotal circumference), while the genetic correlations were positive and ranged from 0.5959 (lambs weaned per ewe lambed x total lamb weight born) to 0.9318 (lambs born per ewe lambed x lambs weaned per ewe lambed). The genetic parameters estimated in this study can be used in breeding programs under the most diversified environmental conditions, as they were obtained through different studies. Thus, these results can support the start development of sheep breeding programs.

Keywords: genetic correlation, heritability, lamb, ovine, selection

Introdução

As características reprodutivas são consideradas as mais importantes no sistema de produção de ovinos (Matika et al., 2003). Os critérios de seleção que possuem mais parâmetros genéticos publicados são a taxa de parto, a taxa de sobrevivência até o desmame, o número de cordeiros nascidos e desmamados, além do peso total de cordeiros nascidos e desmamados, as quais estão relacionadas com a produtividade do rebanho. Além disso, uma importante variável da reprodução mensurada nos machos é o perímetro escrotal, que pode ser utilizado como critério de seleção indireta para precocidade sexual e aumento da prolificidade (Kiya et al., 2019). Entretanto, existe uma grande variabilidade nos valores estimados entre os trabalhos, tanto para herdabilidade quanto para as correlações. Logo, a utilização de tais dados por programas de melhoramento em fase inicial pode superestimar ou subestimar a resposta a seleção e o ganho genético. Deste modo, a meta-análise produz uma estimativa única dos parâmetros genéticos que pode ser utilizada nos diversos sistemas de criação com as mais variadas raças e manejos diversificados (Akanno et al., 2013), principalmente em programas de melhoramento que estão em fase inicial e ainda possuem parâmetros com reduzida acurácia ou na avaliação de populações sem parâmetros estimados. Assim, o presente estudo teve como objetivo realizar uma meta-análise com um modelo de efeito aleatório para características reprodutivas em ovinos.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática da literatura para identificar a quantidade de pesquisas relacionadas à estimativa de parâmetros genéticos para características ligadas à reprodução em ovinos. Taxa de parição, taxa de sobrevivência até o desmame, número de cordeiros nascidos e desmamados por ovelhas paridas, número de cordeiros nascidos e desmamados por ovelhas expostas, peso total dos cordeiros ao nascimento e desmame e perímetro escrotal foram as características reprodutivas avaliadas. A compilação dos artigos gerou uma base de dados que continha as estimativas dos parâmetros genéticos, os erros-padrão dessas estimativas, o número de registros fenotípicos, a média fenotípica, o desvio padrão e o coeficiente de variação para cada característica. A meta-análise foi realizada para herdabilidade e correlações genéticas. O erro-padrão relativo (EPR) foi utilizado para assegurar a qualidade da meta-análise quanto ao número mínimo de artigo necessário para gerar uma estimativa confiável. A heterogeneidade entre os artigos foi avaliada através do teste proposto por Higgins et al. (2003). Além disso, a normalidade da distribuição das estimativas usadas na meta-análise foi avaliada usando o teste de Shapiro-Wilk. Quando esse teste foi significativo ($P < 0,05$), um diagrama de caixa foi gerado e os *outliers* foram removidos até que a normalidade fosse alcançada.

A meta-análise foi realizada usando o pacote meta do programa R, que usou o modelo de efeitos aleatórios para cada característica, demonstrado por $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, u_j é o componente entre os estudos do desvio da média, com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, a quantidade de heterogeneidade entre os estudos é representada pelo τ^2 , enquanto e_j é o componente de desvio da média dentro de cada artigo j , com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. O efeito combinado dos estudos foi calculado usando a seguinte equação: $\bar{\theta} = \frac{\sum_{k=1}^k w_j \hat{\theta}_j}{\sum_{k=1}^k w_j}$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, e w_j é o peso do efeito de cada artigo.

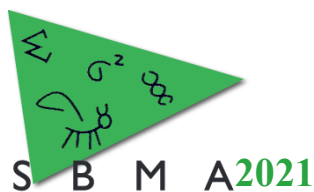
Resultados e Discussão

No presente estudo um minucioso controle de qualidade e um estudo da heterogeneidade entre os artigos foi realizado (Tabela 1), pois trata-se de um passo essencial de qualquer meta-análise (Oliveira et al., 2017). Um alto erro-padrão relativo indica que as estimativas de diferentes artigos variam amplamente. No entanto, os valores de EPR encontrados na presente meta-análise (Tabelas 1 e 2) apresentaram variação aceitável (<25%) e reforçam o uso do modelo aleatório para estimar os efeitos combinados.

Tabela 1. Número de artigos utilizados (n), herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (EPR %).

Característica	n	h^2	IC 95%	I^2 %	EPR %
Taxa de parição	14	0,0399	0,0234 - 0,0564	72,2	18,52
Sobrevivência até o desmame	16	0,0398	0,0205 - 0,0590	94,1	22,32
Cordeiro nascido / ovelha parida	26	0,0746	0,0631 - 0,0861	73,2	10,88
Cordeiro desmamado / ovelha parida	19	0,0472	0,0303 - 0,0641	76,2	17,90
Cordeiro nascido / ovelha exposta	12	0,0788	0,0634 - 0,0943	84,7	10,29
Cordeiro desmamado / ovelha exposta	13	0,0473	0,0344 - 0,0601	65,6	12,30
Peso total de cordeiros nascidos	16	0,0914	0,0458 - 0,1370	93,9	18,07
Peso total de cordeiros desmamados	16	0,0995	0,0644 - 0,1346	85,9	16,68
Perímetro escrotal	12	0,3047	0,2472 - 0,3621	46,5	13,92

As estimativas de herdabilidade para características reprodutivas foram baixas, exceto para perímetro escrotal. Características relacionadas à reprodução são conhecidas por serem significativamente influenciadas pelos efeitos ambientais. Deste modo, aumentar as taxas reprodutivas por meio de seleção baseada em características medidas nas fêmeas pode resultar em baixo ganho genético devido à pequena herdabilidade. A mensuração do perímetro escrotal é um importante critério de seleção em machos para



melhorar a capacidade de reprodução em ovelhas (Kiya et al., 2019). No presente estudo, a herdabilidade para perímetro escrotal (0,3047) foi moderada, o que a caracteriza como um excelente critério de seleção para melhorar o desempenho reprodutivo em ovinos.

Todas as correlações que apresentaram EPR abaixo de 25% estão apresentadas na Tabela 2. As estimativas de correlações genéticas foram positivas e geralmente acima de 0,6 (Tabela 2), o que sugere um similar controle genético para essas variáveis. Neste sentido, pode-se inferir que selecionar para elevar o número de cordeiros também aumentará o peso total dos cordeiros produzidos. Logo, maximizar a prolificidade é uma estratégia interessante para o sistema de produção de ovinos.

Tabela 2. Número de artigos (n), correlações genéticas (r_g), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade ($I^2\%$) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios erro-padrão relativo (EPR%).

Características	n	r_g	IC 95%	$I^2\%$	EPR %
CNOP x CDOP	9	0,9318	0,8840 - 0,9796	31,2	1,60
CNOP x PTCN	12	0,7611	0,6710 - 0,8511	0	4,11
CNOP x PTCN	11	0,7889	0,6118 - 0,9661	84,6	6,95
CDOP x PTCN	12	0,5959	0,4347 - 0,7571	36,1	16,73
CDOP x PTCN	12	0,6854	0,4879 - 0,8828	87,8	10,28
PTCN x PTCN	13	0,6784	0,4773 - 0,8796	85,0	11,28

CNOP: cordeiros nascidos por ovelha parida; CDOP: cordeiros desmamados por ovelha parida; PTCN: peso total de cordeiros nascidos; PTCN: peso total de cordeiros desmamados

Conclusão

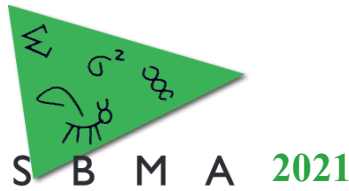
Foi possível encontrar estimativas confiáveis de herdabilidade e correlações genéticas para diversos critérios de seleção relacionados a reprodução em ovinos por meio de meta-análise com modelo aleatório. Os parâmetros aqui estimados podem ser usados sob diferentes condições de manejo, clima, raças e modelos, principalmente em programas em fase inicial de implementação, tendo em vista a grande diversificação dos artigos utilizados para sua estimação.

Agradecimentos

Ao Instituto Federal Baiano campus Santa Inês e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal nos Trópicos da Universidade Federal da Bahia.

Literatura citada

- Akanno, E.C., Schenkel, F.S., Quinton, V.M., Friendship, R.M., Robinson, J.A.B. 2013. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth, and carcass traits of pigs in the tropics. **Livestock Science**, 152, 101–113. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.07.021>.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G. 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. **British Medical Journal**, 327, 557–560. <https://doi.org/10.1136/bmj.327.7414.557>.
- Kiya, C.K., Pedrosa, V.B., Muniz, K.F.A., Gusmão, A.L., Pinto, L.F.B., 2019. Estimates of the genetic parameters of a Dorper flock in Brazil. **Small Ruminant Research**, 171, 57–62. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2018.12.007>.
- Matika, O., Van Wyk, J. B., Erasmus, G. J., Baker, R. L. 2003. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. **Livestock Production Science**, 79, 1, 17–28.
- Oliveira, H.R., Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Siqueira, O.H.G.B.D., Silva, F.F. 2017. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. **Animal Production Science**, 58, 1575–1583. <https://doi.org/10.1071/AN16712>.



Meta-análise de estimativas de herdabilidade para características de carcaça em ovinos

Tatiana Cortez de Souza¹, Bruno Delphino Medrado¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Zootecnia - UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: A obtenção de carcaças com alto rendimento e acabamento de qualidade é importante para a produção de carne ovina, mas as estimativas de herdabilidade reportadas para características de carcaça em ovinos variam de baixo a alta magnitude. Assim, o objetivo deste estudo foi realizar uma meta-análise de estimativas de herdabilidade para nove características de carcaça, utilizando um modelo aleatório. Critérios de avaliação como índice de heterogeneidade (I^2) e erro padrão relativo (RSE) foram analisados para verificar o ajuste das meta-análises realizadas. As estimativas de herdabilidade por meta-análises tiveram RSE <25% para todas as características e o modelo aleatório foi uma abordagem importante nas meta-análises, porque os valores de I^2 geralmente variaram de moderado a alto. As estimativas de herdabilidade ponderada variaram de 0,2063 a 0,3299. Assim, ganhos genéticos em médio prazo podem ser alcançados se esses critérios de seleção forem utilizados em avaliações genéticas. Essas estimativas de herdabilidade podem ser úteis para programas de melhoramento comercial que estão iniciando avaliações de características de carcaça.

Palavras-chave: carne, cordeiros, gordura, lombo, seleção

Meta-analysis of heritability estimates for carcass-related traits in sheep

Abstract: Obtaining carcasses with high yield and quality finishing is important for the meat sheep production, but the estimates of heritability reported for carcass traits in sheep vary from low to high value. Thus, the present study aimed to carry out a meta-analysis of heritability estimates for nine carcass-related traits, using a random model. Evaluation criteria such as the heterogeneity index (I^2) and the relative standard error (RSE) were analyzed to verify the meta-analyses adjustment. Estimates of heritability by meta-analyses had RSE < 25% for all traits. Random model was an important approach in the meta-analyses, because the I^2 values ranged from moderate to high. Weighted heritability estimates ranged from 0.2063 to 0.3299. Thus, genetic gains in a medium-term can be found if these selection criteria were used in selection schemes. These estimates of heritability can be useful for commercial breeding programs that are starting carcass-related traits evaluations.

Keywords: fat, lambs, loin, meat, selection

Introdução

A qualidade de carcaça é característica fundamental do processo produtivo dos ovinos e deve ser um objetivo de seleção para que o setor se mantenha competitivo (Brito *et al.*, 2017). Assim, torna-se necessário avaliar possíveis critérios de seleção que ajudem a atingir objetivos como obter carcaças de alto rendimento de carne e com adequada distribuição de gordura. Assim, vários estudos têm sido conduzidos para estimar herdabilidade de características ligadas à carcaça, a fim de averiguar se são herdáveis, como pode ser observado nas revisões de Fogarty (1995) e Safary *et al.* (2005). Ter herdabilidade é um requisito básico para que uma variável de carcaça se tornar um critério de seleção nos programas de avaliação genética de ovinos. Contudo, os muitos estudos já publicados com este tema em ovinos reportaram estimativas de herdabilidade que apresenta considerável variabilidade, devido as diferentes condições ambientais influenciando cada estudo, bem como as diferentes raças e populações analisadas. Assim, o objetivo desse estudo foi fazer uma meta-análise de estimativas de herdabilidade para características de carcaça em ovinos, utilizando um modelo aleatório.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021 que envolvessem estimativas de herdabilidade para variáveis ligadas à carcaça em ovinos, que gerou um razoável número de artigos envolvendo as variáveis da Tabela 1. Maiores informações sobre detalhes da meta-análise e artigos revisados podem ser encontradas em Medrado *et al.* (2021). A meta-análise foi realizada para as estimativas de herdabilidade utilizando o pacote META do R (Schwarzer *et al.*, 2015), o qual analisa um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa de herdabilidade publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da herdabilidade na população, u_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto e_j é o resíduo aleatório com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Características que resultaram em estimativas de parâmetros com RSE > 25% foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins *et al.* (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: $IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm (1,96 \times SE_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$, neste caso, $SE_{\bar{\theta}}$ é o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

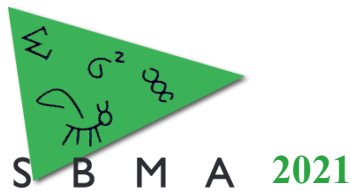
Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) das características de carcaça em ovinos.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Área do olho de lombo por ultrassom	AOLUS	cm ²	7	14230	9,73	1,32	13,62
Profundidade do olho de lombo por ultrassom	POLUS	mm	17	227226	25,17	2,84	11,28
Espessura de gordura subcutânea por ultrassom	EGSUS	mm	21	234173	3,09	1,07	34,88
Peso de carcaça quente	PCQ	Kg	13	58583	19,22	3,10	16,17
Rendimento de carcaça	RC	%	6	28084	44,76	5,30	11,84
Área do olho de lombo na carcaça	AOLC	cm ²	6	21855	12,86	3,07	23,90
Profundidade do olho de lombo na carcaça	POLC	mm	8	34092	28,08	1,30	4,64
Largura do olho de lombo na carcaça	LOLC	mm	6	17128	58,26	4,65	7,99
Espessura de gordura subcutânea na carcaça	EGSC	mm	11	54964	9,12	5,46	59,48

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade encontradas na literatura apresentaram distribuição normal (teste de Shapiro-Wilk com $p \geq 0,05$) para todas as variáveis aqui analisadas, ou foram normalizadas após a exclusão dos outliers. Valores de RSE < 25% foram encontradas em todas as meta-análises realizadas (Tabela 2), com média de 11%, o indica bom ajustes dessas meta-análises. Já o I^2 teve uma média moderada de 64,1, sendo igual a zero apenas para rendimento de carcaça. Os valores moderados e altos de I^2 observados para a maioria das características indicam que foi importante ajustar um modelo aleatório para obtenção de estimativas de herdabilidade por meta-análise.

Todas as médias estimadas de herdabilidade foram maiores que 0,20 (Tabela 2), variando de 0,2063 (área do olho de lombo por ultrassom) a 0,3299 (largura do olho de lombo na carcaça), o que indica herdabilidade moderada. Assim, ganhos genéticos para características de carcaça podem ser alcançados em médio prazo selecionando ovinos com os critérios de seleção alvo do presente estudo. A h^2 para EGSC e AOLC foi ligeiramente maior do que h^2 para EGSUS e AOLUS, respectivamente,



corroborando com os estudos de Fogarty (1995) e Safari et al. (2005). Isso indica que uma avaliação direta da carcaça dessas características resultaria em melhores critérios de seleção. Contudo, a viabilidade prática de obtenção dessas características a nível de frigorífico torna as medidas de ultrassonografia uma alternativa viável. Além disso, o ultrassom permite avaliar os animais antes da idade de abate, permitindo a realização de uma avaliação genética mais precoce, além de evitar o abate de animais com alto valor genético para características de carcaça.

Tabela 2 - Herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (RSE %).

Característica	h^2	IC 95%	I^2 %	RSE %
Área do olho de lombo ultrassom	0,2063	0,1273 - 0,2853	72,1	14,15
Profundidade do olho de lombo ultrassom	0,2970	0,2715 - 0,3225	71,6	6,41
Espessura de gordura subcutânea ultrassom	0,2594	0,2199 - 0,2989	91,0	9,33
Peso de carcaça quente	0,2601	0,2116 - 0,3087	70,7	10,11
Rendimento de carcaça	0,2523	0,2128 - 0,2918	0	7,44
Área do olho de lombo carcaça	0,3086	0,2386 - 0,3786	65,5	9,92
Profundidade do olho de lombo carcaça	0,2561	0,2143 - 0,2978	43,5	11,72
Largura do olho de lombo carcaça	0,3299	0,2237 - 0,4362	83,5	19,80
Espessura de gordura subcutânea carcaça	0,3144	0,2569 - 0,3718	78,7	9,88

Conclusão

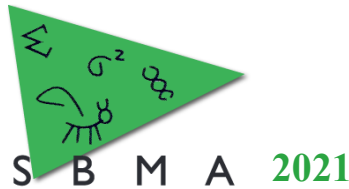
É possível obter estimativas confiáveis de herdabilidade para características de qualidade de carcaça em ovinos, via uso de meta-análise com modelo aleatório, as quais são moderadas e podem responder ao processo de seleção gerando ganhos genéticos em médio prazo. As estimativas aqui reportadas são uma fonte de informação útil para programas comerciais de avaliação genética que estejam em fase inicial de introdução dos critérios de seleção ligados à carcaça e que por este motivo ainda não disponham de estimativas de herdabilidade mais acuradas.

Agradecimentos

Agradecemos a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) pela concessão da bolsa de doutorado da discente T.C. de Souza, bem como a CAPES pela bolsa de produtividade dos Docentes V.B. Pedrosa e L.F.B. Pinto.

Literatura citada

- Brito, L.F., McEwan, J.C., Miller, S., Bain, W., Lee, M., Dodds, K., Newman, S. A., Pickering, N., Schenkel, F. S., Clarke, S. (2017). Genetic parameters for various growth, carcass and meat quality traits in a New Zealand sheep population. *Small Ruminant Research* 154, 81–91.
- Fogarty, N.M. (1995). Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. *Animal Breeding Abstracts*, 63, 101-143.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G., (2003). Measuring inconsistency in meta-analyses. *The British Medical Journal* 327, 557–560.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. (2021). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livestock Science* 247, 104477.
- Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science* 92, 271–289.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rücker, G., (2015). *Meta-analysis with R*. Springer, New York, p. 266.
- Zarkovich, S. (1979). Stability of variance patterns. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics* 31, 23–48.



Meta-análise das estimativas de herdabilidade para característica de produção de lã em ovinos

Taiana Cortez de Souza¹, Bruno Delphino Medrado¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Zootecnia - UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Características com rendimento do velo e diâmetro da fibra são fundamentais para o sistema de produção de lã e as estimativas de herdabilidade já reportadas variam de moderada a alta, com a variação entre estudos sendo atribuídas a fatores ambientais e/ou genéticos. Assim, o presente estudo teve por objetivo realizar uma meta-análise dessas estimativas, utilizando um modelo aleatório. Critérios de avaliação como índice de heterogeneidade (I²) e erro padrão relativo (RSE) foram analisados para verificar o ajuste das meta-análises realizadas. Foi possível estimar herdabilidade via meta-análises para cinco características, com RSE <25% e o modelo aleatório foi uma abordagem importante neste estudo, visto que os valores de I² foram altos. As estimativas médias de herdabilidade variaram de 0,3616 a 0,5808, o que indica que as variáveis ligadas à produção de lã são em geral altamente herdáveis. Essas estimativas de herdabilidade podem ser úteis para iniciar programas comerciais que tenham como foco o melhoramento de atributos da lã em ovinos.

Palavras-chave: cordeiros, fibra, parâmetros genéticos, seleção

Meta-analysis of estimates of heritability for wool-related traits in sheep

Abstract: Wool-related traits such as fleece yield and fiber diameter are fundamental for the wool production system, and the estimates of heritability reported for these traits range from moderate to high, with variation between studies being attributed to environmental and/or genetic factors. Thus, the present study aimed to perform a meta-analysis of these estimates, using a random model. Evaluation criteria such as heterogeneity index (I²) and relative standard error (RSE) were analyzed to verify the adjustment of the meta-analyses. It was possible to estimate heritability via meta-analyses for five wool-related traits, all with RSE <25%. The random model was an important approach in the present study, since the I² values were high. Weighted heritability estimates ranged from 0.3616 to 0.5808, which indicates that wool-related traits are in general highly heritable. These heritability estimates can be useful to start commercial breeding programs for wool attributes in sheep.

Keywords: fiber, genetic parameters, lambs, selection

Introdução

Com a introdução no mercado das fibras sintéticas e o algodão, a lã perdeu competitividade, mas algumas raças especializadas em produção de lã e outras com dupla aptidão (Carne e lã), continuaram sendo alvo de seleção para melhoramento da produção e atributos da lã (Bromley *et al.*, 2000). As variáveis ligadas a produção de lã respondem bem ao processo de seleção, pois apresentam herdabilidade variando e moderada a alta magnitude. Contudo, as estimativas já reportadas variam bastante entre estudos. A compilação dessas estimativas através de uma meta-análise pode fornecer estimativas de herdabilidade que sejam úteis para programas comerciais de avaliação genética que estejam em fase inicial. Assim, o presente estudo teve como objetivo realizar uma meta-análise das estimativas de herdabilidade já publicadas para diferentes características relacionadas com a produção de lã.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021 que envolvessem estimativas de herdabilidade para variáveis ligadas à produção de lã em ovinos, que gerou um razoável número de artigos envolvendo as variáveis da Tabela 1. Maiores informações sobre detalhes da meta-análise e artigos revisados podem ser encontradas em Medrado *et al.* (2021).

Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) de cada característica de lã em ovinos.

Característica	Abr	Unidade	Art	N	Média	DP	CV %
Peso do velo	PLS	Kg	14	192571	4,01	1,51	37,81
Peso do velo limpo	PLL	Kg	10	102507	2,96	0,69	23,50
Rendimento da lã limpa	RLL	%	6	16609	71,27	3,63	5,10
Comprimento da mecha	CML	mm	14	69183	85,77	12,63	14,72
Diâmetro da fibra	DF	µm	10	127147	20,13	1,30	6,49

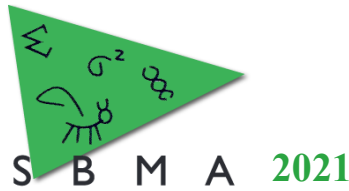
A meta-análise foi realizada para as estimativas de herdabilidade utilizando o pacote META do R (Schwarzer et al., 2015), o qual analisa um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa de herdabilidade publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da herdabilidade na população, u_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto e_j é o resíduo aleatório com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Características que resultaram em estimativas de parâmetros com RSE > 25% foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins et al. (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: IC 95% = $\bar{\theta} \pm (1,96 \times SE_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$, neste caso, $SE_{\bar{\theta}}$ é o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

Resultados e Discussão

A distribuição normal foi encontrada para todas as herdabilidades pelo teste de Shapiro-Wilk $p \geq 0,05$, ou foram normalizadas após a exclusão dos outliers. A meta-análise trata-se de uma avaliação quantitativa dos resultados publicados de outros estudos que são coletados e compilados para produzir uma estimativa ponderada (Oliveira et al., 2017), visto que os estudos são oriundos de bancos de dados diferentes, um controle de qualidade e o estudo de heterogeneidade entre os artigos se tornam fundamentais. Altos valores para RSE indicam que a estimativa variou amplamente nos diferentes artigos, porém no presente estudo pode-se observar que os valores de RSE foram menores que 25%. Os valores de I^2 foram moderados ou altos, com média de 86,9, por isso foi importante usar um modelo aleatório para contabilizar a variação entre os estudos (Oliveira et al., 2017).

Tabela 2 - Herdabilidade (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) e erros-padrão relativos (RSE %) das meta-análises das estimativas de herdabilidade reportadas para diferentes variáveis de produção de lã em ovinos

Característica	h^2	IC 95%	I^2 %	RSE %
Peso da lã suja	0,4826	0,4394 - 0,5259	90,9	6,51
Peso da lã limpa	0,3616	0,2961 - 0,4272	78,1	10,01
Rendimento da lã limpa	0,5436	0,4432 - 0,6441	84,4	10,38
Comprimento da mecha de lã	0,4874	0,4143 - 0,5604	94,5	9,03
Diâmetro da fibra de lã	0,5808	0,4896 - 0,6721	86,6	6,94



As estimativas de herdabilidade para produção de lã variaram entre 0,3616 (peso da lã limpa) a 0,5808 (diâmetro da fibra). Portanto, apresentaram valores que indica que a seleção utilizando as estimativas de valor genético dos animais resultará em ganho genético em um curto prazo. As maiores estimativas de herdabilidade foram encontradas para diâmetro da fibra (0,5808) seguida do rendimento da lã limpa (0,5436), que são importantes critérios de seleção para melhoria qualitativa e quantitativa da lã produzida, respectivamente. Logo, os programas de avaliação genética de ovinos especializados em produção de lã podem construir índices de seleção que ajudem os produtores a maximizar os ganhos genéticos para produção de lã sem comprometer a qualidade desse produto.

Conclusão

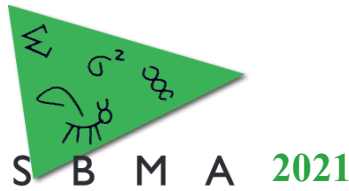
Estimativas de herdabilidade para características de produção de lã podem ser obtidas via meta-análise, mas deve se usar o modelo aleatório, pois as estimativas reportadas na literatura apresentam alto grau de heterogeneidade. As estimativas de herdabilidade da presente meta-análise podem ser uteis para iniciar programas comerciais que tenham como foco o melhoramento de atributos da lã em ovinos.

Agradecimentos

Agradecemos a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) pela concessão da bolsa de doutorado da discente T.C. de Souza, bem como a CAPES pela bolsa de produtividade dos docentes V.B. Pedrosa e L.F.B. Pinto.

Literatura citada

- Bromley, C.M., Snowden, G.D., Van-Vleck, L.D. (2000). Genetic parameters among weight, prolificacy, and wool traits of Columbia, Polypay, Rambouillet, and Targhee sheep. *Journal of Animal Science* 78(4), 846–858.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G. (2003). Measuring inconsistency in meta-analyses. *British Medical Journal* 327, 557–560.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. (2021). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livestock Science* 247, 104477.
- Oliveira, H.R. de, Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Dias De Siqueira, O.H.G.B., Fonseca E Silva, F. (2017). Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth, and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science* 58, 1575–1583.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rücker, G. (2015). *Meta- Analysis with R*. New York: Springer. 266p.
- Zarkovich, S. (1979). Stability of variance patterns. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics* 31, 23–48.



Meta-análise das estimativas de correlação genética entre variáveis ligadas à produção de lã e crescimento em ovinos

Taiana Cortez de Souza¹, Bruno Delphino Medrado¹, Vitor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto^{1*}

¹Universidade Federal da Bahia – UFBA, Salvador – BA, Brasil.

²Universidade de Ponta Grossa – UEPG, Ponta Grossa – PR, Brasil

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: A meta-análise aqui proposta buscou obter estimativas de correlação genética entre variáveis ligadas à produção de lã e ao crescimento de ovinos, utilizando modelo aleatório. Foram analisadas estimativas de correlação genética publicadas em artigos englobando o período de 1982 a 2021, tendo como variáveis de interesse os pesos da lã suja e da lã limpa, o rendimento de lã limpa, o comprimento da mecha, o diâmetro da fibra e os pesos vivo ao nascimento, desmame e aos 12 meses de idade. Critérios de avaliação da meta-análise como o índice de heterogeneidade (I^2) e o erro-padrão relativo (RSE) foram analisados. Foi possível obter quatro estimativas de correlação genética com RSE < 25%, todas positivas e com valores variando de 0,2626 (peso do velo sujo x peso ao nascimento) a 0,5494 (peso do velo sujo x comprimento da mecha). As estimativas aqui encontradas indicam que as variáveis de crescimento e produção de lã estão positivamente correlacionadas, mas com valores no máximo moderados. Logo, é recomendado utilizar essas variáveis de forma combinada em um índice de seleção para maximizar os ganhos genéticos.

Palavras-chave: cordeiros, parâmetros genéticos, seleção, velo

Meta-analysis of genetic correlation estimates between wool and growth-related traits in sheep

Abstract: This study aimed to perform a meta-analysis to estimate genetic correlation between wool and growth-related traits in sheep, using a random model. Estimates of genetic correlation from articles published between 1982 and 2021 were analyzed, which had the greasy and clean fleece weights, clean fleece yield, staple length, fiber diameter, birth weight, weaning weight, and body weight at twelve months as wool and growth-related traits. Meta-analysis evaluation criteria such as the heterogeneity index (I^2) and the relative standard error (RSE) were analyzed in this context. Four positive estimates of genetic correlation with RSE < 25% were found, and the values ranged from 0.2626 (greasy fleece weight x birth weight) to 0.5494 (greasy fleece weight x staple length). These estimates indicated that growth and wool-related traits are moderately and positively correlated. Therefore, it is recommended to use these traits in a selection index to maximize the genetic gains.

Keywords: fleece, genetic parameters, lambs, selection

Introdução

Com a introdução no mercado de fibras sintéticas e de tecidos a base de algodão, a lã perdeu competitividade, mas algumas raças especializadas em produção de lã e outras com dupla aptidão (Carne e lã), continuaram sendo alvo de seleção para melhoramento da produção e atributos da lã, bem como das taxas de crescimento (Bromley *et al.*, 2000). Para estas raças que tem a lã e a carne como produtos do sistema de criação, a inclusão de critérios de seleção relacionados com o volume de lã produzida e com sua qualidade, torna-se fundamental para a contínua melhoria da produção de lã. Contudo, não se pode deixar de observar as taxas de crescimento, a fim de não comprometer a produção de carne. Critérios de seleção para ampliar a qualidade da lã como o peso do velo ou para melhoria de sua qualidade como o diâmetro da fibra, estão geneticamente correlacionados entre si, bem como com o peso vivo em diferentes idades. Assim, conhecer essas correlações é um passo importante para propor índices de seleção que maximizem os ganhos genéticos tanto para a produção de lã quanto de carne. Contudo, poucos programas de avaliação genética dispõem de estimativas bem acuradas das correlações genéticas, principalmente quando envolve atributos de lã. Assim, o presente estudo teve como objetivo realizar uma meta-análise

das estimativas de correlações genéticas entre característica relacionadas à produção de lã e crescimento de ovinos.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021, a qual foi descrita detalhadamente em Medrado *et al.* (2021). As principais características de lã e de crescimento alvo de estudos com ovinos no período supracitado foram as listadas na Tabela 1. A meta-análise foi realizada utilizando o pacote META do programa R (Schwarzer *et al.*, 2015), o qual analisa um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da herdabilidade na população, u_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto e_j é o resíduo aleatório com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Características que resultaram em estimativas de parâmetros com $RSE > 25\%$ foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins *et al.* (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação:

IC 95% = $\bar{\theta} \pm (1,96 \text{ X SE}_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$, neste caso, $SE_{\bar{\theta}}$ é o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Peso ao nascer	PVN	Kg	34	332395	3,83	0,80	22,86
Peso a desmama	PVD	Kg	21	70545	20,43	6,24	30,56
Peso aos 12 meses	PV12	Kg	26	114194	38,32	16,28	42,47
Peso do velo sujo	PLS	Kg	14	192571	4,01	1,51	37,81
Peso do velo limpo	PLL	Kg	10	102507	2,96	0,69	23,50
Rendimento de lã limpa	RLL	%	6	16609	71,27	3,63	5,10
Comprimento da mecha	CML	Mm	14	69183	85,77	12,63	14,72
Diâmetro da fibra	DF	µm	10	127147	20,13	1,30	6,49

Resultados e Discussão

Com as oito variáveis aqui estudadas esperava-se obter 28 estimativas de correlação genética, contudo o reduzido número de artigos que possuam algumas dessas estimativas de correlação bem como a forte heterogeneidade entre artigos permitiu estimar apenas quatro correlações genéticas com $RSE < 25\%$ (Tabela 2), sendo que uma delas apresentou alto I^2 . Assim, a meta-análise com modelo aleatório foi fundamental para obter as quatro estimativas de correlação genética entre variáveis alvo do presente estudo.

As três estimativas de correlação entre peso do velo sujo e peso vivo foram positivas e moderadas, indicando a necessidade de considerar simultaneamente essas características em programas de avaliação genética para evitar que a seleção para peso vivo aumente o peso do velo sujo. Logo, a construção de um índice de seleção em raças de dupla aptidão pode ser uma alternativa para maximizar os ganhos genéticos em crescimento e produção de lã. A única estimativa de correlação entre as variáveis ligadas à produção de lã foi moderada (0,5094) e envolveu o peso do velo sujo e o comprimento da mecha. Assim, a seleção para aumentar o comprimento da mecha também pode resultar em mais lã suja.

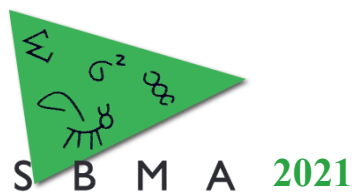


Tabela 2 - Número de artigos (N), correlações genéticas (r_g), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade ($I^2\%$) e erro-padrão relativo (RSE%) das estimativas obtidas por meta-análise com modelo aleatório.

Características	N	r_g	IC 95%	$I^2\%$	RSE %
PLS x PVN	8	0,2626	0,1426 - 0,3826	0	17,74
PLS x PVD	4	0,4699	0,3406 - 0,5991	0	22,97
PLS x PV12	5	0,3189	0,2641 - 0,3737	0	19,12
PLS x CML	6	0,5094	0,4023 - 0,6165	73,2	19,41

PLS – peso do velo sujo; PVN – peso vivo ao nascimento; PVD – Peso vivo a desmama; PV12 – peso vivo aos 12 meses; CML – Comprimento da mecha.

Conclusão

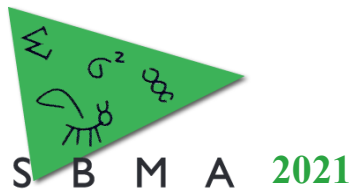
Existe grande heterogeneidade nos estudos que envolvem características de produção de lã e crescimento em ovinos, assim apenas quatro estimativas de correlação genética foram obtidas no presente estudo. Estas correlações indicaram que a seleção para aumento do crescimento ou do comprimento da mecha pode resultar em maior peso do velo sujo. Logo, a utilização de índices de seleção que considerem simultaneamente múltiplas variáveis pode resultar em maiores ganhos genéticos para crescimento e produção de lã.

Agradecimentos

Agradecemos a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) pela concessão da bolsa de doutorado da discente T.C. de Souza, bem como a CAPES pela bolsa de produtividade dos docentes V.B. Pedrosa e L.F.B. Pinto.

Literatura citada

- Bromley, C. M.; Snowden, G. D.; Vleck, L. D. Van., 2000. Genetic parameters among weight, prolificacy, and wool traits of Columbia, Polypay, Rambouillet, and Targhee sheep. *Journal of Animal Science*, v. 78, n. 4, p. 846–858.
- Higgins, J.P.T., thompson, S.G., deeks, J.J., Altman, D.G., 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. *British Medical Journal*, 327, 557–560.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. (2021). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livestock Science* 247, 104477.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rücker, G. 2015. *Meta- Analysis with R*. New York: Springer. 266p.
- Zarkovich, S., 1979. Stability of variance patterns. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics* 31, 23-48.



Meta-análise das estimativas de correlações genéticas entre características de carcaça em ovinos

Tatiana Cortez de Souza¹, Bruno Delphino Medrado¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto¹

¹Universidade Federal da Bahia - UFBA, Salvador – BA, Brasil.

²Universidade de Ponta Grossa – UEPG, Ponta Grossa – PR, Brasil.

Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Existem múltiplas variáveis que podem ser usadas como critérios de seleção para melhoria de carcaça em ovinos. Logo, conhecer as estimativas de correlação genética entre essas variáveis é um importante passo para otimização dos processos seletivos. Assim, o presente estudo teve como objetivo fazer uma meta-análise com efeito aleatório para obter estimativas de correlação genética entre características de carcaça em ovinos. Foram avaliadas estimativas publicadas entre 1982 e 2021 envolvendo nove variáveis de carcaça. Foi possível obter cinco estimativas de correlação genética por meta-análise, sendo todas positivas e com valores variando de 0,25 (Espessura de gordura *in vivo* por ultrassom x Profundidade do olho de lombo *in vivo* por ultrassom) a 0,8078 (Profundidade do olho de lombo *in vivo* por ultrassom x profundidade de olho de lombo mensurada diretamente na carcaça). Pode se concluir que as variáveis de carcaça estão positivamente correlacionadas e as medidas obtidas por ultrassom podem ser usadas em substituição as mensurações pós-abate. As correlações aqui estimadas são uma informação útil para programas que estão em fase inicial de avaliação das características de carcaça e, por este motivo, não possuem estimativas ainda confiáveis dessas correlações.

Palavras-chave: carne, cordeiro, gordura, peso, rendimento

Meta-analysis of genetic correlations estimates for carcass-related traits in sheep

Abstract: There are multiple carcass-related traits used as selection criteria for carcass improvement in sheep. Therefore, knowing the estimates of genetic correlation between these traits is an important step for optimizing the selective processes. Thus, this study aimed to carry out a meta-analysis with random effect to estimate genetic correlation between carcass traits in sheep. Estimates published between 1982 and 2021 involving nine carcass-related traits were evaluated. Five positive estimates of genetic correlation by meta-analysis were found, and the values ranged from 0.2500 (*In vivo* fat thickness by ultrasound x *In vivo* ribeye depth by ultrasound) to 0.8078 (*In vivo* ribeye depth by ultrasound x ribeye depth directly on the carcass). Carcass variables are positively correlated, and the ultrasound measurements can be used to replace the post-slaughter measurements. The estimates of correlations reported here are useful information for breeding programs that are starting genetic evaluation of carcass-related traits and do not have reliable estimates of these correlations yet.

Keywords: fat, lamb, meat, yield, weight

Introdução

A avaliação genética de características ligadas à qualidade de carcaça é um importante componente dos processos seletivos de ovinos (Brito *et al.*, 2017), pois a obtenção de cordeiros com maiores rendimentos de carcaça e cortes comerciais leva a maiores ganhos financeiros para todos os agentes do sistema de produção de carne ovina. Essas avaliações genéticas podem ser otimizadas com o conhecimento da estrutura de correlação genética entre as variáveis de carcaça (Brown e Swan, 2016; Safari *et al.*, 2005). Contudo ainda são poucos os programas de avaliação genética que possuem estimativas confiáveis de correlações entre medidas de carcaça em ovinos, pois muitos programas ainda estão em fase de implantação dessas variáveis em suas avaliações genéticas. Assim, o presente estudo teve por objetivo estimar correlações genéticas entre variáveis de carcaça via meta-análise de estimativas publicadas entre 1982 e 2021, utilizando o modelo aleatório para ajustar as diferenças entre estudos.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021, a qual foi descrita detalhadamente em Medrado *et al.* (2021). As principais características de carcaça alvo dos estudos com ovinos no período supracitado foram listadas na Tabela 1. A meta-análise foi realizada utilizando o pacote META do programa R (Schwarzer *et al.*, 2015), o qual analisa um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da herdabilidade na população, u_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto e_j é o resíduo aleatório com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Características que resultaram em estimativas de parâmetros com RSE > 25% foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins *et al.* (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: $IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm (1,96 \times SE_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$, neste caso, $SE_{\bar{\theta}}$ é o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Área do olho de lombo ultrassom	AOLUS	cm ²	7	14230	9,73	1,32	13,62
Profundidade do olho de lombo ultrassom	POLUS	Mm	17	227226	25,17	2,84	11,28
Espessura de gordura subcutânea ultrassom	EGSUS	Mm	21	234173	3,09	1,07	34,88
Peso de carcaça quente	PCQ	Kg	13	58583	19,22	3,10	16,17
Rendimento de carcaça	RC	%	6	28084	44,76	5,30	11,84
Área do olho de lombo carcaça	AOLC	cm ²	6	21855	12,86	3,07	23,90
Profundidade do olho de lombo carcaça	POLC	Mm	8	34092	28,08	1,30	4,64
Largura do olho de lombo carcaça	LOLC	Mm	6	17128	58,26	4,65	7,99
Espessura de gordura subcutânea carcaça	EGSC	Mm	11	54964	9,12	5,46	59,48

Resultados e Discussão

Os resultados encontrados indicam grande heterogeneidade entre os diferentes estudos que publicaram estimativas de correlações genética entre variáveis de carcaça em ovinos, com apenas cinco estimativas de correlação genética com RSE <25% (Tabela 2) e duas destas com I^2 elevado, o que indica a importância de ter sido usado um modelo aleatório para ajustar a heterogeneidade entre artigos.

Destaca-se a forte correlação positiva entre as medidas obtidas por ultrassom e aquelas diretamente na carcaça, com valores de 0,8078 (POLUS x POLC) e 0,6807 (EGSUS x EGSC), o que indica que essas mensurações estão estreitamente relacionadas e a técnica de ultrassom pode ser utilizada como alternativa a coleta de dados diretamente na carcaça. A POLUS também apresentou correlação positiva e moderada com PCQ (0,5844), indicando que inclusão de POLUS nos índices de seleção pode contribuir para aumentar o peso da carcaça. Esses resultados corroboraram com o estudo anterior de Brown e Swan (2016) e reforçam a necessidade de incluir características de carcaça nos índices de seleção. Por fim, a correlação entre POLUS x EGSUS (0,25) indica que essas duas variáveis possuem um controle genético pouco similar e, conseqüentemente, ambas devem ser inseridas nos índices de seleção para promover ganhos genéticos em ambas. Destaca-se que POLUS tem como objetivo principal o aumento de cortes comerciais, enquanto EGSUS está relacionada com o objetivo de ter carcaça com bom acabamento de gordura.

Tabela 3 - Número de artigos (N), correlações genéticas (r_g), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade ($I^2\%$) e erro-padrão relativo (RSE%) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios.

Características	N	r_g	IC 95%	$I^2\%$	RSE %
POLUS x PCQ	4	0,5844	0,3122 - 0,8565	83,0	20,58
POLUS x EGSUS	7	0,2500	0,2210 - 0,2791	0	12,24
POLUS x POLC	3	0,8078	0,7241 - 0,8915	0	3,59
POLUS x AOLC	3	0,6727	0,5704 - 0,7750	0,9	12,79
EGSUS x EGSC	6	0,6807	0,5014 - 0,8600	87,8	14,17

Conclusão

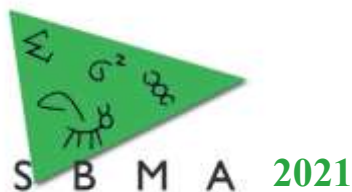
Foi possível obter cinco estimativas de correlações genéticas entre variáveis de carcaça em ovinos via meta-análise com modelo aleatório, as quais indicaram essas variáveis estão positivamente correlacionadas e as medidas obtidas por ultrassom podem ser usadas em substituição as mensurações pós-abate. Além disso, as correlações aqui estimadas são uma informação útil para programas que estão em fase inicial de avaliação das características de carcaça e, por este motivo, não possuem estimativas ainda confiáveis dessas correlações.

Agradecimentos

Agradecemos a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) pela concessão da bolsa de doutorado da discente T.C. de Souza, bem como a CAPES pela bolsa de produtividade dos Docentes V.B. Pedrosa e L.F.B. Pinto.

Literatura citada

- Brito, L.F., McEwan, J.C., Miller, S., Bain, W., Lee, M., Dodds, K., Newman, S. A., Pickering, N., Schenkel, F. S., Clarke, S. (2017). Genetic parameters for various growth, carcass and meat quality traits in a New Zealand sheep population. *Small Ruminant Research* 154, 81–91.
- Brown, D.J., Swan, A.A., (2016). Genetic importance of fat and eye muscle depth in Merino breeding programs. *Animal Production Science* 56, 690–697.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G., (2003). Measuring inconsistency in meta-analyses. *The British Medical Journal* 327, 557–560.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. (2021). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livestock Science* 247, 104477.
- Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science* 92, 271–289.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rücker, G., (2015). *Meta-analysis with R*. Springer, New York, p. 266.
- Zarkovich, S. (1979). Stability of variance patterns. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics* 31, 23–48.



Meta-análise de estimativas de correlações genéticas entre características ligadas à tolerância aos parasitos em ovinos

Luis Paulo Batista Sousa Junior¹, Bruno Delphino Medrado¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Zootecnia - UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Conhecer as correlações genéticas entre diferentes critérios de seleção contribui para otimização dos processos seletivos. Assim, foi realizada uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021 para identificar estimativas de correlação genética entre as características de contagem de ovos por grama de fezes (OPG), hematócrito (HTC), escore Famacha (FAM) e Peso vivo (PV), para realizar uma meta-análise utilizando modelo aleatório. Critérios de avaliação da meta-análise como o índice de heterogeneidade (I^2) e o erro-padrão relativo (RSE) foram analisados neste contexto. Três correlações genéticas (OPG x FAM), (OPG x HCT) e (OPG X PV) apresentaram RSE < 25%, enquanto o I^2 variou de moderado a alto. Os intervalos de confiança a 95% para as estimativas de correlações genéticas foram como segue: 0,5580 a 0,8354 (OPG x FAM); -0,6836 a -0,2675 (OPG x HCT); e -0,2689 a -0,1054 (OPG X PV). As estimativas geradas indicam que existem importantes correlações genéticas entre os critérios de seleção para tolerância a parasitos gastrointestinais em ovinos e, portanto, elas devem ser consideradas para fins de otimizar os processos seletivos.

Palavras-chave: cordeiros, correlação genética, nematóides, seleção

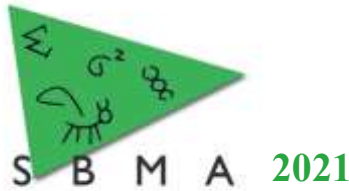
Meta-analysis of the estimates of genetic correlation between parasite-related traits in sheep

Abstract: Knowing the genetic correlations between different selection criteria contributes to optimize the selection schemes. Thus, a systematic search of articles published between 1982 and 2021 was performed to identify estimates of genetic correlation between faecal egg counts (FEC), hematocrit (HTC), Famacha score (FAM), and Body weight (BW) to perform a meta-analysis using a random model. Meta-analysis evaluation criteria such as the heterogeneity index (I^2) and the relative standard error (RSE) were analyzed in this context. Three genetic correlations (FEC x FAM), (FEC x HCT), and (FEC x PV) showed RSE < 25%, while the I^2 ranged from moderate to high. The 95% confidence intervals for the genetic correlation estimates were as follows: 0.5580 to 0.8354 (FEC x FAM); -0.6836 to -0.2675 (FEC x HCT); and -0.2689 to -0.1054 (FEC X BW). These genetic correlations indicated that there are important genetic association between the selection criteria for tolerance to gastrointestinal parasites in sheep and, therefore, they should be considered to optimize the selection schemes.

Keywords: genetic correlation; lamb; nematode, selection

Introdução

Existe variação genética para tolerância a nematódeos entre e dentro de raças ovinas e critérios de seleção adequados podem ser úteis para atingir o objetivo de aumentar a tolerância de ovinos a estes parasitos (Bishop, 2012). No entanto, os estudos que estimaram parâmetros genéticos para essas variáveis foram realizados sob diferentes condições ambientais e com uma grande variedade de raças e populações, resultando em importante variação nas estimativas reportadas. Estimativas mais confiáveis de parâmetros genéticos podem ser obtidas por meta-análise, as quais podem ser úteis para programas comerciais de seleção que estejam em fase inicial de execução e que ainda não disponham de informações acuradas destes parâmetros (Oliveira et al., 2017). Portanto, o presente estudo objetivou realizar uma meta-análise com um modelo de efeito aleatório para estimar as correlações genéticas entre critérios de seleção usados para melhorar a tolerância a parasitos gastrointestinais em ovinos.



Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021 que envolvessem estimativas de correlações genéticas entre critérios de seleção usados para atingir o objetivo de melhorar a tolerância de ovinos a parasitos gastrointestinais. Essa revisão gerou um razoável número de artigos (Ver Medrado *et al.*, 2021) envolvendo as variáveis contagem de ovos por grama de fezes (OPG), escore de avaliação visual da mucosa ocular pelo método FAMACHA (FAM) e hematócrito (HCT), as quais se tornaram o principal alvo do presente estudo. Como alguns também avaliaram peso vivo (PV) dos animais no momento da avaliação das características de tolerância a parasitos, então PV também compôs a presente meta-análise.

O número de registros, a média, o desvio padrão e o coeficiente de variação para cada característica também foram incluídos no banco de dados e analisados. A meta-análise foi realizada para as estimativas correlações genéticas utilizando o pacote META do R (Schwarzer *et al.*, 2015), o qual analisa um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como:

onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa de herdabilidade publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da herdabilidade na população, ϵ_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $\epsilon_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto ϵ_{ij} é o resíduo aleatório com $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$.

A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Estimativas de parâmetros com $RSE > 25\%$ foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins *et al.* (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação:

$$\bar{\theta} \pm 1.96 \cdot SE_{\bar{\theta}}, \text{ neste caso, } SE_{\bar{\theta}} \text{ é o erro padrão da média}$$

ponderada do parâmetro na população.

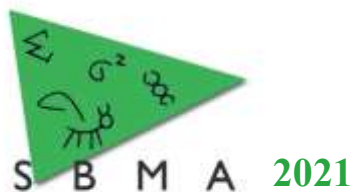
Resultados e Discussão

O presente artigo indica que OPG, Hematócrito e Famacha são, nesta ordem, as variáveis mais estudadas para avaliar tolerância a parasitos gastrointestinais em ovinos com a finalidade de melhoramento animal, dado o número de artigos encontrados (Tabela 1), o que confirma prévios relatos de Bishop (2012). A contagem média de OPG nos 37 artigos avaliados ficou em 1107,7 ovos/g, o que revela o quão delicado é o problema das infecções por parasitos em ovinos. Ocorre que os rebanhos avaliados nestes artigos foram geralmente provenientes de criatórios que participam de programas de avaliação genética. Logo, também são rebanhos mais estruturados, onde há maior preocupação com o manejo sanitário dos animais. Mesmo assim, percebe-se uma OPG acima dos valores considerados seguros.

Tabela 1. Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV%) para característica de resistência a parasitas.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Ovos por grama de fezes	OPG	ovos/g	37	231231	1107,7	1041,54	94,02
Famacha	FAM	Score	11	57481	1,72	0,59	34,69
Hematócrito	HCT	%	16	23703	28,34	3,33	11,75

A distribuição normal foi encontrada para todas as estimativas de correlação usadas nesta meta-análise ($p \geq 0,05$ no teste Shapiro-Wilk). Dentre as correlações genéticas, OPG x PV apresentou o maior



I^2 , 99%, enquanto valores moderados foram encontrados para as correlações genéticas OPG x FAM (31,3%) e OPG x HCT (66,6%), reforçando a importância de usar um modelo com efeito aleatório para ajustar as diferenças entre artigos. Altos valores de I^2 combinados a valores elevados de RSE indicaria que as estimativas de parâmetro genético de diferentes artigos variam amplamente e a meta-análise não resultaria em boas estimativas. Contudo, os valores de RSE para os pares de correlações OPG x PV, OPG x FAM e OPG x HCT foram 24,03, 17,42 e 18,02, respectivamente (Tabela 2). Valores de RSE inferiores a 25% indicam que a meta-análise com efeito aleatório é capaz de ajustar as variações existentes nas estimativas e apresentam boa confiabilidade (Oliveira *et al.*, 2017).

Tabela 2 – Número de artigos (Art), Correlações genéticas (r_g), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) e erros-padrão relativos (RSE %) para característica de resistência a parasitos gastrointestinais em ovinos.

Característica	n	r_g	IC 95%	I^2 %	RSE %
OPG x PV	19	-0,1871	-0,2689 a -0,1054	99,9	24,03
OPG x FAM	5	0,6967	0,5580 a 0,8354	31,3	17,42
OPG x HCT	9	-0,4805	-0,6836 a -0,2675	66,6	18,02

Duas estimativas de correlação genética obtidas com esta meta-análise foram moderadas, sendo positiva para o par OPG x FAM (0,6967) e negativa para OPG e HCT (-0,4805). A correlação OPG x FAM indica que selecionar para menor OPG resultaria em menores escores do FAMACHA e vice-versa, os quais são animais com maior volume globular e mais tolerantes aos parasitos gastrointestinais. Essa informação é bastante útil, pois a avaliação da mucosa ocular pode substituir o OPG como critério de seleção para aumentar a tolerância de ovinos a parasitos gastrointestinais e para obtenção do FAM é necessário apenas um técnico bem treinado e um cartão FAMACHA adequado, enquanto para avaliar OPG é necessário coletar amostra de fezes e uma pequena estrutura laboratorial. A correlação genética moderada e negativa entre OPG e HCT é bastante esperada, pois os principais parasitos gastrointestinais de ovinos são hematófagos. Logo, contagens elevadas de OPG geralmente são acompanhadas de baixos valores de hematócrito. Já a correlação entre OPG x PV foi pequena (-0,1871), mas o fato de ser negativa indica que a seleção para reduzir OPG pode contribuir para o aumento do peso dos ovinos no longo prazo.

Conclusão

Foi possível encontrar três estimativas confiáveis de correlações genéticas envolvendo variáveis de tolerância aos parasitos gastrointestinais em ovinos, as quais podem ser úteis para processos seletivos de programas de melhoramento de ovinos que estejam em fase inicial e ou que estejam querendo iniciar a inclusão dessas variáveis no processo seletivo e ainda não disponham de estimativas próprias mais acuradas.

Literatura citada

- Bishop S.C. (2012). Possibilities to breed for resistance to nematode parasite infections in small ruminants in tropical production systems. *Animal* 6, 741–747.
- Higgins, J.P., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G. (2003). Measuring inconsistency in meta-analyses. *BMJ (Clinical research ed.)*, 327(7414), 557–560. <https://doi.org/10.1136/bmj.327.7414.557>
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. (2021). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livestock Science* 247, 104477.
- Oliveira, H.R., Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Siqueira, O.H.G.B.D., Silva, F.F. (2017). Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science* 58(9), 1575–1583.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rücker, G., (2015). *Meta-analysis with R*. Springer, New York, p. 266.
- Zarkovich, S. (1979). Stability of variance patterns. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics* 31, 23–48.



Meta-análise de estimativas de herdabilidade para variáveis ligadas à resistência a parasitos em ovinos

Luis Paulo Batista Sousa Junior¹, Bruno Delphino Medrado¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Zootecnia - UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Vários estudos têm estimado os coeficientes de herdabilidade para variáveis ligadas à tolerância a parasitos gastrointestinais em ovinos, com grande variação nas estimativas reportadas. Assim, o presente estudo realizou uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021 para realizar uma meta-análise das estimativas de herdabilidade já reportadas. As variáveis ovos por grama de fezes (OPG), Famacha (FAM) e hematócrito (HCT) foram encontradas em vários artigos e se tornaram alvo da presente meta-análise. As estimativas de herdabilidade obtidas com a meta-análise foram iguais a 0,1724, 0,2582 e 0,2170 para OPG, FAM e HCT, respectivamente. O erro padrão relativo para OPG, FAM e HCT foram inferiores a 25%, enquanto a heterogeneidade (I^2) variaram de moderado a alto. O intervalo de confiança a 95% para as estimativas de herdabilidade foi de: 0,1513 a 0,1936 (OPG), 0,1933 a 0,3231 (FAM) e 0,1724 a 0,2615 (HCT). Essas estimativas de herdabilidade são uma fonte de informação para programas de seleção que estejam em fase inicial de implantação e ainda não disponham de coeficientes de herdabilidade com melhor confiabilidade.

Palavras-chave: cordeiros, melhoramento genético, nematódeos, seleção

Meta-analysis of heritability estimates for parasite resistance related traits in sheep

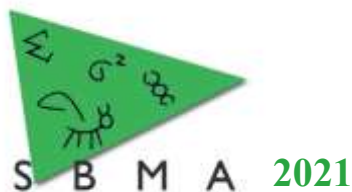
Abstract: Several studies have estimated coefficients of heritability for traits related to parasite resistance in sheep, with great variation reported among the studies. Thus, the present study carried out a systematic search of articles published between 1982 and 2021 to perform a meta-analysis of the heritability estimates already reported. Faecal egg counts (FEC), Famacha score (FAM) and hematocrit (HCT) were found in several articles and became the target of the present study. Relative standard errors for FEC, FAM, and HCT were less than 25%, while heterogeneity index ranged from moderate to high. Estimates of heritability by the meta-analyzes were as follows: 0.1724, 0.2582, and 0.2170 for FEC, FAM, and HCT, respectively; while their 95% confidence intervals were as follows: 0.1513 to 0.1936 (FEC), 0.1933 to 0.3231 (FAM), and 0.1724 to 0.2615 (HCT). These estimates of heritability are a source of information for selection programs that are in the initial phase of implementation and do not yet have heritability coefficients with better reliability.

Keywords: animal breeding, lamb; nematode, selection

Introdução

Parasitos gastrointestinais ocasionam grandes perdas a ovinocultura, mas uma seleção utilizando adequados critérios de seleção pode contribuir para a redução deste problema (Bishop, 2012). Dentre as opções de critérios de seleção tem-se a contagem de ovos por grama de fezes, o escore de avaliação visual da mucosa ocular pelo método FAMACHA e o valor de hematócrito, os quais podem ajudar a identificar animais que estejam acometidos de verminose, para promover ações que levem a redução desse problema em um rebanho ovino. Esses critérios de seleção geralmente apresentam herdabilidade variando de baixa a moderada, mas há grande diferença entre os estudos já conduzidos com esse tema.

Estimativas confiáveis de parâmetros genéticos são relevantes para melhorar a estimação dos valores genéticos. Parâmetros com a herdabilidade são específicos da população estudada e seu uso em outras populações pode superestimar ou subestimar os ganhos genéticos. No entanto, é possível agrupar



estimativas de herdabilidade de diferentes estudos usando meta-análise (Oliveira *et al.*, 2017). As estimativas de herdabilidade obtidas a partir de uma meta-análise podem ser informações úteis para programas de melhoramento em fase de implementação e muitos dos Programas de melhoramento de ovinos ainda não introduziram critérios de seleção ligados a tolerância a parasitos em suas avaliações genéticas. Assim, o presente estudo teve como objetivo realizar uma meta-análise com um modelo aleatório, para estimar a herdabilidade de três variáveis ligadas à resistência aos parasitas gastrointestinais em ovinos.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática de artigos publicados entre 1982 e 2021 que envolvessem estimativas de herdabilidade para critérios de seleção usados para atingir o objetivo de melhorar a tolerância de ovinos a parasitos gastrointestinais. Essa revisão gerou um razoável número de artigos (Ver Medrado *et al.*, 2021), envolvendo as variáveis contagem de ovos por grama de fezes (OPG), escore de avaliação visual da mucosa ocular pelo método FAMACHA (FAM) e hematócrito (HCT), as quais se tornaram o principal alvo do presente estudo. A meta-análise foi realizada para as estimativas de herdabilidade dessas variáveis reportadas nos diferentes estudos. Foi utilizado o pacote META do R (Schwarzer *et al.*, 2015), o qual utiliza um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa de herdabilidade publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da herdabilidade na população, u_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto e_j é o resíduo aleatório com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$.

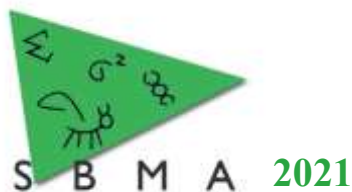
A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Estimativas de parâmetros com RSE > 25% foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins *et al.* (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação:

IC 95% = $\bar{\theta} \pm (1,96 \times SE_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$, neste caso, $SE_{\bar{\theta}}$ é o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

Resultados e Discussão

A distribuição normal foi encontrada para as estimativas de herdabilidade das três variáveis em análise ou foram normalizadas após a exclusão dos outliers. Um RSE inferior a 25% foi encontrado para todas as três meta-análises realizadas (Tabela 1), demonstrando que as estimativas individuais utilizadas no presente estudo, embora heterogêneas, não apresentaram discordância exacerbada. Contudo, os valores de I^2 variaram de moderado a alto indicando heterogeneidade. Por isso a importância de ter sido usado um modelo aleatório na obtenção das estimativas de herdabilidade por meta-análise (Oliveira *et al.*, 2017).

As estimativas de herdabilidade variaram de 0,1724 (OPG) a 0,2582 (FAM). A herdabilidade para OPG foi a única com intervalo de confiança (0,1513 - 0,1936) que não ultrapassa o limite 0,20. Portanto, é a única que pode ser considerada de baixa magnitude no presente estudo e com previsão de ganhos genéticos no longo prazo, se for utilizada nos processos de seleção. Estudos anteriores estimaram a herdabilidade para ovos por grama de fezes, usando variadas condições ambientais, como tipos de infecção, número de larvas infectantes e idade dos animais. Apesar disso, o pequeno intervalo de confiança (0,1513 - 0,1936) para a herdabilidade de OPG, após uma meta-análise com 37 artigos, demonstra a precisão da estimativa obtida.



A avaliação da mucosa ocular, denominada método FAMACHA, apresentou uma herdabilidade levemente superior às demais características, o que a torna uma boa opção para processos seletivos em ovinos. Além disso, trata-se de uma variável que não exige grande investimento do produtor rural na sua obtenção, não é um método invasivo e pode ser realizado por um funcionário que tenha tido adequado treinamento prévio. Já o hematócrito, que teve também uma herdabilidade moderada, é um critério de seleção que exige coleta de sangue e posterior infraestrutura para análise laboratorial. Contudo, independente da escolha do produtor rural, a seleção para quaisquer das duas variáveis (FAM ou HCT) resultará em ganho genético em médio prazo.

Tabela 1 – Número de artigos (N), herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% para a estimativa de h^2 combinada (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) e erros-padrão relativos (RSE %) para característica de resistência a parasitas em ovinos.

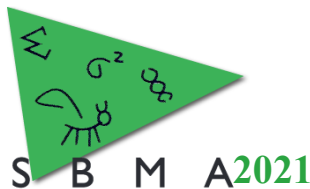
Característica	N	h^2	IC 95%	I^2 %	RSE %
Ovos por grama de fezes	37	0,1724	0,1513 - 0,1936	74,4	6,60
Famacha	11	0,2582	0,1933 - 0,3231	87,7	12,13
Hematócrito	16	0,2170	0,1724 - 0,2615	54,4	9,01

Conclusão

Foi possível encontrar estimativas confiáveis de herdabilidade para OPG, FAM e HCT, por meio de meta-análise com modelo aleatório. As estimativas geradas indicam que as três características possuem variabilidade genética aditiva e podem ser úteis em processos seletivos. Os parâmetros aqui estimados podem ser usados sob diferentes condições ambientais e são uma alternativa para programas comerciais de avaliações genéticas que estejam em fase inicial de introdução destes critérios de seleção relacionados a tolerância a parasitos gastrointestinais.

Literatura citada

- Bishop, S.C. (2012). Possibilities to breed for resistance to nematode parasite infections in small ruminants in tropical production systems. *Animal* 6, 741–747.
- Higgins, J.P., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G. (2003). Measuring inconsistency in meta-analyses. *BMJ (Clinical research ed.)*, 327(7414), 557–560.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. (2021). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livestock Science* 247, 104477.
- Oliveira, H.R., Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Siqueira, O.H.G.B.D., Silva, F.F. (2017). Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science* 58(9), 1575–1583.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rücker, G., (2015). *Meta-analysis with R*. Springer, New York, p. 266.
- Zarkovich, S. (1979). Stability of variance patterns. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics* 31, 23–48.



**Estimativa de parâmetros genéticos para características de crescimento em ovinos cruzados
Corriedale X Frisona**

Mateus Guimarães dos Santos^{1*}, Thaise Pinto de Melo², Mariana Carvalho de Barros², Pamela Itajara Otto², Arielly Oliveira Garcia¹, Renata de Fátima Bretanha Rocha¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil

*Autor correspondente: mateusgs86@gmail.com

Resumo: O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para as características peso ao nascer (PN) e peso ao desmame (PD) de um rebanho de ovinos cruzados Corriedale X Frisona. Os dados coletados e analisados são referentes aos 476 nascimentos entre os anos de 2019 e 2020 da Fazenda Meia Lua situada em Lavras do Sul no estado do Rio Grande do Sul. As características avaliadas foram PN e PD, em kg. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método bayesiano, através dos programas da família BLUPF90. Foram estimados os efeitos genético aditivo direto e genético materno no modelo. As herdabilidades diretas para PN e PD foram 0,182 e 0,185 respectivamente, já as herdabilidades maternas foram 0,255 e 0,258 respectivamente. Os resultados demonstram que o efeito materno apresenta importante influência sobre o PN e o PD na expressão de ambas as características, além de existir variação genética suficiente para uma resposta satisfatória à seleção nesta população.

Palavras-chave: herdabilidade, melhoramento genético, ovinocultura, peso

Estimation of genetic parameters for growth traits in Corriedale X Friona crossbred sheep

Abstract: The aim of this study was to estimate genetic and parameters for birth weight (PN) and weaning weight (PD) traits, from a sheep crossbreed herd Corriedale X Frisona. The collected and analyzed data refer to 476 births between 2019 and 2020 from Fazenda Meia Lua located in Lavras do Sul in the state of Rio Grande do Sul. The traits evaluated were PN and PD, in kg. The variance components estimates were obtained by Bayesian methods, through the family software BLUPF90. Direct additive genetic and maternal genetic effects in the model were estimated. The direct heritability related to PN and PD were 0.182 and 0.185 respectively, and for the maternal heritability the values were 0.255 and 0.258 respectively. The results show that maternal effect has a significant influence in the expression of both traits PN and PD, besides there is enough genetic variation for a satisfactory response to selection in this population.

Keywords: animal breeding, heritability, sheep industry, weight

Introdução

O crescimento da ovinocultura de corte tem sido impulsionado pelo elevado potencial do mercado consumidor e pela crescente aceitação da carne de cordeiro. Apesar disso, o Brasil não dispõe de produção suficiente para atender a própria demanda. Visando o melhoramento genético de forma adequada e eficiente, a seleção e os cruzamentos precisam ser feitos de maneira estratégica, para tal é necessário o estudo dos parâmetros genéticos dos rebanhos. Dessa forma o objetivo com este trabalho foi estimar parâmetros genéticos e populacionais das características: peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD) para ovinos cruzados Corriedale X Frisona, a fim de subsidiar futuras estratégias para o melhoramento genético.

Material e Métodos

Foram utilizados um total de 476 fenótipos provindos de um pedigree contendo 674 ovinos cruzados Corriedale X Frisona, dos anos de 2019 e 2020 na Fazenda Meia Lua, situada em Lavras do Sul, no estado do Rio Grande do Sul. Os cordeiros foram identificados ao nascimento, pesados, assessorados,



permanecendo ao pé da mãe até o desmame (20 kg) em pastagem de Azevém (*Lolium multiflorum*), recebendo suplementação exclusiva através de *creep-feeding*. As características avaliadas foram: PN e PD, sendo ambas mensuradas em kg.

Para a estimativa dos valores genéticos foi considerado o efeito genético aditivo direto e efeito genético materno. Os efeitos fixos utilizados foram: sexo, tipo de parto (simples ou gemelar), ano de nascimento (2019 ou 2020), formando 8 grupos de contemporâneos (mínimo de 6 observações por grupo), para todas as características avaliadas. As covariáveis usadas no modelo foram: tempo de gestação (TG) para PN (média de 147 dias) e idade do desmame (ID) dos produtos para PD (média de 99 dias).

As análises de consistência foram realizadas no programa R removendo indivíduos duplicados, natimortos e sem identificação. Também foram removidos animais em que as pesagens possuíam variação fora do intervalo de 1,5 interquartis. Após este processo restaram 393 observações para ambas as características estudadas. O modelo utilizado é descrito abaixo:

$$Y = X\beta + Z_1d + Z_2m + e$$

Em que Y = vetor de observações para característica específica no animal (PN ou PD); β = vetor de efeitos sistemáticos; d = vetor aleatório de efeitos genéticos aditivos diretos; m = vetor aleatório de efeitos genéticos maternos; e = vetor aleatório de efeitos residuais; X, Z_1 e Z_2 = matrizes de incidência de efeitos sistemáticos, de efeitos genéticos aditivos diretos e efeitos genéticos aditivos maternos, respectivamente.

As pressuposições assumidas em relação aos componentes para o modelo unicaracterística foram: $E(y) = X\beta$; $d \sim N(0; A\sigma_d^2)$; $m \sim N(0; I\sigma_m^2)$ e $e \sim N(0; I\sigma_e^2)$, onde σ_d^2 , σ_m^2 , σ_e^2 são, respectivamente, a variância genética aditiva direta, variância genética materna e variância residual; A = matriz de parentesco e I = matriz identidade.

Os seguintes programas computacionais da família BLUPF90 (Misztal et al., 2018) foram utilizados: RENUMF90 para recodificação do pedigree, GIBBS3F90 para geração das cadeias MCMC (*Markov Chain/Monte Carlo*) utilizadas para estimação dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos, POSTGIBBSF90 para edição das cadeias. Foram utilizadas três milhões de iterações para formação das cadeias MCMC, *burn in* de um milhão de iterações e *thin* de duzentos e cinquenta. Os critérios de convergência, estacionalidade das cadeias e estatísticas descritivas dos parâmetros foram realizados através do pacote Boa do software R (Smith, 2007), os seguintes testes foram utilizados: Geweke, Heidelberger & Welch, Raftery & Lewis.

Resultados e Discussão

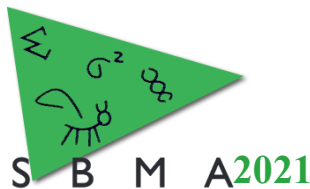
Na Tabela 1 são apresentados os resultados das estatísticas descritivas para PN e PD. As médias de PN e PD deste trabalho são superiores à média da literatura para raça Corriedale pura, respectivamente $3,66 \pm 0,02$ kg e $13,48 \pm 0,14$ kg (Khan et al., 2020).

Tabela 1. Estatísticas descritivas^a para peso ao nascer (PN) e peso ao desmame (PD).

Característica	N	M ± DP	Min-Max	CV (%)
PN	393	4,541 ± 0,681	2,700-6,200	14,996
PD	393	20,873 ± 3,151	12,000-29,000	15,096

^aN: número de animais; M: média; DP: desvio padrão; Min: mínimo; Max: máximo; CV: coeficiente de variação.

A média de PN (4,54 kg), superior à encontrada na literatura, pode estar relacionada ao manejo adotado na propriedade: emprego de pastagens cultivadas de inverno para as fêmeas em gestação e pelo uso da esquila pré-parto, fato que aumenta o consumo alimentar e a biodisponibilidade de nutrientes para o feto. A média de PD (20,87 kg), também superior ao trabalho de (Khan et al., 2020), pode estar relacionada à quatro principais fatores: 1) a mudança na estrutura genética do rebanho, 2) ao genótipo Frisona utilizado em linhagens maternas por sua alta habilidade materna, enfatizando a complementariedade entre raças e vigor híbrido dos cruzados pela heterose, 3) ao uso do *creep-feeding* em pastagem de azevém sendo relatados em literaturas nacionais ganhos médios superiores a 300 g/dia e



4) uso da esquila pré-parto, uma vez que segundo Sphor (2011), há o incremento de 27% na produção de leite e aumento significativo na produção de sólidos totais no leite de fêmeas que passaram pela esquila pré-parto em comparação ao controle.

Na Tabela 2 são apresentados os resultados das estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos. As estimativas de herdabilidades diretas para PN e PD foram respectivamente 0,182 e 0,189, já para herdabilidades maternas foram respectivamente 0,255 e 0,258. Em ambas as características, aproximadamente 25% da variação é explicada pelo efeito genético materno, uma vez que PN e PD sofrem forte influência deste efeito.

Tabela 2. Estimativas^a dos componentes de variância e herdabilidade para peso ao nascer (PN) e peso ao desmame (PD).

Característica	σ_a^2	σ_m^2	σ_e^2	$h_d^2 \pm EP$	$h_m^2 \pm EP$
PN	0,083	0,112	0,246	0,182 \pm 0,007	0,255 \pm 0,004
PD	1,645	2,165	4,609	0,189 \pm 0,007	0,258 \pm 0,004

^a σ_a^2 : componente de variância genética aditiva direta; σ_m^2 : componente de variância genética materna σ_e^2 : componente de variância residual; h_d^2 : herdabilidade direta h_m^2 : herdabilidade materna; EP: erro-padrão.

Os baixos valores de herdabilidade direta encontrados nas características estudadas indicam que existem importantes fatores não genéticos influenciando o peso ao nascer e o peso a desmama dos animais. Entretanto, a existência de variância genética aditiva permite a seleção para PN e PD, o que irá impactar no sistema de produção e incremento do ganho genético nas raças e rebanhos atendidos. Os resultados do presente estudo auxiliam numa melhor compreensão da estrutura genética de ovinos mestiços Corriedale X Frisona de um rebanho localizado na região sul do Brasil. Um maior volume de dados em futuros estudos promoverá maior acurácia nas análises e será essencial para implantação de um futuro programa de melhoramento neste rebanho.

Conclusão

As características avaliadas, PN e PD, apresentam forte efeito materno neste estudo, sendo sugestiva a avaliação do desempenho direto das fêmeas, os dados demonstram haver variação genética suficiente para promover o melhoramento genético para estas características neste rebanho.

Agradecimentos

À Fazenda Meia Lua pela disponibilidade dos dados, à Universidade Federal de Viçosa pela utilização dos servidores e a todos que contribuíram no desenvolvimento deste trabalho.

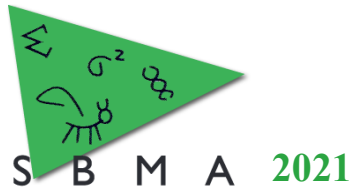
Literatura citada

Khan, N. N. et al. Genetic evaluation of growth performance in Corriedale sheep in J&K, India. **Small Ruminant Research**, 2020. v. 192, n. March, p. 106197.

Misztal, I. et al. **BLUPF90 Family of Programs**. University of Georgia. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/>>. Acesso em: 30 de julho de 2021.

Smith, B. J. boa: An R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. **Journal of Statistical Software**, 2007. v. 21, n. 11, p. 1–37.

Sphor, L.Á. **Desempenho materno-filial de ovinos da raça ideal submetidos à tosquia pré-parto**. Pelotas: UFPEL, 41 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas, 2011.



Consumo alimentar residual e sua relação com características de carcaça e morfométricas em cordeiros da raça Dorper mantidos em confinamento

José Eduardo da Silva Lopes^{1*}, Paola Perez Bóscollo², Francine de Campos Silvério¹, Pablo Dominguez Castaño¹, Amanda Marchi Maiorano¹, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva^{1,2}

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiros” da USP, Piracicaba, SP, Brasil.

³Depto de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: jose.lobes@unesp.br

Resumo: A ovinocultura de corte está em expansão no Brasil devido ao seu potencial de crescimento como atividade agropecuária e pelo aumento da demanda por carne ovina do mercado consumidor. O uso de cordeiros eficientes é relevante para o desenvolvimento econômico da atividade. Objetivou-se estimar correlações entre o consumo alimentar residual (CAR) e características de carcaça e morfométricas em cordeiros da raça Dorper submetidos ao confinamento. Utilizou-se 24 cordeiros (12 machos e 12 fêmeas), com idade e peso inicial médio de $144 \pm 12,5$ dias e $32,79 \pm 5,54$ kg, alojados em baias individuais e submetidos ao teste de eficiência alimentar com duração total de 70 dias (14 dias de adaptação e 56 dias de teste efetivo). O coeficiente de correlação de Pearson foi usado para estimar a correlação entre CAR e as características área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), comprimento corporal (CC), perímetro torácico (PT) e altura de cernelha (AC). As estimativas de correlação foram baixas entre CAR e as características estudadas. Os resultados indicaram que cordeiros da raça Dorper eficientes para CAR não sofreram prejuízos nas características de carcaça, quando submetidos ao confinamento. Além disso, há relação negativa entre CAR e CC, indicando que cordeiros com maior CC se apresentaram mais eficientes para CAR.

Palavras-chave: confinados, correlação, medidas *in vivo*, ovinos, ultrassom.

Evaluation of residual feed intake, carcass and morphometric characteristics of Dorper elite breed lambs in feedlot

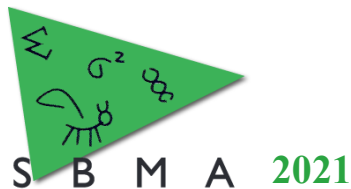
Abstract: Beef sheep farming is expanding in Brazil due to its growth potential as an agricultural activity and the increased demand for sheep meat by the consumer market. The use of efficient lambs is relevant for the economic development of this activity. The aim of this study was to estimate correlations among residual feed intake (RFI) and carcass and morphometric traits in Dorper lambs submitted to feedlot. We used 24 lambs (12 males and 12 females), with initial averages for age and weight of $144 \pm 12,5$ days and $32,79 \pm 5,54$ kg, respectively, kept in individual pens and subjected to feed efficiency testing for a total duration of 70 days (14 days of adaptation and 56 days of actual testing). Pearson's correlation coefficient was used to estimate correlation between RFI and the traits ribeye area (RAL), subcutaneous fat thickness (SGA), body length (BW), chest circumference (TS), and height of the withers (HC). The estimates of correlation were low between RFI and the studied traits. The results indicated that efficient Dorper lambs for RFI do not suffer losses in the carcass traits when submitted to feedlot. Moreover, there is a negative relationship between RFI and BW, indicating that lambs with greater BW are more efficient for RFI.

Keywords: confined, correlation, *in vivo* measurements, sheep, ultrasound.

Introdução

A ovinocultura de corte está em expansão no Brasil devido ao seu potencial de crescimento como atividade agropecuária e pelo aumento da demanda por carne ovina do mercado consumidor. Além disso, a espécie ovina tem boa capacidade produtiva em diversos sistemas produtivos, o que favorece produtores brasileiros.

O uso de cordeiros eficientes é relevante para o desenvolvimento econômico da atividade, tendo como foco a otimização da produção, com produtos de alta qualidade e sustentáveis, que atendam às exigências dos consumidores. Diversos índices de eficiência alimentar foram desenvolvidos durante a busca



pela eficácia na identificação de indivíduos biologicamente eficientes no direcionamento e utilização do alimento. O consumo alimentar residual (CAR), proposto por Koch (1963), é caracterizado pela diferença entre o consumo de matéria seca observado e esperado, e considera o ganho médio diário e o peso metabólico do animal. Contudo, a mensuração do CAR requer estrutura e manejo adequados, fatores que inviabilizam seu uso em rebanhos comerciais.

Para fazer uso do CAR em larga escala, é importante conhecer a relação com outras características de mais fácil mensuração e rotineiras, como características morfológicas, ou então, características economicamente importantes relacionadas à carcaça, por exemplo. Para tanto, objetivou-se estimar a correlação do CAR com características de carcaça e morfométricas em cordeiros da raça Dorper submetidos ao confinamento.

Material e Métodos

Animais da raça Dorper, sendo 12 machos não castrados e 12 fêmeas, com idade inicial média de $144 \pm 12,5$ dias e peso inicial médio de $32,79 \pm 5,54$ kg, foram avaliados. Os animais foram alojados em baias individuais e submetidos ao teste de eficiência alimentar com duração total de 70 dias, sendo 14 dias de adaptação e 56 dias de teste efetivo. O teste foi realizado em propriedade rural localizada na cidade de Pardinho, SP. O experimento foi aprovado pelo Comitê de Ética no Uso de Animais, da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, UNESP (protocolo CEUA 0013/2021).

A dieta foi ofertada duas vezes ao dia, às 8:00 e às 16:00 horas, de maneira *ad libitum*. A formulação da ração seguiu as seguintes composições: silagem de milho e concentrado na proporção de 35:65. Por meio da diferença entre a quantidade de alimento fornecido e a quantidade de alimento presente na sobra, pesadas diariamente antes da primeira refeição, foi possível calcular o consumo individual. Desta maneira, o CAR foi estimado mediante a equação proposta por Koch (1963).

No final do período de teste, os animais passaram por avaliação ultrassonográfica da carcaça para mensuração das medidas de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS), características empregadas usualmente na criação de ovinos de corte, por permitirem avaliação *in vivo* e apresentarem relação direta com a qualidade e rendimento da carcaça. Medidas morfométricas de comprimento corporal (CC), perímetro torácico (PT) e altura de cernelha (AC) também foram mensuradas no final do teste de eficiência alimentar, com o uso de fita métrica e hipômetro.

O coeficiente de correlação de Pearson foi usado para avaliar a correlação (r_{CAR}) entre CAR e as outras características estudadas, por meio do procedimento PROC CORR do programa SAS (Statistical Analysis System, versão 9.2).

Resultados e Discussão

Os valores médios e os respectivos desvios-padrão observados para as características estudadas foram apresentados na Tabela 1. Os resultados indicaram ocorrência de animais eficientes e ineficientes em relação ao CAR. Os valores médios obtidos para AOL e EGS estiveram de acordo com os valores encontrados na literatura (Sobrinho e Osório, 2008), sendo a média da EGS considerada ideal para o abate.

As estimativas de correlação foram de baixa magnitude (Tabela 1). Entre as correlações estimadas, pode-se observar valor mais alto entre CAR e AC (0,26). Estimativa de correlação negativa foi observada entre CAR e CC (-0,20), indicando que animais mais eficientes (CAR mais baixo) foram também os que apresentaram maior CC.

Correlações de baixa magnitude foram observadas entre CAR e as características de carcaça, sendo resultado favorável. De acordo com Santana et al. (2012) e Paula et al. (2012), correlação não significantes entre CAR e características de carcaça indicam que não há prejuízo ou inferioridade dos animais mais eficientes em relação ao acabamento de carcaça. Dessa forma, priorizar animais que sejam mais eficientes em obter aproveitamento dos nutrientes da dieta é relevante para reduzir o custo da alimentação (Fidelis et al., 2017) e manter os índices de AOL e EGS. Outros parâmetros populacionais como correlação genética e herdabilidade das características deveriam ser estudados para compreender as relações entre estas, além do mais, estes parâmetros em conjunto com a correlação fenotípica apresentariam relevância sistêmica na implantação de sistemas de seleção.

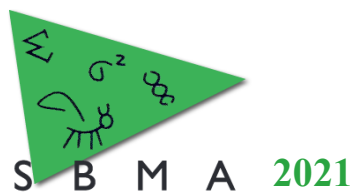


Tabela 1. Estatísticas descritivas e correlação fenotípica entre consumo alimentar residual (kg/dia) e área de olho de lombo (cm²), espessura de gordura subcutânea (mm), comprimento corporal (cm), perímetro torácico (cm) e altura de cernelha (cm) medidos em cordeiros Dorper confinados.

Característica	N_obs	Média	DP	Mínimo	Máximo	r _{CAR} ¹
CAR	24	0,00	0,06	-0,10	0,16	-
AOL	24	10,35	1,88	7,20	13,90	0,07
EGS	24	2,82	0,45	2,30	3,80	0,11
CC	24	75,50	4,19	68,00	83,00	-0,20
PT	24	79,42	4,03	71,00	87,00	0,13
AC	24	56,54	2,40	51,00	61,00	0,26

CAR: consumo alimentar residual; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; CC: comprimento corporal; PT: perímetro torácico; AC: altura de cernelha; N obs: número de observações; DP; desvio-padrão; r_{CAR}: correlação fenotípica com CAR.

Conclusão

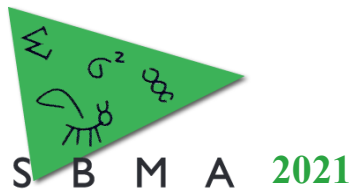
Baixas estimativas de correlação foram obtidas entre CAR e as características de carcaça e morfométricas em cordeiros da raça Dorper mantidos em confinamento. Isto indica que animais fenotipicamente eficientes para CAR não apresentam prejuízos nas características de carcaça quando confinados. Além disso, a obtenção de correlação negativa e favorável entre CAR e CC indica que cordeiros que apresentam maior CC são também os mais eficientes. Estes resultados devem ser utilizados em conjunto com parâmetros genéticos no direcionamento dos objetivos de seleção de programas de melhoramento.

Agradecimentos

A Cabanha Arai Zumbi (Pardinho, SP), na pessoa do Sr. Helcio Alves de Souza. A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro, processo 88887.529059/2020-00.

Literatura citada

- Fidelis, H.A., Bonilha, S.F.M., Tedeschi, L.O., Branco, R.H., Cyrillo, J.N.S.G., Mercadante, M.E.Z. Residual feed intake, carcass traits and meat quality in Nelore cattle. **Meat Science**, v.128, p.34-39. 2017.
- Koch, R.M., Swiger, L.A., Chambers, D., Gregory, K.E. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.22, p.486-494. 1963.
- Paula, E.F.E., Monteiro, A.L.G., Prado, O.R., Cosmo, T.R., Teixeira Júnior, N.S., Kulik, C.H., Teixeira, R.A. Medidas de desempenho e eficiência, características de carcaça mensuradas por ultrassonografia e o consumo alimentar residual de ovinos. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais**, v.10, p.129-135. 2021.
- Silva Sobrinho, A.G., Osório, J.C.S. Aspectos quantitativos da produção de carne ovina. p. 97-119. In: Produção de carne ovina. 3 ed. Jaboticabal. 2008.
- Santana, M.H., Rossi Jr., P., Almeida, R., Cucco, D.C. Feed efficiency and its correlation with carcass traits measured by ultrasound in Nelore bulls. **Livestock Science**, v.145, p.252-257. 2012.



Crescimento, eficiência alimentar e medidas de carcaça em cordeiros da raça Dorper mantidos em confinamento

José Eduardo da Silva Lopes^{1*}, Miller de Jesus Teodoro¹, Matheus Henrique Vargas de Oliveira¹, Pablo Dominguez Castaño¹, Amanda Marchi Maiorano¹, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva^{1,2}

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: jose.lopes@unesp.br

Resumo: A importância da ovinocultura para o Brasil se deve principalmente pelo potencial socioeconômico desta atividade. Os cordeiros ideais devem ser eficientes e apresentar qualidade de carcaça. O objetivo deste estudo foi comparar cordeiros machos e fêmeas da raça Dorper, submetidos a confinamento, para as características peso inicial (PI), peso final (PF), ganho médio diário (GMD), consumo alimentar residual (CAR), área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS). Foram utilizados 24 cordeiros da raça Dorper, com idade média inicial de 142 dias e peso inicial médio de 32,79±5,54 kg. O teste de eficiência alimentar teve duração de 70 dias, sendo de 14 dias de adaptação e 56 dias de teste efetivo. A comparação de médias entre os sexos foi realizada pelo teste de Tukey, considerando significância de 5%. Não foram observadas diferenças para as características PI, CAR e EGS. Diferenças estatísticas foram observadas nas médias de machos e fêmeas para as características PF, GMD e AOL. O entendimento destas características mensuradas em cordeiros machos e fêmeas devem facilitar a implantação e o desenvolvimento de estratégias de seleção.

Palavras-chave: consumo alimentar residual, desempenho, ganho médio diário, ovinos, sexo.

Feed efficiency, growth and carcass traits in confined Dorper lambs

Abstract: Sheep farming is important to Brazil mainly due to its socio-economic potential. Ideal lambs must be efficient and present carcass quality. The aim of this study was to compare male and female Dorper lambs submitted to feedlot for initial weight (IW), final weight (FW), average daily gain (ADG), residual feed intake (RFI), ribeye area (RAL), and subcutaneous fat thickness (SGA). Twenty-four Dorper lambs, with initial age average of 142 days and initial average weight of 32.79±5.54 kg, were used in the experiment. The food efficiency test lasted 70 days, with 14 days of adaptation and 56 days of effective testing. A mean comparison test was performed using the Tukey statistic and significance of 5%. No difference was observed for IW, ADG and SGA. Statistical differences were observed in the averages for males and females for IW, ADG, and RAL ($p<0.05$). The understanding of these traits measured in male and female lambs must facilitate the implementation and development of breeding strategies.

Keywords: average daily gain, performance, residual feed intake, sheep, sex.

Introdução

As vantagens adaptativas, produtivas e reprodutivas de ovinos criados no Brasil são fatores que favorecem a expansão da ovinocultura no país. Além disso, a ovinocultura apresenta elevado potencial socioeconômico devido ao aumento da demanda por produtos de origem ovina. Nos últimos anos, a ovinocultura passou de atividade de subsistência para atividade comercial.

Os sistemas brasileiros de produção de ovinos vêm se modificando e se direcionando para a produção de animais com características ideais ao abate e, conseqüentemente, na produção de carcaças uniformes e com qualidade. Contudo, diversos fatores interferem no desempenho produtivo dos animais como genética, sexo e manejo nutricional, sendo este último o fator de maior impacto no custo produtivo, chegando a 65% do custo total.

Estratégias específicas de avaliação e seleção de animais com base em características de interesse econômico são necessárias para aumentar a rentabilidade e os índices produtivos da ovinocultura de corte. Relevância é atribuída às características de interesse econômico como crescimento, eficiência alimentar e



características de carcaça, uma vez que estas características contribuem para a obtenção de indivíduos com padrões de acabamento desejáveis ao abate. De acordo com Asher et al. (2018), a utilização de ferramentas de melhoramento genético amplia a relevância de animais biologicamente eficientes na utilização de alimento, reduzindo os custos econômicos, possibilitando o maior entendimento das características e beneficiando a uniformização do rebanho. Entretanto, poucos estudos abordando o crescimento, eficiência alimentar e características de carcaça foram realizados na raça Dorper, a raça das mais utilizadas em cruzamentos industriais. Desta forma, o objetivo deste estudo foi comparar cordeiros machos e fêmeas da raça Dorper, em confinamento, para características de crescimento, eficiência alimentar e carcaça.

Material e Métodos

O teste de eficiência alimentar foi realizado em propriedade rural na cidade de Pardinho, São Paulo, obedecendo todas as normas do Comitê de Ética no Uso de Animais da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia/UNESP (protocolo CEUA 0013/2021).

Vinte e quatro cordeiros (12 machos e 12 fêmeas) da raça Dorper, não castrados, com idade média inicial de 142 dias e peso inicial médio de $32,79 \pm 5,54$ kg, foram alojados em baias individuais. Os cordeiros receberam dieta composta de silagem de milho e concentrado na proporção de 65:35. A dieta foi fornecida *ad libitum* duas vezes ao dia, às 8:00 e 16:00 horas. Amostras da dieta foram coletadas semanalmente para análises bromatológicas. O teste teve duração de 70 dias, compreendendo período de adaptação de 14 dias e 56 dias de teste efetivo.

Os cordeiros foram pesados no início de cada período e a cada 28 dias do teste efetivo. Para a obtenção precisa do peso vivo, os animais foram submetidos a jejum sólido de 16 horas antes das pesagens. Ao final do teste, os animais passaram por avaliação ultrassonográfica para obtenção das medidas de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) da carcaça.

O ganho médio diário (GMD) foi calculado pela subtração do peso inicial (PI) do peso final (PF) dividido pelo número de dias de teste efetivo. O consumo foi obtido pela diferença entre o total de alimento oferecido e a quantidade de alimento nas sobras, pesadas diariamente e individualmente antes da primeira refeição. O consumo alimentar residual (CAR) foi calculado por meio da equação proposta por Koch et al. (1963).

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado. Para comparar machos e fêmeas, análises estatísticas de comparação de médias pelo teste de Tukey foram realizadas com uso do procedimento PROC GLM do programa SAS (Statistical Analysis System, versão 9.2), considerando significância de 5% ($p < 0,05$).

Resultados e Discussão

As médias bem como os desvios-padrão dos machos e fêmeas para PI, PF, GMD, CAR, AOL e EGS (Tabela 1) estão próximos aos valores obtidos na literatura em diferentes raças ovinas.

Evidências de diferenças significativas entre os sexos não foram observadas nas características PI, CAR e EGS (Tabela 2). Apesar da média do CAR ser superior nos machos, a semelhança entre os sexos pode ser explicada pelo processamento e definição da característica que é independente do peso corporal e do ganho de peso dos animais (Koch et al., 1963). Em relação a EGS, as médias observadas em ambos os sexos foram próximas ao ideal para o abate (Silva Sobrinho & Osório, 2008).

As médias das características PF, GMD e AOL diferiram estatisticamente entre machos e fêmeas ($p < 0,05$; Tabela 2). O PF e o GMD observados foram maiores nos machos. Estes resultados, confirmam os resultados de diferentes estudos em diferentes espécies, que os animais do sexo masculino devem apresentar maior crescimento devido as divergências do sistema endócrino, principalmente em relação aos hormônios sexuais (Mohammadi et al., 2010). Entretanto, a AOL apresentou-se maior nas fêmeas, com diferença de $1,54 \text{ cm}^2$ em relação aos machos, sugerindo maturidade maior por parte das fêmeas para esta característica.

Tabela 1. Estatísticas descritivas para peso inicial (kg), peso final (kg), ganho médio diário (g/dia), consumo alimentar residual (kg MS/dia), área de olho de lombo (cm^2) e espessura de gordura subcutânea (mm), medidos em ovinos confinados, machos e fêmeas da raça Dorper

Característica	Sexo									
	Machos					Fêmeas				
	N	Média	DP	Mínimo	Máximo	N	Média	DP	Mínimo	Máximo
PI	12	34,00	6,79	24,00	44,50	12	31,58	3,85	26,00	37,50
PF	12	50,19	7,09	40,50	61,50	12	43,97	4,57	36,00	50,50
GMD	12	0,29	0,03	0,18	0,26	12	0,23	0,04	0,21	0,35
CAR	12	-0,01	0,04	-0,08	0,07	12	0,01	0,08	-0,10	0,16
AOL	12	9,58	1,26	7,20	11,80	12	11,12	2,12	7,80	13,90
EGS	12	2,73	0,38	2,30	3,10	12	2,91	0,52	2,30	3,80

PI: peso inicial; PF: peso final; GMD: ganho médio diário; CAR: consumo alimentar residual; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; N: número de observações; DP: desvio-padrão.

Tabela 2. Comparação de médias entre os sexos para peso inicial (kg), peso final (kg), ganho médio diário (g/dia), consumo alimentar residual (kg MS/dia), área de olho de lombo (cm²) e espessura de gordura subcutânea (mm), em cordeiros Dorper confinados

Característica	Sexo*		CV
	Macho	Fêmea	
PI	34,00 ^a	31,58 ^a	16,83
PF	50,19 ^a	43,97 ^b	12,67
GMD	0,29 ^a	0,225 ^b	13,04
CAR	-0,010 ^a	0,010 ^a	0,000
AOL	9,58 ^b	11,12 ^a	16,85
EGS	2,73 ^a	2,91 ^a	16,08

PI: peso inicial; PF: peso final; GMD: ganho médio diário; CAR: consumo alimentar residual; AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; CV: coeficiente de variação. *Médias seguidas de letras diferentes diferem entre si pelo teste de Tukey ($p < 0,05$).

Conclusão

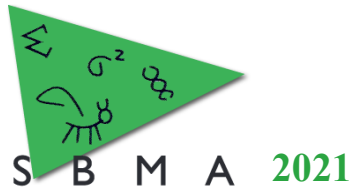
Diferenças para as características PF, GMD e AOL devem ser esperadas entre cordeiros machos e fêmeas da raça Dorper, quando mantidos em confinamento. O conhecimento destas diferenças é essencial para a implementação e o desenvolvimento de estratégias de avaliação e seleção de ovinos.

Agradecimentos

A Cabanha Arai Zumbi (Pardinho, SP), na pessoa do Sr. Helcio Alves de Souza. A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro, processo 88887.529059/2020-00.

Literatura citada

- Asher, A., Shabtay, A., Cohen-Zinder, M., Brosh, A., Miron, J. Consistency of feed efficiency ranking and mechanisms associated with interanimal variation among growing calves. **Journal of Animal Science**, v.96, p.990-1009, 2018.
- Koch, R.M., Swiger, L.A., Chambers, D., Gregory, K.E. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**. v.22, p.486-494, 1963.
- Mohammadi, K., Nassiri, M.T.B., Fayazi, J., Roshanfekar, H. Investigation of environmental factors influence on pre-weaning growth traits in Zandi lambs. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, Pakistan, v.9, p.1011-1014, 2010.
- Silva Sobrinho, A.G., Osório, J.C.S. Aspectos quantitativos da produção de carne ovina. p.97-119. In: Produção de carne ovina. 3 ed. Jaboticabal. 2008.



Efeitos fixos que influenciam a eficiência reprodutiva de ovelhas Santa Inês

Beatriz Bastos Senes^{1*}, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Raphael Bernal Costa¹, Hymerson Costa Azevedo², Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil.

*Autor correspondente: bee_senes@hotmail.com

Resumo: Esse estudo objetivou analisar os efeitos fixos que influenciam a eficiência reprodutiva de ovelhas da raça Santa Inês. Foram utilizadas informações fenotípicas do banco de dados de um rebanho da raça. A eficiência reprodutiva individual das matrizes foi avaliada através do índice calculado pela divisão do peso ao desmame da ninhada de cordeiros pelo peso vivo da matriz ao parto. Os efeitos fixos foram analisados com a utilização de um modelo misto com medida repetida do índice de eficiência reprodutiva individual das ovelhas. Assim, os efeitos fixos que afetaram o índice reprodutivo das ovelhas Santa Inês foram sexo do cordeiro, tipo de parto e ano de nascimento do cordeiro, sendo necessários sua inclusão para avaliação da performance reprodutiva de ovelhas a ser feita posteriormente.

Palavras-chave: reposição, seleção, tipo de parto, peso desmame.

Fixed effects that influence the reproductive efficiency of Santa Inês ewes

Abstract: This study aimed to analyze the fixed effects that influence the reproductive efficiency of Santa Inês ewes. Phenotypic information from the database a sheep herd was used. The individual reproductive efficiency of the dams was evaluated through the index calculated by dividing the weaning weight of the lamb's litter by the live weight of the dam at calving. Fixed effects were analyzed using a mixed model with repeated measure of the individual reproductive efficiency index of the ewes. Thus, the fixed effects that affected the reproductive index of Santa Inês ewes were sex of lamb, birth rank and lamb's birth year, being necessary their inclusion to evaluate the reproductive performance of ewes latter.

Keywords: birth rank, replacement, selection, weaning weight.

Introdução

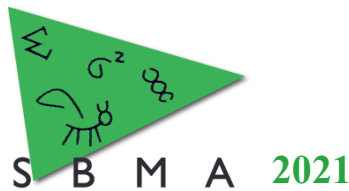
Em ovinos, as principais características reprodutivas avaliadas são idade à puberdade, taxa de acasalamento, fertilidade ao parto, taxa de parição, prolificidade, período de gestação, adaptação ambiental, habilidade materna e intervalo de partos (MAGALHÃES et. al, 2010).

A eficiência reprodutiva possui grande valor econômico associado por estar diretamente relacionado peso total de cordeiros desmamados por matriz. Pettigrew et al. (2018) propuseram um índice para avaliar a eficiência reprodutiva individual de ovelhas (ERi). Ele é calculado pela divisão do peso ao desmame da ninhada de cordeiros (P1t) pelo peso vivo da matriz ao parto (Pvm). Assim, o objetivo desse estudo foi identificar quais os efeitos fixos que influenciam esse índice utilizando informações de sistema semi-intensivo de ovinos da raça Santa Inês.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações fenotípicas do banco de dados referente ao rebanho de ovinos da raça Santa Inês nascidos e criados no Campo Experimental Pedro Arle da Embrapa Tabuleiros Costeiros, entre os anos de 1990 e 2015, localizado na cidade de Aracaju, no estado de Sergipe, Brasil. Os animais foram criados em regime semi-intensivo com acesso a sal mineral e água *ad libitum*.

A eficiência reprodutiva individual (ERi) dos animais foi avaliada através do índice adaptado do modelo desenvolvido por Pettigrew et al. (2018), sendo calculada pela divisão do peso ao desmame da ninhada de cordeiros (P1t) pelo peso vivo da matriz ao parto (Pvm).



$$ERi = \frac{P1t(kg)}{PVM(kg)}$$

Para análise dos efeitos fixos, foi utilizado um modelo misto com medida repetida dos dados referentes ao índice de eficiência reprodutiva individual (ERi) das ovelhas, sendo testados os efeitos fixos de sexo do cordeiro, tipo de parto (simples ou gemelar), ano e estação de nascimento dos cordeiros, no software SAS versão 9.2. Foram consideradas 641 observações de cada variável, após a limpeza dos dados. A variável de sexo foi classificada como 1 para machos e 2 para fêmeas, assim como o tipo de parto foi classificada como 1 para partos simples e 2 para partos gêmeos. O ano de nascimento do cordeiro nos dados limpos variou dos anos 2000 a 2014, enquanto a estação de nascimento foi classificada como 1, para meses de novembro a abril (estação seca), e 2, para meses de nascimento entre maio e outubro (estação chuvosa).

Resultados e Discussão

Foram consideradas 641 observações de cada variável, após a limpeza dos dados. A variável de sexo foi classificada como 1 para machos e 2 para fêmeas, assim como o tipo de parto foi classificada como 1 para partos simples e 2 para partos gêmeos. O ano de nascimento do cordeiro nos dados limpos variou dos anos 2000 a 2014, enquanto a estação de nascimento foi classificada como 1, para meses de novembro a abril (estação seca), e 2, para meses de nascimento entre maio e outubro (estação chuvosa).

1. Valores médios, máximos, mínimos, desvio padrão e valor P dos efeitos analisados.

Efeito	DP	Média	Mínimo	Máximo	Valor P
Sexo	0,5003606	1,5054602	1	2	<0,0001*
Tipo de parto	0,5003899	1,4992200	1	2	<0,0001*
Ano de nascimento do cordeiro			2000	2014	<0,0001*
Estação de nascimento do cordeiro	0,4058249	1,7925117	1	2	0,0941

DP: desvio padrão; *p < 0,05.

Os efeitos de sexo, tipo de parto, ano de nascimento do cordeiro foram significativos (p < 0,05) sobre o índice de eficiência reprodutiva. Já a variável de estação de nascimento apresentou um valor P de 0,0941, sendo não significativo. Portanto, os efeitos devem incluídos no modelo de avaliação da eficiência reprodutiva.

Esses resultados corroboram com os achados de Loureiro et al. (2016), em que o tipo de parto também foi incluído no modelo de avaliação da performance reprodutiva de ovelhas. Pettigrew et al. (2018) também consideraram os efeitos fixos de tipo de parto, sexo do cordeiro, idade da avó e data de nascimento do cordeiro.

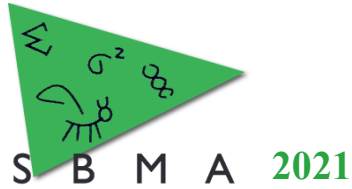
Conclusão

Conclui-se que os efeitos fixos que afetam o índice reprodutivo das ovelhas Santa Inês são o sexo, o tipo de parto e o ano de nascimento do cordeiro. O índice deve usar esses efeitos para correção do índice e proceder futuras comparações de performance reprodutiva das ovelhas.

Literatura citada

Loureiro M.F.P., Pain S.J., Kenyon P.R., Blair H.T. 2016. Reproductive performance of singleton and twin female offspring born to ewe-lamb dams and mature adult dams. In Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production (Vol. 76, pp. 151-154). **New Zealand Society of Animal Production.**

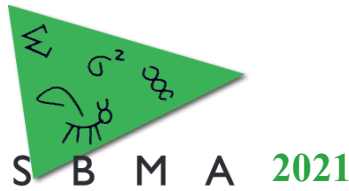
Magalhães A.F.B., Facó O., Lôbo R.N.B., Villela, L.C.V. 2010. Raça Somalis brasileira: origem, características reprodutivas e desenvolvimento ponderal. **Embrapa Caprinos e Ovinos-Documents (INFOTECA-E).**



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

Pettigrew E.J., Hickson R.E., Morris S.T., Kenyon P.R., Pain S.J., Blair H.T. 2018. Does being born a single or twin, or to a yearling or mature dam affect efficiency of ewes? Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Volume Electronic Poster Session - Species - Ovine, 2018 ,434.

Pettigrew E.J., Hickson R.E., Morris S.T., Lopez-Villalobos N., Kenyon P.R., Pain S.J., Blair H.T. 2019. The effects of birth rank (single or twin) and dam age on the lifetime productive performance of female dual purpose sheep (*Ovis aries*) offspring in New Zealand. **PloS one**.



Detecção e quantificação de fraudes em leite e produtos lácteos de ovinos

Hiago Polli^{1*}; Bianca Tainá Azevedo²; Rodrigo Giglioti³ Anibal Eugênio Vercesi Filho³

¹ Graduação em Medicina Veterinária – FACICA – Campos Gerais-MG, Brasil

² Doutoranda em Ciência Animal – UNESP/FCAV, Jaboticabal-SP, Brasil.

³ Pesquisador do CPGRA Instituto de Zootenia, Nova Odessa –SP, Brasil

*Autor correspondente: hiagopollivet@gmail.com

Resumo: Apesar de ser uma atividade recente no Brasil, o mercado de leite e produtos lácteos de ovinos apresenta alta capacidade de geração de renda para o produtor pelo elevado valor agregado dos produtos (principalmente queijos finos). Com valor agregado maior em comparação com os produtos lácteos de bovinos, a adição de quantidades variáveis de leite de vaca durante a fabricação pode ocorrer, o que constitui fraude por adulteração do produto. Assim, o presente estudo desenvolveu um novo método baseado em PCR em Tempo Real quantitativa (qPCR) para detectar e quantificar DNA bovino em amostras de leite e derivados lácteos de ovinos. As reações de qPCR foram baseadas em primers que flanqueiam o gene da região do DNA mitocondrial (*mtDNA*) de bovinos e ovinos. As curvas de calibração para cada primer-específico foram padronizadas, assim como, os limites de detecção foram estabelecidos e permitiram a quantificação de cada espécie e o limite de detecção foi de 0.016 ng para ambas as espécies.

Palavras-chave: adulteração, fiscalização, genética molecular, produtos lácteos.

New methodology for detecting fraud in sheep milk and dairy products

Abstract: Despite being a recent activity in Brazil, the sheep milk and dairy products market has a high income generation capacity for the producer due to the high added value of the products (mainly fine cheeses). With greater added value compared to dairy products from bovines, the addition of variable amounts of cow's milk during manufacturing can occur, which constitutes fraud by adulteration of the product. Thus, the present study developed a new method based on Real-Time PCR to detect and quantify bovine DNA in milk samples and derivatives of goats. The qPCR reactions were based on primers that flank the same gene of the mitochondrial region (*mtDNA*) of the two evaluated species, cattle and sheep.

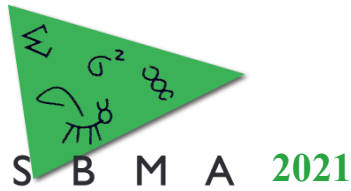
Keywords: adulteration, dairy products, inspection, molecular genetics.

Introdução

A ovinocultura leiteira vem crescendo no Brasil, principalmente nas regiões Sul, Suldeste e Centroeste (Bianchi et al, 2018) em que o queijo se destaca como o principal produto. O leite de ovelha apresenta um rendimento superior de duas vezes ou mais quando comparado aos leites de cabra e vaca (Brito et al, 2006).

Produtos oriundos do leite de ovinos, assim como os de búfalos e caprinos, possuem maior valor agregado e maior valor comercial em relação ao leite de vaca, o que faz com que eventualmente, esses produtos sejam adulterados pela adição do leite de vaca.

De acordo com Azevedo et al (2021), existem vários métodos para detectar fraudes em leite como cromatografia, eletroforese, imunológico, fluorescência. Os autores desenvolveram nesse estudo duas metodologias baseadas em técnicas de genética molecular, para detectar fraude em leite e produtos lácteos de bubalinos por adição de leite de vaca, e mostraram que ambos os métodos foram capazes de discriminar e detectar com precisão a presença de DNA bovino em amostras de DNA bubalino de amostras de leite ou derivados. Assim, o presente estudo desenvolveu um novo método baseado em PCR



em Tempo Real para detectar e quantificar DNA bovino em amostras de leite e derivados lácteos de ovinos.

Material e Métodos

Nesse estudo foram usadas três amostras de DNA de leite de cada espécie (bovino e ovino, provenientes do banco de DNA do Instituto de Zootecnia-IZ, SP) e duas amostras de queijo (cedidas pela Cabanha Gran Sierra, Cunha-SP). A extração de DNA dos produtos lácteos foi realizada de acordo com o método de Reale et al. (2008), com algumas modificações preconizadas por Azevedo et al., (2021). As amostras de DNA de leite de ambas as espécies foram submetidas às reações de PCR. Para a reação de PCR, conjuntos de oligonucleotídeos iniciadores foram desenhados usando as sequências que flanqueiam o gene do DNA mitocondrial (*mtDNA*) para cada espécie (ovino e bovino). Os produtos da amplificação foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 2,0%, corados com brometo de etídio e visualizados sob luz ultravioleta. Os produtos de PCR foram purificados e submetidos às reações de sequenciamento. As sequências de DNA obtidas foram alinhadas e comparadas com as já depositadas no GenBank. As similaridades também foram avaliadas pelo BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

Para a PCR quantitativa (qPCR), um conjunto de oligonucleotídeos iniciadores foi desenhado usando as regiões que também flanqueiam parte do gene *mtDNA* delimitadas pelos oligonucleotídeos desenhados para PCR convencional. As reações de qPCR foram realizadas em volumes final de 10µL, usando o equipamento Rotor-Gene Q (Qiagen, Venlo, Holanda). Cada reação continha 5,4 µL de água ultra-pura, 2 µL de máster mix 5 × HOT FIREPol EvaGreen® HRM (Solis Biodyne, Tartu, Estônia), 0,3 µL de cada primer (10 µM) e 2 µL de DNA (10 ng). Uma amostra de controle negativo foi incluída em cada ensaio de qPCR. A qPCR foi realizada utilizando as seguintes condições: 95 ° C por 12 min (ativação enzimática), seguida de 35 ciclos de 95 ° C por 15 s (desnaturação), 63 ° C por 20 s (anelamento) e 72 ° C por 20 s (extensão). A curva de dissociação foi produzida em ciclo único adotando-se a variação de temperatura entre 60 - 95 °C com incremento de 0,5°C com 5 segundos para cada passo. As corridas de qPCR foram realizadas de acordo com os oligonucleotídeos específicos para bovinos e ovinos, e para cada ensaio de qPCR foram usados como controles amostras de bovinos e ovinos previamente sequenciadas.

As especificidades de cada oligonucleotídeo específico foram verificadas quanto à presença ou ausência de amplificações não específicas e pela temperatura da curva de dissociação (°C). A sensibilidade analítica de cada par de oligonucleotídeo específico foi avaliada usando diluições seriadas (5^1 a 5^{-5} , ou 10 ng a 0,0032 ng) de controles de amostra de DNA de cada espécie, usando cinco repetições técnicas de cada amostra e foram submetidas às reações de qPCR. As curvas de calibração foram analisadas conjuntamente entre bovinos e ovinos.

Resultados e Discussão

Alimentos com certificação e garantia de origem tem recebido cada vez mais atenção e remuneração principalmente por parte do consumidor final. Fraudes em leite cru, principalmente voltados para fabricação de queijos tem sido prática constante, principalmente pela adição de leite de vaca em leite de ovinos, caprinos e bubalinos (Zarei et al, 2016). Em estudo com pequenos produtores de caprinos na região Nordeste do Brasil, Rodrigues et al (2012) encontraram 41,2% de contaminação com leite bovino em leite caprino. Zarei et al (2016) encontraram que 72,5% das amostras de iogurte e 80% das amostras de queijo comercializados como puros de ovinos estavam contaminados com leite de bovino e caprino, no Irã. Técnicas de PCR tem sido relatadas para detecção de fraudes por adição de leite bovino em búfalos (Azevedo et al, 2021) e caprinos (Rodrigues et al, 2012).

Os fragmentos de PCR foram específicos para cada oligonucleotídeo específico permitindo seu uso para reações de sequenciamento. As sequências de cada espécie foram submetidas ao banco de dados do GenBank, e então puderam ser usadas como controles nas reações de qPCR.

Os conjuntos de oligonucleotídeos desenhados para os ensaios de qPCR para cada espécie também foram específicos e não apresentaram amplificações inespecíficas quando contrastadas com amostras inespecíficas (bovino x ovino). Cada conjunto de oligonucleotídeos também mostrou temperaturas de curvas de dissociação distintas.

O limite de detecção encontrado para cada espécie foi o mesmo, 0,016 ng (Fig. 1). As curvas de calibração usando as diluições seriadas de cada amostra específica permitiram quantificar e estimar os limites de detecção de cada espécie-específica. As concentrações de 10 ng utilizadas para cada espécie permitiram que as curvas de amplificação apresentassem ciclos quantitativos (Cq) semelhantes e, assim, permitiram a quantificação conjunta de ambas às espécies (Fig 1).

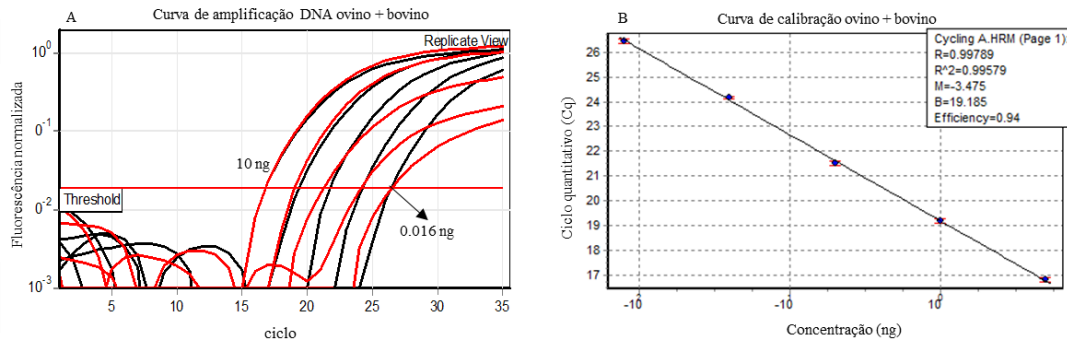


Figura 1. Curvas de amplificação e eficiência da reação a partir de análises comparativas específicas de espécies. A: bovino (linha preta) e ovinos (linha vermelha); B: curva de calibração conjunta usando amostras de DNA bovinos e ovinos; $r^2=0,996$, slope (M)=-3,475 e Eficiência da reação= 94%.

Conclusão

A metodologia desenvolvida se mostrou altamente específica e sensível em detectar e quantificar a presença de leite bovino em leite e produtos lácteos de ovinos.

Agradecimentos

À Cabanha Gran Sierra pela cessão do material genético e produtos lácteos que possibilitaram a realização deste projeto.

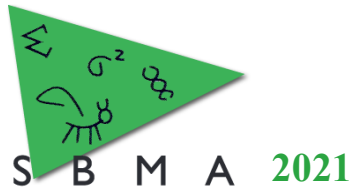
Literatura citada

Azevedo, B. T.; Vercesi Filho, A. E.; Gutmanis, G.; Verissimo, C. J.; Katiki, L. M., Okino, C. H.; Oliveira, M. C. S.; Giglioti, R. New sensitive methods for fraud detection in buffalo dairy products. *International Dairy Journal* 117, 2021.

Bianchi, A.E.; Macedo, V.P.; Silva, A.S.; Silveira, A.L.F.; Hill, J.A.G.; Zortéa, T.; Rossi, R.M.; Batista, R. Effect of the addition of protected fat from palm oil to the diet of dairy sheep. *R. Bras. Zootec.*, 47:e20160137, 2018.

Brito, M. A.; González, F. D.; Ribeiro, L. A.; Campos, R.; Lacerda, L.; Barbosa, P. R. and Bergmann, G. 2006. Composição do sangue e do leite em ovinos leiteiros do sul do Brasil: Variações na gestação e lactação. *Ciência Rural* 36:942-948.

Rodrigues, N.P.A.; Givisiez, P.E.N.; Queiroga, R.C.R.E.; Azevedo, P.S.; Gebreyes, W.A.; Oliveira, C.J.B. Milk adulteration: Detection of bovine milk in bulk goat milk produced by smallholders in northeastern Brazil by a duplex PCR assay. *J. Dairy Sci.* v. 95 p. 2749-2752, 2012.



Comparação de métodos de agrupamento de ovinos por parâmetros de resistência a verminoses

Leonardo Sartori Menegatto^{1*}, Ricardo Dutra do Bem², Luara Afonso de Freitas¹, Luiza Vage Coelho Sartori², Nedenia Bonvino Stafuzza², Claudia Cristina Paro de Paz²

¹Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

²Centro de Pesquisa de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP, Brasil.

*Autor correspondente: leonardomenegatto@gmail.com

Resumo: Os nematoides hematófagos são relevantes causadores de anemia e provocam perdas na ovinocultura. Considerando os diferentes parâmetros de resistência a verminoses, objetivou-se aferir se a proteína plasmática total e o escore de condição corporal apresentam diferenças entre grupos de animais estratificados por diferentes indicadores de resistência a esses parasitas. Testou-se 746 ovinos da raça Santa Inês, em três repetições para volume globular e ovos por grama de fezes para estratificar a população nos grupos resistente e susceptível utilizando (1) método de permutações com verossimilhança, envolvendo todos os animais, e (2) somente utilizando os 100 animais com valores mais divergentes. Também se (3) realizou o agrupamento apenas definindo os dois grupos, entre o conjunto total de animais, com o ponto de truncamento de 22% para volume globular. A correlação entre as classificações independentes de ovos por grama de fezes e volume globular foi moderada, o que provavelmente se deve à tolerância de determinados animais. Nesse sentido, não houver diferenças entre os dois parâmetros indiretos quando utilizado somente o parâmetro de ovos por grama de fezes. A permutação somente considerando volume globular ou o uso desse atributo com valores extremos apresentou diferença entre ambos os parâmetros avaliados, mas o agrupamento que se mostrou mais adequado foi pelo uso do limiar de 22%.

Palavras-chave: anemia; escore de condição corporal; ovos por grama de fezes; tolerância; proteína plasmática total; volume globular.

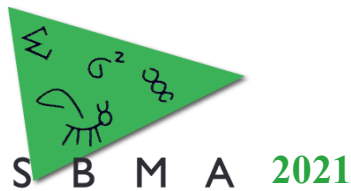
Comparison among cluster methods to group sheep by resistance to worms

Abstract: Hematophagous nematodes are relevant causes of anemia and losses in sheep farming. Considering the different parameters of resistance to worms, we aimed to assess whether parameters such as total plasma protein and body condition score present differences between groups of animals stratified by different indicators of resistance to these parasites. 746 Santa Inês sheep were tested in three times for corpuscular volume and faecal egg count to cluster the animals into resistant and susceptible groups using (1) probability permutations method involving all animals, and (2) only using the 100 animals with the most divergent values. (3) We also grouped all the animals only defining two groups separated by 22% for corpuscular volume. The correlation between the independent classifications of faecal egg count and corpuscular volume was moderate, which is probably due to the resilience of a bunch of animals. In this sense, there are no differences between the two indirect parameters when using faecal egg count. The permutation only considering corpuscular volume or the use of this attribute with extreme values showed a difference between both evaluated parameters, but the grouping that proved to be more adequate was the use of the 22% threshold.

Keywords: anemia; body conditional score; corpuscular volume; faecal egg count; resilience; total plasma protein.

Introdução

Os nematoides hematófagos são relevantes agentes gastrointestinais que provocam perdas na ovinocultura, especialmente causando anemia em animais susceptíveis (Albers et al., 1987). Tal condição sanitária é verificada por parâmetros diretos e indiretos, cuja mensuração pode ser utilizada como critério de seleção para resistência a verminoses. Objetivou-se aferir se parâmetros como a proteína plasmática total e o escore de condição corporal apresentam diferenças entre grupos de animais estratificados por diferentes indicadores de resistência a nematoides gastrointestinais.



Material e Métodos

Testou-se 746 ovinos da raça Santa Inês, oriundos de três rebanhos, mensurados em três repetições ao longo do tempo (medidas longitudinais) para volume globular e proteína plasmática total, obtidos pela coleta e avaliação de sangue; ovos por grama de fezes, obtido pela contagem em microscópio de ovos de parasitas nas fezes; e escore de condição corporal, obtido por uma medida subjetiva relativa à conformação corpórea e ao ganho de peso.

Foram utilizados os parâmetros de ovos por grama de fezes e volume globular para estratificar a população nos grupos resistente e susceptível a partir de programação original em R (R Project, 2021), utilizando (1) permutações, estabelecendo pontos de truncamento por verossimilhança com todos os animais; e (2) somente utilizando os 100 animais com valores mais divergentes, com 50 indivíduos por grupo. Adicionalmente, (3) realizou-se o agrupamento apenas definindo os dois grupos, entre o conjunto total de animais, com o ponto de truncamento de 22% para volume globular, conforme proposto por Reynecke et al. (2011) para classificar anemia. Os parâmetros médios de proteína plasmática total e escore de condição corporal foram comparados entre os grupos, nas três divisões, a partir do teste de Tukey, com 5% e 1% de significância.

Resultados e Discussão

A correlação entre as classificações independentes de ovos por grama de fezes (OPG) e volume globular (VG) não ultrapassou o limite de 55%, o que provavelmente se deve à tolerância de determinados animais, os quais apresentam infecção relativamente elevada (alto OPG), mas não exibem anemia (alto VG). As diferenças quanto aos parâmetros de proteína plasmática total e escore de condição corporal não foram significativas quando os dados utilizados para o agrupamento foram ovos por grama de fezes, seja para todos os animais, seja apenas para os mais díspares.

A permutação somente considerando volume globular ou o uso desse atributo com valores extremos apresentou diferença ($\alpha = 5\%$) entre ambos os parâmetros avaliados, mas sem diferença significativa entre as duas formas de estratificação, com maior divergência observada para escore de condição corporal (Tabela 1). O uso do limiar de 22% para volume globular, conforme proposto por Reynecke et al. (2011), revelou diferenças altamente significativas ($\alpha = 1\%$) entre escore de condição corporal (Tabela 1) e proteína plasmática total (Tabela 2).

Tabela 1. Comparação de escore de condição corporal pelo teste de Tukey entre os métodos de agrupamento por permutação e verossimilhança e por limiar de 22% (Reynecke et al., 2011) para classificar os ovinos entre resistentes e susceptíveis a nematoides gastrointestinais a partir do volume globular.

Grupo	Método de agrupamento	
	Permutação ^{1*}	Limiar de 22% ^{1**}
Resistente	3,6 a	3,2 a
Susceptível	2,7 b	2,1 b

¹Letras diferentes indicam diferenças entre os grupos; *significância sob $\alpha = 5\%$; **significância sob $\alpha = 1\%$.

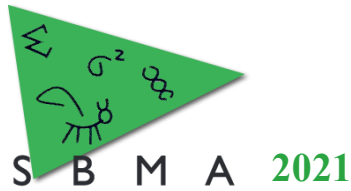


Tabela 2. Comparação de proteína plasmática total pelo teste de Tukey entre os métodos de agrupamento por permutação e verossimilhança e por limiar de 22% (Reynecke et al., 2011) para classificar os ovinos entre resistentes e susceptíveis a nematoides gastrointestinais a partir do volume globular.

Grupo	Método de agrupamento	
	Permutação ^{1*}	Limiar de 22% ^{1**}
Resistente	6,9 a	6,8 a
Susceptível	6,4 b	5,9 b

¹Letras diferentes indicam diferenças entre os grupos; *significância sob $\alpha = 5\%$; **significância sob $\alpha = 1\%$.

Os resultados demonstram que os parâmetros de proteína plasmática total e escore de condição corporal apresentam relevante relação com volume globular, podendo direcionar o agrupamento dos animais e indicar possível critério de seleção. A classificação proposta por Reynecke et al. (2011), ainda que mais simples, mostrou-se o método mais efetivo.

O fenômeno da tolerância, conforme discutido para a correlação moderada entre volume globular e ovos por grama de fezes, explica igualmente a falta de agrupamento adequado quando utilizado o último critério. Uma vez que animais tolerantes podem exibir alta contagem de ovos, sua presença no grupo errôneo quanto à anemia tende a enviesar o modelo. Consequentemente, os valores de proteína plasmática total e escore de condição corporal não diferiram quando essa foi a abordagem adotada.

Conclusão

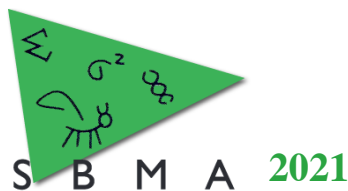
Demonstrou-se ser possível classificar os animais por volume globular pelos diferentes métodos propostos – permutação com verossimilhança utilizando todos os animais, uso de animais extremos ou limiar com base na literatura – sendo o último o que apresentou melhor estratificação. Outros estudos do gênero são encorajados, sendo relevante considerar a tolerância nos modelos de agrupamento para que os eventuais vieses não inviabilizem a correta estratificação dos animais.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Processo 2018/01540-2) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior.

Literatura citada

- Albers, G.A.A.; Gray, G.D.; Piper, L.R.; Baker, J.S.F.; Le Jambre, L.F.; Barger, I.A. 1987. The genetics of resistance and resilience to *Haemonchus contortus* infection in young merino sheep. **International Journal for Parasitology**, 17, 1355-1363.
- Reynecke, D.P.; Van Wyk, J.A.; Gummow, B.; Dorny, P.; Boomker, J. 2011. Application of ROC curve analysis to FAMACHA© evaluation of haemonchosis on two sheep farms in South Africa. **Veterinary Parasitology**, 177, 224-230.
- R Project. 2021. **The R project for statistical computing**. Disponível em <<http://www.r-project.org>>. Acesso em: 11 de agosto de 2021.



Deteção e visualização de corridas de homozigidade e desequilíbrio de ligação em populações de ovinos

Alana Selli^{1*}, Ricardo Vieira Ventura¹, Pablo Augusto de Souza Fonseca², Marcos Eli Buzanskas³, Lucas Tassoni Andrietta¹, Júlio César de Carvalho Balieiro¹, Luiz Fernando Brito⁴

¹Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

²Centre for Genetic Improvement of Livestock, Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Guelph, ON, Canada.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, PB, Brasil.

⁴Department of Animal Sciences, College of Agriculture, University of Purdue, West Lafayette, IN, USA.

*Autor correspondente: alana.selli@usp.br

Resumo: Este estudo teve como objetivos a observação dos perfis de corridas de homozigidade (ROH) de populações ovinas selecionadas com objetivos distintos, e a elucidação da relação entre o desequilíbrio de ligação (LD) e a conservação das ROH. Foram utilizados 1.186 ovinos de 17 populações com diferentes objetivos de seleção (carne, leite, lã ou seleção natural). Observou-se perfis distintos de ROH para as diferentes populações. Os números e tamanhos de ROH foram compatíveis com o histórico de formação das respectivas populações, e proporcionais aos coeficientes de endogamia previamente reportados para as mesmas. Além disso, a visualização de blocos de LD juntamente com as ROH mais frequentes na população indicou que regiões de alta homozigidade apresentam uma elevação no LD, no entanto, diversas regiões genômicas com alto LD não apresentaram aumento de homozigidade, indicando que outros fatores devem influenciar a formação das ROH.

Palavras-chave: adaptação, diversidade genética, endogamia, seleção artificial.

Detection and visualization of runs of homozygosity and linkage disequilibrium in sheep populations

Abstract: The objective of this study was to observe the Runs of Homozygosity (ROH) profiles of sheep populations selected for distinct objectives, and to elucidate the relationship between Linkage Disequilibrium (LD) and the conservation of ROH. 1.186 sheep genotypes from 17 populations, selected for different purposes (meat, milk, wool, or natural selection), were used in our investigation. It was observed a distinction of the ROH profiles among the populations. The number and length of ROH were compatible with the history of formation of the populations, and proportional to the inbreeding coefficients previously reported for such populations. Furthermore, the visualization of LD blocks along with frequent ROH in the populations, indicated that regions of high homozygosity show an increase in LD. However, many genomic regions of high LD did not present a higher homozygosity, indicating that other factors play a role in the formation of ROH.

Keywords: adaptation, artificial selection, genetic diversity, inbreeding.

Introdução

A espécie ovina foi uma das primeiras espécies a serem domesticadas pelo homem. Apesar de estar presente no mundo todo e apresentar raças selecionadas com objetivos diferentes, os tamanhos populacionais e níveis de endogamia apontam uma maior conservação da diversidade genética desta espécie quando comparada à espécie bovina, por exemplo (Kijas et al., 2012). As corridas de homozigidade, do inglês Runs of Homozygosity (ROH), são segmentos homozigotos contínuos no genoma, que podem surgir do acasalamento de animais aparentados (Gibson et al., 2006). Analisar o perfil das ROH em uma população pode ser informativo acerca do histórico da população, uma vez que ROH longas indicam acasalamentos endogâmicos recentes, e curtas, antigos, pois ao passar das gerações eventos de recombinação ocasionam a quebra das ROH. Assim, a presença de desequilíbrio de ligação, ou Linkage Disequilibrium (LD), que

corresponde à associação não randômica entre alelos em diferentes loci em uma dada população, pode ser importante para a conservação das ROH ao passar das gerações. No entanto, a associação entre ROH e LD ainda não foi claramente estabelecida. A fim de elucidar esta questão, o presente estudo teve como objetivos: (i) observar a variação entre os perfis de ROH de populações ovinas selecionadas com objetivos distintos e (ii) compreender a relação entre o LD presente nestas populações e a conservação das ROH.

Material e Métodos

Foram utilizados dados genótipicos disponibilizados pelo Consórcio Internacional de Genômica de Ovinos (Kijas et al., 2012), originalmente obtidos via painel Illumina® OvineSNP50. 1.186 indivíduos de 17 populações foram escolhidos para este estudo, e destas, 6 foram selecionadas para a produção de lã, 6 para carne, 3 para leite, e 2 desenvolveram-se sob seleção natural. Como critério para o controle de qualidade aplicados aos genótipos, foram removidos marcadores em cromossomos não autossômicos ou com missing call rate > 0.05, assim como indivíduos com missing call rate > 0.05. Um total de 46.095 marcadores foram mantidos, e nenhum indivíduo foi excluído. O controle de qualidade foi realizado utilizando o programa PLINK v1.9 (Purcell et al., 2007). O pacote R detectRUNS (Biscarini et al., 2018) foi utilizado para a detecção das ROH, de acordo com os seguintes parâmetros: (i) método Sliding Windows, as ROH devem apresentar (ii) mínimo de 20 marcadores (SNPs), (iii) comprimento mínimo de 1.000 kb, (iv) espaço máximo entre SNPs de 250 kb, e (v) no máximo 1 SNP missing e 1 heterozigoto, a (vi) densidade mínima de SNPs foi de 1 a cada 70 kb, (vii) o tamanho da janela foi de 20 SNPs, e (viii) o limiar da janela de 0.05. Ilhas de homozigosidade foram definidas conforme a metodologia descrita por Purfield et al. (2017). O nível de LD (r^2) foi calculado para cada população individualmente, utilizando o programa PLINK v1.9 (Purcell et al., 2007). Um controle de qualidade diferente do original foi aplicado para esta análise, removendo SNPs com frequência alélica do alelo menor (MAF) inferior a 0.05 em cada população, e SNPs com missing call rate inferior a 0.1.

Resultados e Discussão

Foram detectados um total de 80.639 ROH, com média de $67,99 \pm 47,32$ por animal. A maior ROH foi de 50.908 kb, identificada na população East Friesian Brown (EFB). A população Australian Poll Merino (APM) apresentou a menor cobertura por ROH (98.308 kb), enquanto Soay apresentou ambos a maior cobertura por ROH (484.828 kb) e o maior número de ROH (188,4). Kijas et al. (2012) reportou o coeficiente de endogamia (F) das populações utilizadas neste estudo. As populações que apresentaram os maiores F também apresentaram maior cobertura por ROH e número de ROH, e vice-versa. A Figura 1 apresenta a distribuição e o tamanho das ROH no cromossomo OAR2 de três populações, como exemplo. A distinção entre os perfis de ROH entre as populações é evidente. A população APM apresentou um baixo número de ROH, na sua maioria de tamanho pequeno. As populações EFB e Soay apresentaram os maiores números de ROH, porém a primeira apresentou um maior número de ROH de tamanho longo (mais de 16 Mb), e a segunda apresentou um maior número de ROH pequenas. Estes resultados refletem o histórico de formação destas populações. EFB é uma raça intensivamente selecionada para a produção de leite e apresenta endogamia recente, enquanto que a raça Soay vive isoladamente em uma ilha há centenas de anos (McHugo et al., 2019), tendo provavelmente sofrido acasalamentos endogâmicos mais frequentes no passado.

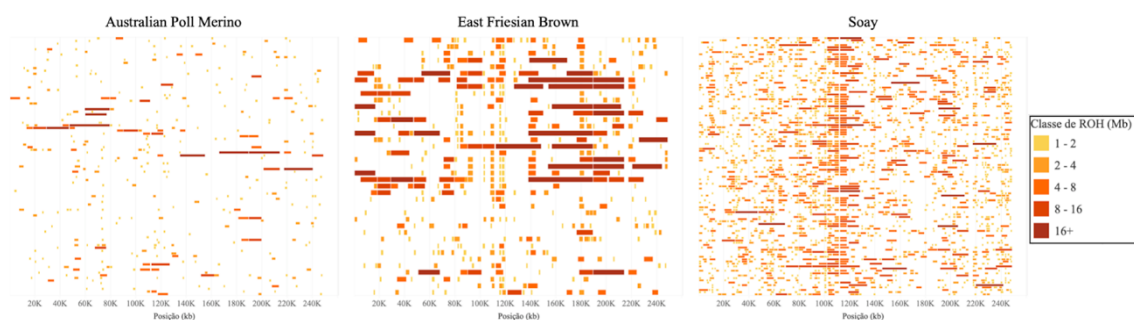


Figura 1. Distribuição de corridas de homozigidade (ROH) no cromossomo OAR2 de três populações de ovinos, onde cada linha representa um indivíduo e o eixo x representa a posição em kb no cromossomo. A escala de cores representa os comprimentos das ROH, divididos em 5 classes.

A Figura 2 apresenta um exemplo de visualização de ilhas de homozigidade, ROH detectadas com alta frequência em uma dada população, e regiões em LD. Os parâmetros de LD descritos na Figura 2 foram aplicados para selecionar apenas blocos em alto desequilíbrio para serem exibidos, e foram alterados durante o desenvolvimento deste estudo para um entendimento amplo acerca do LD presente nos genomas das populações estudadas. Assim, foi possível observar uma alta variação no número de blocos de LD e valores de r^2 para as diferentes populações, mesmo em regiões com ilhas em comum (Figura 2), sendo estes, maiores em populações com alto F. A observação ampla da associação entre ilhas de homozigidade e LD indicou uma tendência de aumento de LD próximo a regiões de ilhas, entretanto, foram observadas diversas regiões de alto LD sem a presença destas, indicando que o aumento de homozigidade e consequente formação de ROH e ilhas possivelmente se deve a um ou mais fatores além do LD.

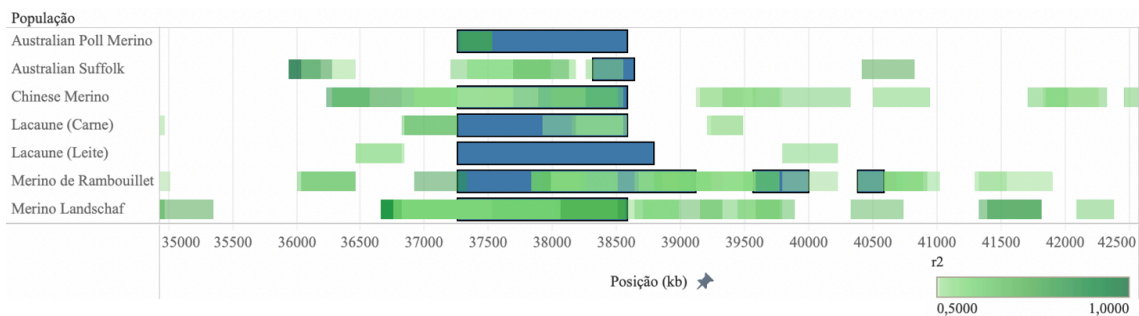


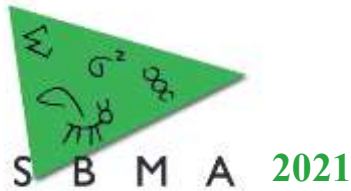
Figura 2. Visualização de ilhas de homozigidade (azul) e desequilíbrio de ligação (verde), calculado entre pares de marcadores com distância entre 250 e 1.000 kb, em que $r^2 > 0,5$.

Conclusão

Foi possível observar que diferentes populações de ovinos apresentam perfis de ROH distintos que refletem seu histórico de formação, bem como o número e os comprimentos de ROH apresentam correlação com o coeficiente de endogamia de tais populações. Além disso, o LD tende a ser maior em regiões onde as ROH são frequentes na população, apesar de não ser o único fator a atuar na formação de tais regiões.

Literatura citada

- Biscarini, F. et al. 2018. detectRUNS: an R package to detect runs of homozygosity and heterozygosity in diploid genomes. **CRAN (The Comprehensive R Archive Network)**.
- Gibson, J.; Morton, N. E. & Collins, A. 2006. Extended tracts of homozygosity in outbred human populations. **Human Molecular Genetics**, 15(5), 789–795.
- Kijas, J. W. et al. 2012. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. **PLoS Biology**, 10(2).
- McHugo, G. P. et al. 2019. A Population Genomics Analysis of the Native Irish Galway Sheep Breed. **Frontiers in Genetics**, 10, 1–13.
- Purcell, S. et al. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**, v. 81, n. 3, p. 559–575, 2007.
- Purfield, D. C. et al. 2017. The distribution of runs of homozygosity and selection signatures in six commercial meat sheep breeds. **PLoS ONE**, 12(5), 1–23.



Genes candidatos funcionais para eficiência alimentar: revisão sistemática e análise funcional dos resultados de GWAS

Iris Assis Aganete^{1*}, Gabriela Canabrava Gouveia¹, Clélia Soares de Assis¹, Luiz Gustavo Vieira da Silva², Sofia de Paula Ribeiro Tarabal², Idalmo Garcia Pereira³

¹Doutoranda em Zootecnia no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Escola de Veterinária da UFMG, Belo Horizonte, MG, Brasil.

²Graduando em Medicina Veterinária pela UFMG, Belo Horizonte, MG, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária da UFMG, Belo Horizonte, MG, Brasil.

*Autor correspondente: aganeteiris@gmail.com

Resumo: Objetivou-se realizar uma revisão sistemática usando dados de GWAS, que avaliou eficiência alimentar (EA) em espécies de interesse produtivo, para identificar genes candidatos funcionais (GCF) comuns entre as espécies. A busca dos artigos foi realizada nas plataformas PubMed e Google Scholar, através de 180 combinações de palavras-chave e os artigos foram selecionados com base em critérios de elegibilidade pré-definidos. A identificação dos GCF foi realizada usando abordagens onde os genes candidatos posicionais foram priorizados pelo princípio de “culpa por associação” e meta-análise. Foram selecionados 22 artigos da revisão sistemática, onde foram extraídos a informação de 1886 marcadores. Foram identificados 172 genes candidatos posicionais compartilhados por pelo menos duas espécies diferentes. Entre os 172 genes, cinco genes (SOX17, PENK, GRM5, CTNND1, KRAS) foram priorizados como GCF portanto, considerados relevantes para EA. A descoberta de GCF compartilhados entre diferentes espécies podem trazer novas considerações para o conhecimento atual da arquitetura genética da EA, uma vez que, os marcadores associados a estes genes podem ser atribuídos com pesos mais elevados na seleção genômica e validados em populações específicas.

Palavras-chave: GUILDiDify, meta-análise, SOX17, ToppGene.

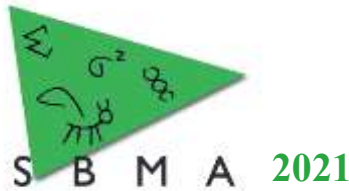
Functional candidate genes for feed efficiency: systematic review and functional analysis of GWAS results

Abstract: The objective was to carry out a systematic review using GWAS data, which evaluated feed efficiency (FE) in species of productive interest, to identify common functional candidate genes (FCG) between species. The search for articles was performed on the PubMed and Google Scholar platforms, using 180 keyword combinations, and the articles were selected based on pre-defined eligibility criteria. The identification of FCG was performed using approaches where positional candidate genes were prioritized by the principle of “guilt by association” and meta-analysis. Twenty-two articles were selected from the systematic review, where information from 1886 markers were extracted. 172 positional candidate genes shared by at least two different species were identified. Among the 172 genes, five genes (SOX17, PENK, GRM5, CTNND1, KRAS) were prioritized as FCG therefore considered relevant for FE. The discovery of FCG shared between different species may bring new considerations to the current knowledge of the genetic architecture of EF, since the markers associated with these genes can be assigned higher weights in genomic selection and validated in specific populations.

Keywords: GUILDiDify, meta-analysis, SOX17, ToppGene.

Introdução

A demanda por alimentos de origem animal (como carne e lácteos) tende a aumentar nos próximos anos concomitantemente, existe uma limitação em relação ao uso da terra e dos recursos naturais para a expansão da produção bem como observa-se aumentos contínuos nos custos com a alimentação dos rebanhos. Assim, a seleção para eficiência alimentar (EA) tornou-se uma ferramenta relevante para



enfrentamento destes problemas isso porque, a EA pode ser melhorada reduzindo o consumo sem afetar a produção e/ou, inversamente, aumentando a produção sem aumentar o consumo.

Ademais, o desenvolvimento de tecnologias eletrônicas que permitem a mensuração automática e individual do consumo de ração, levaram a uma coleta de registros fenotípicos e avaliação mais fácil da EA e com os recentes avanços em metodologias genômicas, a inclusão da EA nos índices de seleção tornou-se mais viável e pertinente.

Os GWAS é uma metodologia bastante útil para identificar variantes genéticas associados a EA, e as análises funcionais podem ser usadas para completar os resultados dos GWAS de modo que, com essas análises seja possível agrupar genes e funções relacionadas e limitar o número total de experimentos a serem realizados através da validação funcional dos genes (Oliver et al., 1998).

Até onde se sabe, este é o primeiro estudo de revisão sistemática para identificar GCF para EA que usa, simultaneamente, diferentes espécies de interesse produtivo. Desse modo, os objetivos desse estudo foram realizar uma revisão sistemática usando dados de GWAS que avaliou EA em espécies de interesse produtivo e identificar GCF, que sejam compartilhados entre as diferentes espécies. Adicionalmente, pretendeu-se reforçar a importância das revisões sistemáticas na descoberta de marcadores associados à EA que podem ser úteis para validar achados de estudos em uma população específica.

Material e Métodos

A busca pelos artigos da revisão sistemática foi realizada nas plataformas PubMed e Google Scholar, durante o período de 2010 a fevereiro de 2020. Os artigos precisavam apresentar necessariamente texto completo disponível, ser publicado em inglês e ser avaliado por dois julgadores.

Os artigos foram recuperados em ambas as plataformas por meio de 180 combinações de palavras-chave compostas pelas características indicadoras de EA, pelo design de estudo (GWAS ou *genome wide association study*) e pelas espécies de interesse produtivo (bovinos, frangos, suínos, ovinos e caprinos – todas as variações em inglês foram usadas nas combinações, por exemplo *bovine* e *cattle*).

Foram excluídos os artigos duplicados recuperados pelos avaliadores. Posteriormente, após atender a pelo menos um dos critérios de elegibilidade listados a seguir o artigo foi ou não incluído na revisão sistemática. Os critérios de elegibilidade foram: apresentar obrigatoriamente os marcadores ou janelas genômicas associados às características indicadoras de EA; apresentar informações suficientes sobre os marcadores ou janelas genômicas; apresentar marcadores que tivessem p-valor $> 10^{-4}$ ou janelas genômicas que explicassem pelo menos 5% da variância genética aditiva.

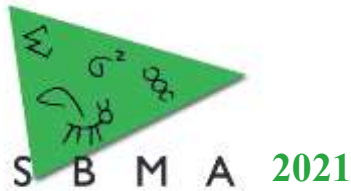
Após a leitura completa dos artigos, foram removidos os que não descreveram a versão do genoma referência da espécie e os que não foi possível obter contato com seus autores para obter informações fundamentais para a realização deste estudo. Por fim, todos os marcadores e janelas apresentadas nos artigos e/ou no material suplementar, quando disponível, foram anotados. As localizações (cromossomo/posição) dos marcadores foram atualizadas com base na versão do genoma referência atual de cada espécie.

A anotação do gene candidato posicional foi realizada pelo pacote do R/GALLO onde genes dentro de um intervalo de 1Mb (500 kb a jusante e 500 kb a montante) foram anotados.

A priorização do gene como GCF foi realizada no GUIDify (Aguirre-Plans et al., 2019) e ToppGene (Chen et al., 2009). No GUIDify foi obtida uma lista treinada de genes, onde os 100 genes mais bem classificados foram usados para compor a lista. A informação funcional compartilhada pela lista de genes recuperados no pacote R/GALLO e a lista treinada foi usada para realizar uma análise multivariada no ToppGene e através de estatísticas de meta-análise, os p-valores obtidos para cada informação de anotação, foi combinado em um p-valor geral. Os genes que estavam presentes em ambas as lista foram selecionados automaticamente como GCF. Uma taxa de falsa descoberta (FDR) para correção múltipla foi considerada e os genes com p-valor $\leq 10e^{-3}$ foram mostrados como GCF. Esta abordagem de meta-análise seguida por correção FDR, reduz substancialmente o número de genes candidatos funcionais falsos positivos.

Resultados e Discussão

Foram selecionados 22 artigos na revisão sistemática após todas as etapas de inclusão/exclusão dos artigos. Considerando estes estudos, foram extraídos a informação de 1886 marcadores associados às características indicadoras de EA. O número de marcadores extraídos dos artigos representa a arquitetura



poligênica da EA, de modo que pode ser identificados muitos marcadores significativos e/ou muitas janelas genômicas explicando mais de 5% da variância genética aditiva (Brunes et al., 2020).

Além disso, observou-se a sobreposição de 38 marcadores entre os artigos selecionados ou entre as características avaliadas, o que corrobora com o fato de que a seleção intensiva para EA esteja aumentando a frequência de um número cumulativo de marcadores (Lam et al., 2020). Isso seria relevante pois, embora a EA ser uma característica poligênica existe genes centrais que controlam sua variação e a seleção intensiva para EA pode aumentar a frequência de marcadores específicos associados a estes genes centrais (Lam et al., 2020).

Foram identificados 172 genes candidatos posicionais compartilhados entre pelo menos duas espécies de interesse produtivo e desses 5 genes foram priorizados como GCF, sendo eles os genes SOX17, PENK, GRM5, CTNND1, KRAS. As análises funcionais aplicadas nesta revisão sistemática permitiram a identificação de FCG interessantes, relacionados à regulação de processos biológicos cruciais envolvidos na variação da EA, como por exemplo taxa de crescimento, resposta imune e controle do consumo de ração mas é necessário cuidado para saber se existe alguma relação específica de uma espécie, raça, sexo ou idade. Assim, os efeitos dos genes envolvidos em cada um dos processos identificados precisam ser testados em avaliações genômicas para confirmar o ganho potencial e a confiabilidade do uso dos GCF aqui relatados para selecionar animais divergentes para EA.

Conclusão

A revisão de literatura é uma etapa relevante no processo de identificação de GCF pois, através dos artigos encontrados é possível identificar um conjunto de genes candidatos posicionais anotados em torno dos marcadores extraídos dos artigos. Por meio de análises de priorização dos genes candidatos posicionais é possível selecionar um subconjunto de GCF que sejam mais prováveis de estar envolvidos na variação fenotípica da EA. Além disso, o uso de informações de diferentes espécies permite realizar uma melhor identificação de GCF.

Dessa maneira, os marcadores que abrigam os GCF compartilhados entre diferentes espécies, obtidos neste estudo, podem ser atribuídos com peso mais elevado na seleção genômica e posteriormente podem ser validados em uma população específica.

Agradecimentos

Gostaríamos de agradecer o apoio financeiro da CAPES através da concessão de bolsa de estudo de mestrado.

Literatura citada

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, 2477-2484.

Brunes L.C., Baldi F., Lopes F.B., Lôbo R.B., Espigolan R., Costa M.F.O., Stafuzza N.B. & Magnabosco C.U. 2020. Weighted single- step genome- wide association study and pathway analyses for feed efficiency traits in Nellore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 138, 23-44.

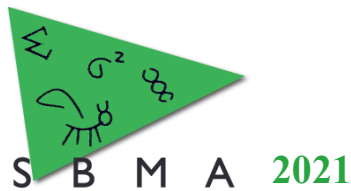
Chen J., Bardes E.E., Aronow B.J. & Jegga A.G. 2009. ToppGene Suite for gene list enrichment analysis and candidate gene prioritization. **Nucleic acids research**, 37, 305-311.

Lam S., Zeidan J., Miglior F., Suárez-Vega A., Gómez-Redondo I., Fonseca P.A.S., Guan L.L., Waters S. & Cánovas A. 2020. Development and comparison of RNA-sequencing pipelines for more accurate SNP identification: practical example of functional SNP detection associated with feed efficiency in Nellore beef cattle. **BMC Genomics**, 21, 703.

Oliver S.G., Winson M.K., Kell D.B. & Baganz F. 1998. Systematic functional analysis of the yeast genome. **Trends Biotechnol**, 16, 373-378.

Organismos Aquáticos





Acurácia da imputação de genótipos ao nível de sequência em tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

Baltasar Fernandes Garcia Neto^{1,2}, Grazyella Massako Yoshida², José Manuel Yáñez², Roberto Carvalheiro^{1,3*}

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, RM, Chile.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: roberto.carvalheiro@unesp.br

Resumo: Os objetivos deste estudo foram avaliar a viabilidade da imputação de genótipos de aproximadamente 50 mil polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) para o nível de sequência em tilápia do Nilo, e o impacto do número de animais usados como referência. Foram utilizados dados de sequenciamento completo do genoma de 326 tilápias que pertencem a 3 populações diferentes (P_A , P_B e P_C). Dois cenários foram avaliados dentro de cada população usando 10 ou 90% dos animais da mesma população como referência. A acurácia de imputação foi analisada através da correlação entre os genótipos imputados e observados, assim como o número final de SNPs imputados com acurácia maior que 0.8. Houve um aumento expressivo na acurácia de imputação individual quando se aumentou a proporção de animais usados como referência (31,5% maior para P_A e 24,6% para P_B e P_C). O número de SNPs imputados com acurácia maior que 0,8 aumentou de 24.791 para 585.283 em P_A , 47.857 para 595.759 em P_B e 30.650 para 543.525 em P_C . O aumento no número de animais como referência provavelmente favoreceu a construção e rastreamento de haplótipos compartilhados entre os animais de validação e referência aumentando a acurácia. Concluímos que é possível imputar a nível de sequência usando dados de tilápia, mas se faz necessário aumentar a quantidade de animais na população de referência ou usar como referência animais que sejam de linhagens ascendentes a população-alvo para aumentar o número de SNPs imputados com maior acurácia.

Palavras-chave: imputação, sequenciamento de genoma completo, tilápia.

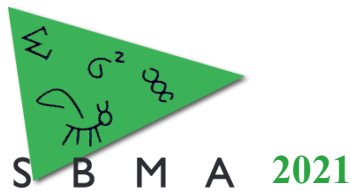
Accuracy of genotype imputation to sequence level in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)

Abstract: The aims of this study were to evaluate the feasibility of imputing genotypes from approximately 50,000 single nucleotide polymorphisms (SNPs) to the sequence level in Nile tilapia, and the impact of the number of animals used as reference. Whole genome sequence data from 326 tilapia belonging to 3 different populations (P_A , P_B and P_C) were used. Two scenarios were evaluated within each population using 10 or 90% of animals from the same population as reference. The imputation accuracy was evaluated through the correlation between the imputed and observed genotypes, as well as the final number of imputed SNPs with accuracy greater than 0.8. There was a significant increase in the accuracy of imputation per individual when the proportion of animals used as reference was increased (31.5% higher for P_A and 24.6% for P_B and P_C). The number of imputed SNPs with accuracy greater than 0.8 increased from 24,791 to 585,283 in P_A , 47,857 to 595,759 in P_B and 30,650 to 543,525 in P_C . The increase in the proportion of reference animals likely favored the construction and tracking of shared haplotypes between the validation and reference animals, increasing the accuracy. We concluded that it was possible to impute to sequence level using tilapia data, but it is necessary to increase the number of animals in the reference population or use as reference animals that are ascendant to the target population in order to increase the number of imputed SNPs with greater accuracy.

Keywords: imputation, whole genome sequencing, tilapia.

Introdução

Os recentes avanços em biotecnologia molecular e análises quantitativas têm permitido a incorporação de informação genômica nos programas de melhoramento genético na aquicultura. Espera-se que os genótipos obtidos por meio de sequenciamento completo do genoma (WGS), com milhões de



polimorfismos de nucleotídeo únicos (SNPs), ofereçam melhores resultados tanto para predição genômica quanto para estudos de associação amplo do genoma (GWAS) em comparação com os painéis disponíveis com milhares de SNPs. Isto, porque genótipos provenientes de WGS podem incluir uma maior proporção de marcadores com alelos mais raros. Devido aos altos custos associados à tecnologia de WGS em comparação aos painéis de SNPs, a imputação de genótipos é uma estratégia econômica e efetiva para se obter informação genômica a nível de sequência para animais que disponham de informação genotípica em menor densidade. Os objetivos deste estudo foram avaliar a viabilidade da imputação de genótipos de aproximadamente 50 mil SNPs ao nível de sequência em tilápia do Nilo, e o impacto do aumento da proporção de animais como referência.

Material e Métodos

Os animais usados neste estudo pertencem a três diferentes populações de tilápia do Nilo. A primeira população (P_A) é do Brasil e pertence à corporação AquaAmerica que tem como fundadores animais da linhagem GIFT importados originalmente da Malásia em 2005. A segunda população (P_B) é da Costa Rica e pertence à Aquacorporación Internacional que tem como fundadores animais de diferentes populações de Israel, Cingapura, Taiwan e Tailândia que deram origem à linhagem GIFT. A última população P_C é da mesma empresa e país da P_B , mas que tem como fundadores animais de uma mistura de populações da oitava geração da GIFT e duas linhagens africanas que também deram origem à GIFT.

O DNA de 326 animais (57 P_A , 126 P_B e 143 P_C) foi extraído a partir de amostras de nadadeiras usando um kit de purificação Wizard Genomic (Promega). O sequenciamento das amostras foi realizado em um equipamento Illumina HiSeq 2500. Após o sequenciamento e alinhamento, um controle de qualidade inicial de genótipos foi aplicado para remover: inserções / deleções, SNPs não bialélicos, genótipos com escore de qualidade (phred) <15, SNPs mitocondriais e SNPs atribuídos a outros que não os 23 cromossomos. Em seguida, um novo controle de qualidade foi aplicado, mas, dessa vez, separado por população. Os seguintes critérios de exclusão foram aplicados: equilíbrio de Hardy-Weinberg com valor de $p < 1 \times 10^{-8}$, frequência de alelo menor (MAF) <0,01 e taxa de leitura de SNPs <0,80. Um filtro final foi aplicado para manter apenas os SNPs que eram comuns entre as três populações restando 4,6 milhões SNPs para a densidade final de imputação.

O tamanho da população de referência foi testado dentro de cada população exclusivamente (os animais de referência e validação eram da mesma população). Foram avaliados dois cenários de tamanhos de referência: 10_{REF} e 90_{REF}, correspondendo a proporção de 10 ou 90% dos animais de cada população, respectivamente. A imputação foi realizada usando o software FImpute v3 (Sargolzaei et al., 2014), dividindo cada população de validação aleatoriamente em 10 grupos. Os animais do conjunto de validação tiveram seus genótipos mascarados mantendo apenas 49.216 SNPs que são os mesmos SNPs utilizados em um painel comercial (Yañez et al., 2019). Finalmente, os animais-alvo tiveram os genótipos imputados ao nível de sequência usando os cenários de referência descritos anteriormente. Para avaliar a acurácia da imputação, usamos o quadrado do coeficiente de correlação de Pearson entre os genótipos imputados e observados (R^2). Também contabilizamos o número final de SNPs imputados com acurácia maior ou igual a 0,8 considerando os 10 grupos de validação.

Resultados e Discussão

No geral, a acurácia da imputação de genótipos por animal apresentou resultados intermediários (Tabela 1). O cenário com a correlação individual média mais baixa entre os genótipos imputados e observados (R^2) foi $P_{A_10_{REF}}$ ($0,37 \pm 0,04$) e os mais altos foram $P_{B_90_{REF}}$ e $P_{C_90_{REF}}$ ($0,57 \pm 0,07$ para ambos cenários). Houve uma diferença clara na acurácia de imputação entre os cenários que usaram 10 e 90% da mesma população como referência. O aumento no R^2 foi igual a 0,17 para P_A e 0,14 para P_B e P_C quando 90% dos animais foram usados como referência. A mesma tendência foi observada no número de SNPs imputados com acurácia superior a 0,8, em que 24.791, 47.857 e 30.650 SNPs foram obtidos em cenários com 10% dos animais como referência em comparação com 585.283, 595.759 e 543.525 em cenários com 90% dos animais como referência para P_A , P_B e P_C , respectivamente.

O sucesso na imputação de genótipos é fortemente afetado pela relação entre animais de referência e validação. Se os animais-alvo são descendentes imediatos dos animais de referência, por exemplo, um número relativamente baixo de animais de referência é suficiente para se obter alta acurácia de imputação

(Hayes et al., 2012). Por outro lado, uma relação mais distante entre os grupos exigiria um maior número de animais como referência para imputar com maior acurácia. Isso acontece porque a maioria dos softwares de imputação (incluindo o FImpute3) buscam haplótipos compartilhados entre animais de referência e validação para prever os genótipos ausentes. A construção e rastreamento do haplótipo é mais precisa para indivíduos mais próximos porque eles compartilham blocos haplotípicos mais longos exigindo menos animais para um mesmo nível de acurácia (Sargolzaei et al., 2014). No presente estudo, há laços genéticos fracos entre os animais dentro de cada população (resultado não apresentado). Como resultado, a mudança na proporção dos animais usados como referência teve um grande impacto na acurácia da imputação.

Júnior et al. (2021) alcançaram melhores resultados de imputação com dados de sequência de bovinos da raça Nelore. Comparando com este estudo observamos que, outros fatores, como maior densidade do painel de validação e maior cobertura de sequenciamento, podem também ser determinantes na obtenção de melhores resultados.

Ao considerar apenas os SNPs com acurácia de imputação maior que 0,8, seria possível obter aproximadamente 600 mil SNPs com acurácia individual média entre 0,92 e 0,95 para cenários com 90_{REF}.

Tabela 1. Correlação média individual entre genótipos imputados e observados (R^2), número (SNPs>0,8) e R^2 médio individual ($R^2>0,8$) de SNPs imputados com acurácia maior que 0,8 em cada cenário.

^a Cenário	$R^2 \pm EP$	SNPs>0,8 $\pm EP$	$R^2>0,8 \pm EP$
P _A _10 _{REF}	0,37 \pm 0,04	24.791 \pm 7.582	0,86 \pm 0,06
P _A _90 _{REF}	0,54 \pm 0,07	585.283 \pm 112.914	0,95 \pm 0,06
P _B _10 _{REF}	0,43 \pm 0,05	47.857 \pm 4.190	0,85 \pm 0,04
P _B _90 _{REF}	0,57 \pm 0,07	595.759 \pm 48.323	0,92 \pm 0,07
P _C _10 _{REF}	0,43 \pm 0,05	30.650 \pm 2.267	0,85 \pm 0,05
P _C _90 _{REF}	0,57 \pm 0,07	543.525 \pm 73.811	0,92 \pm 0,07

^aP_A, P_B e P_C: População A, B e C, respectivamente; 10_{REF} e 90_{REF}: 10 e 90% de animais de cada população como referência, respectivamente; EP: erro-padrão.

Conclusão

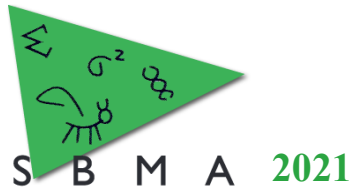
Foi possível imputar com alta acurácia de 50 mil para aproximadamente 600 mil SNPs utilizando dados de sequência de tilápia aumentando a proporção de animais de referência de cada população para 90%. A utilização de mais animais ou de animais de linhagens ascendentes como referência poderia auxiliar o processo de imputação para se obter uma quantidade maior de SNPs imputados com alta acurácia.

Agradecimentos

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

Literatura citada

- Hayes, B.J.; Bowman, P.J.; Daetwyler, H.D.; Kijas, J.W.; & Van der Werf, J.H.J. 2012. Accuracy of genotype imputation in sheep breeds. **Animal genetics**, 43, 72-80.
- Júnior, G.A.F.; Carvalheiro, R.; Oliveira, H. N.; Sargolzaei, M.; Costilla, R.; Ventura, R.V.; Fonseca, L.F.S.; Neves, H.H.R.; Hayes, B.J.; & Albuquerque, L.G. 2021. Imputation accuracy to whole-genome sequence in Nelore cattle. **Genetics Selection Evolution**, 53, 1-10.
- Sargolzaei, M.; Chesnais, J.P.; & Schenkel, F.S. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. **BMC genomics**, 15, 1-12.
- Yáñez, J.M.; Yoshida, G.; Barria, A.; Palma-Véjares, R.; Travisany, D.; Díaz, D.; Cáceres, G.; Cádiz, M.I.; López, M.E.; Lhorente, J.P.; Jedlicki, A.; Soto, J.; Salas, D.; & Maass, A. 2020. High-throughput single nucleotide polymorphism (SNP) discovery and validation through whole-genome resequencing in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Marine Biotechnology**, 22, 109-117.



Estimativas de endogamia baseadas em pedigree e corridas de homozigose em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

Isabella Almeida Ferreira^{1*}, Baltasar Fernandes Garcia Neto¹, José Manuel Yáñez², Roberto Carvalheiro^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, RM, Chile.

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, Brasília, DF, Brasil.

*Autor correspondente: ia.ferreira@unesp.br

Resumo: As estimativas de coeficientes de endogamia baseados em corridas de homozigose (Froh) apresentam vantagens em relação as estimativas obtidas com a informação de pedigree (Fped), dado que medem diretamente a homozigose do genoma. Esse estudo teve como objetivo estimar a endogamia de duas populações de tilápia do Nilo, a partir de informações do pedigree e de corridas de homozigose. Nas análises de Froh, foram utilizadas informações de genótipos de 2.848 animais. Foi realizado controle de qualidade no qual marcadores foram removidos com base no equilíbrio de Hardy Weinberg ($p\text{-value} < 10^{-15}$) e taxa de genotipagem (call rate) menor que 0,95 totalizando 36.080 SNPs. As análises de Froh foram realizadas com uso do pacote detectRUNS do software R. A estimação da endogamia do pedigree foi realizada considerando 130.049 animais e o uso do programa BLUPF90. As estimativas de Fped para a POP_A e POP_B foram iguais a 2,01% e 2,18%, respectivamente. Por outro lado, as estimativas médias de Froh foram de 8,32% e 9,22% (POP A e POP B) sendo mais elevadas do que para Fped. Estes resultados de endogamia estão próximos do limite máximo aceitável para tilápias e sugerem que o coeficiente de endogamia baseado em pedigree subestima os resultados.

Palavras-chave: autozigosidade, genômica, tilapicultura.

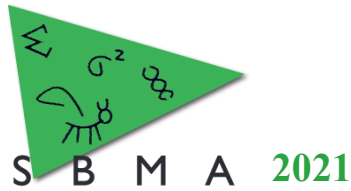
Inbreeding estimates based on pedigree and runs of homozygosity in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)

Abstract: Estimates of inbreeding coefficients based on runs of homozygosity (Froh) have advantages over pedigree estimates (Fped), as they directly measure genome homozygosity. This study aimed to estimate the inbreeding of two Nile tilapia populations, based on pedigree information and runs of homozygosity. In the Froh analyses, genotype information from 2,848 animals was used. Quality control was performed in which markers were removed based on Hardy Weinberg equilibrium ($p\text{-value} < 10^{-15}$) and call-rate less than 0.95 totaling 36,080 SNPs. Froh analyzes were performed using detectRUNS package of R software. The estimation of the pedigree inbreeding was performed considering 130,049 animals and the use of the BLUPF90 software. Fped estimates for POP_A and POP_B were equal to 2.01% and 2.18%, respectively. On the other hand, the mean Froh estimates were 8.32% and 9.22% (POP A and POP B) being higher than for Fped. These inbreeding results are close to the maximum acceptable limit for tilapia and suggest that the pedigree-based inbreeding coefficient underestimates the results.

Keywords: autozygosity, genomics, tilaculture.

Introdução

Os programas de melhoramento genético de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) apresentam expressivo desenvolvimento nos últimos anos. Entretanto, no geral, altas taxas de endogamia são encontradas nesses programas, decorrentes principalmente da restrição quanto ao número de famílias disponíveis para reprodução. O incremento no grau de parentesco aumenta a frequência de homozigose e, consequentemente, eleva as chances de expressão de genes deletério indesejáveis e de ocorrência de



depressão endogâmica (Oliveira et al., 2011). Em vista disso, quantificar o coeficiente de endogamia das populações se faz extremamente necessário na tilapicultura.

Tradicionalmente, este coeficiente é calculado a partir do monitoramento de informações de pedigree (Fped), que são utilizadas para compor a matriz de parentesco “A”, obtida por meio do valor esperado da proporção de loci idênticos por descendência. Apesar disso, essa técnica de estimação é pouco precisa, dado que não considera a endogamia dos fundadores da população, para os quais não se tem informação de pedigree. Atualmente, com os avanços das tecnologias genômicas, se faz possível a identificação e caracterização de regiões em homozigose (ROHs), a partir de informações genotípicas, permitindo que se calcule coeficientes de endogamia baseados em ROHs (Froh). Portanto, esse estudo tem por objetivo estimar a endogamia de duas populações de tilápia do Nilo, a partir de informações do pedigree e de corridas de homozigose.

Material e Métodos

Foram utilizadas duas populações independentes (POP_A e POP_B) de tilápias do Nilo formadas por oito gerações selecionadas para taxa de crescimento. O arquivo de pedigree totalizou 130.049 indivíduos dos quais 2.848 foram genotipados no ano de 2017, utilizando o painel comercial SNP Illumina BeadChip 50K. Foi realizado controle de qualidade no qual marcadores foram removidos com base no equilíbrio de Hardy Weinberg ($p\text{-value} < 10^{-15}$) e taxa de genotipagem (call rate) menor que 0,95, totalizando 36.080 SNPs para as análises, após o controle de qualidade.

As corridas de homozigose (ROH) foram identificadas em cada animal utilizando o método de janelas deslizantes do pacote detectRUNS do software R (Biscarini et al., 2019). Os parâmetros aplicados para definir um segmento como ROH foram: tamanho de janela de 15 SNPs, threshold de 0.135, número máximo de SNPs heterozigotos de 0, número máximo de SNPs missing de 1, número mínimo de SNPs de 15, janela máxima de 500kb, comprimento mínimo de 1000kb e densidade mínima de 1/50 (SNP/kb). Os coeficientes de endogamia baseados em ROH (Froh) foram estimados para cada animal somando todos os segmentos em homozigose e dividindo pelo comprimento do genoma. Para cada indivíduo foram calculados a Froh total (Froh_{tot}) e de cinco classes de comprimento: 1-2, 2-4, 4-8, 8-16 e > 16 Mb. O coeficiente de endogamia com base no pedigree (Fped) foi calculado para cada animal o uso do programa BLUPF90 (Misztal et al., 2002).

Resultados e Discussão

Os valores do coeficiente de endogamia médio Fped para POP_A e POP_B obtidos foram iguais a 2,01% e 2,18%, respectivamente. Estes valores são considerados de baixa magnitude e indicam baixo nível de endogamia na população em estudo. Por outro lado, as estimativas médias Froh_{tot} (Tabela 1) foram mais elevadas que Fped e se diferiram entre as duas populações sendo a POP_B mais endogâmica que a POP_A. Como regra geral, são aceitáveis incrementos menores que 1% de endogamia por geração para que não ocorra efeitos deletérios na população (Ponzoni et al., 2010). Desse modo, considerando as populações já passaram por 8 gerações de seleção, os resultados encontrados de Froh_{tot} estão próximos do limite máximo aceitável. Uma possível solução para diminuir a endogamia nessas populações seria o acasalamento de indivíduos de linhagens diferentes, inclusive entre indivíduos da Pop_A e da Pop_B.

A diferença observada entre Fped e Froh_{tot} está de acordo com o observado na literatura, sugerindo-se que o Fped subestima o valor verdadeiro da endogamia. De acordo com Curik et al. (2014) isso ocorre porque a informação de pedigree possui limitações como não quantificar a proporção exata do genoma que é idêntica por descendência (IBD), além de não levar em consideração as variações decorrentes dos processos de meiose, além de assumir que os animais fundadores são não aparentados e não endogâmicos. No entanto, também sabemos que variação da densidade dos painéis de genotipagem pode afetar fortemente a qualidade de estimação de Froh dado que painéis com menores densidades de SNPs tendem a superestimar o Froh (Ferenčaković et al., 2013). Sendo assim, estudos utilizando uma maior densidade de SNPs poderiam ajudar a estimar a Froh de maneira mais precisa.

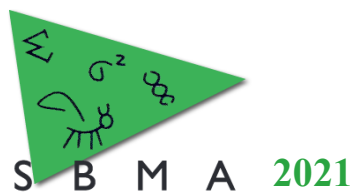


Tabela 1. Estatística descritiva dos coeficientes de endogamia baseados em corridas de homozigose de duas populações de tilápia do Nilo

Coeficiente ¹	População A		População B	
	Média (D.P.)	Amplitude	Média (D.P.)	Amplitude
Froh _{tot}	0,0832 (0,0246)	0,0228 - 0,1810	0,0922 (0,0272)	0,0300 - 0,1928
Froh _{1-2Mb}	0,0285 (0,0076)	0,0106 - 0,0559	0,0287 (0,0081)	0,0063 - 0,0655
Froh _{2-4Mb}	0,0299 (0,0118)	0,0025 - 0,0374	0,0341 (0,0118)	0,0062 - 0,0820
Froh _{4-8Mb}	0,0211 (0,0128)	0,0000 - 0,0843	0,0246 (0,0141)	0,0000 - 0,0797
Froh _{8-16Mb}	0,0035 (0,0063)	0,0000 - 0,0348	0,0044 (0,0077)	0,0000 - 0,0609
Froh _{>16Mb}	0,0002 (0,0018)	0,0000 - 0,0370	0,0004 (0,0030)	0,0000 - 0,0340

¹Frohtot: coeficiente de endogamia total; Froh_{1-2Mb}, Froh_{2-4Mb}, Froh_{4-8Mb}, Froh_{8-16Mb}, Froh_{>16Mb}: coeficiente de endogamia de comprimentos médios de 1 a 2Mb, 2 a 4Mb, 4 a 8Mb, 8 a 16Mb, e maiores que 16Mb, respectivamente; D.P.: desvio padrão.

Por classe, em ambas as populações, o Froh tendeu a diminuir ao passo que aumentava o tamanho de comprimento médio de ROH com exceção de Froh_{2-4Mb} onde foi observado um leve acréscimo de endogamia. O comprimento de Froh auxilia a inferir o número de gerações do evento de endogamia, ou seja, comprimentos mais longos de ROH refletem endogamia recente (Froh_{8-16Mb} e Froh_{>16Mb}), ao passo que segmentos pequenos indicam endogamia ocorrida em passado remoto (Froh_{1-2Mb}, Froh_{2-4Mb} e Froh_{4-8Mb}). Deste modo, podemos notar que nas populações estudadas eventos de endogamia recentes foram raros indicando que a variabilidade genética vem sendo explorada no melhoramento das populações, evitando o acasalamento entre indivíduos aparentados e utilizando grande número de famílias controlar o aumento da endogamia.

Conclusão

As estimativas de coeficiente de endogamia por meio de corridas de homozigose foram mais elevadas do que as estimativas obtidas a partir do pedigree, sugerindo que o segundo método tende a subestimar as estimativas. Além disso, foi possível caracterizar os eventos de endogamia das populações, sendo raros os eventos de endogamia recente.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES; código de financiamento 001) pelo suporte financeiro e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da FCAV/UNESP Jaboticabal.

Literatura citada

- Biscarini, F.; Cozzi, P.; Gaspa, G.; Marras, G. **Detect Runs of Homozygosity and Runs of Heterozygosity in Diploid Genomes**. CRAN. Disponível em: https://cran.r-project.org/web/checks/check_results_detectRUNS.html. Acesso em: 09 de agosto de 2021.
- Curik, I.; Ferenčaković, M.; Sölkner, J. 2014. Inbreeding and runs of homozygosity: a possible solution to an old problem. **Livestock Science**, 166, 26-34.
- Ferenčaković, M., I. Curik & J. Sölkner. Estimating autozygosity from high-throughput information: effects of SNP density and genotyping errors. 2013. **Genetics Selection Evolution**, 45, 1, 42.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T.; Lee, D. H. BLUPF90 and related programs (BGF90). 2002. **In Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production**, 28, 07.
- Oliveira, S.N.; Ribeiro, R.P.; Lopera, N.M.; Candioto, F.B.; Resende, E.K. De; Legat, A.P. 2011. Análise genética de três gerações de tilápia do Nilo (linhagem GIFT) utilizando o marcador RAPD. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, 33, 207-212.
- Ponzoni, R. W.; Khaw, H. L.; Nguyen, N. H.; Hamzah, A. 2010. Inbreeding and effective population size in the Malaysian nucleus of the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, 302, 42-48.



Associação entre características de crescimento em uma população melhorada de tilápia-do-Nilo

Gisele Ferreira da Silva^{1*}, Carolina Schlotfeldt², Ricardo Pereira Ribeiro³, Carlos Antonio Lopes de Oliveira³

¹Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brasil.

²Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brasil.

*Autor correspondente: gisele.zootecnia@gmail.com

Resumo: O primeiro programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo no Brasil surgiu na Universidade Estadual de Maringá em 2005, a partir da importação de material genético vindo do WorldFish Center, atualmente está avaliando a 12^a geração de seleção. O objetivo de seleção deste programa é o aumento da velocidade de crescimento, porém a medida da associação genética do crescimento com medidas de comprimento do corpo, podem acrescentar informações adicionais ao programa. Com isso, o objetivo deste estudo foi estimar associações genéticas entre peso e comprimento corporais de 2158 tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) distribuídas em quatro tanques-rede pertencentes a 11^a geração do programa de melhoramento genético de tilápias da Universidade Estadual de Maringá (Tilamax). Os valores de herdabilidades foram de 0,69, 0,64 e 0,61 para peso corporal, comprimento padrão e comprimento total, respectivamente. Correlações genéticas positivas e de alta magnitude foram encontradas entre as características peso corporal e comprimento padrão (0,96), peso corporal e comprimento total (0,96) e entre os comprimentos, padrão e total (0,99). Concluímos que qualquer umas das características avaliadas apresenta variabilidade genética para promover ganhos genéticos se utilizadas como critérios de seleção, bem como, a utilização do peso corporal promoverá respostas correlacionadas nas demais características.

Palavras-chave: comprimento, correlação genética, herdabilidade, melhoramento genético, peso.

Association between growth traits in an improved Nile tilapia population

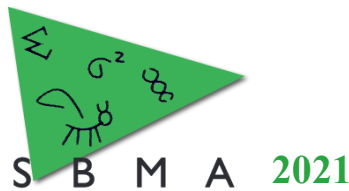
Abstract: The first Nile tilapia genetic improvement program in Brazil emerged at the State University of Maringá in 2005, from the importation of genetic material from the WorldFish Center, and is currently evaluating the 12th generation of selection. The purpose of selecting this program is to increase growth velocity, but measuring the genetic association of growth with measures of body length can add additional information to the program. Thus, the aim of this study was to estimate genetic associations between body weight and length of 2158 Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) distributed in four cages belonging to the 11th generation of the Tilapia genetic improvement program at the State University of Maringá (Tilamax). Heritability values were 0.69, 0.64 and 0.61 for body weight, standard length and total length, respectively. Positive and high magnitude genetic correlations were found between the characteristics body weight and standard length (0.96), body weight and total length (0.96) and between standard and total length (0.99). We conclude that any of the evaluated traits presents genetic variability to promote genetic gains if used as selection criteria, as well as the use of body weight will promote correlated responses in the other traits.

Keywords: genetic correlation, genetic improvement, heritability, length, weight.

Introdução

A piscicultura brasileira é um dos setores da aquicultura que mais cresce, alcançando uma produção de 529,6 mil toneladas de peixes em 2019. Sendo que, 61,1% da produção total é representado pela tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*), cerca de 323,7 mil toneladas. A região Sul do Brasil apresentou a maior produção, com cerca de 32,9% do total nacional, sendo que no estado do Paraná 95,2% da produção foi de tilápia (IBGE, 2019).

A linhagem GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*) de tilápia-do-Nilo, proveniente da Malásia, foi introduzida no estado do Paraná por pesquisadores da Universidade Estadual de Maringá



(UEM), resultando no início do primeiro programa de melhoramento genético de tilápias no Brasil, em março de 2005 (Oliveira et al., 2012).

Nesse programa, o objetivo da seleção é aumentar a taxa de crescimento, em outras palavras, o objetivo é obter animais com maior peso ao final do período de cultivo; para isso, o ganho em peso médio diário e o peso à despesca têm sido utilizados como critérios de seleção (Oliveira et al., 2012). Este programa cultiva e seleciona os animais em sistema de tanques-rede, estando da 12ª geração de seleção.

O objetivo deste estudo foi estimar associações genéticas entre as características peso corporal, crescimento padrão e crescimento total em uma população de tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*) pertencentes a 11ª geração do Programa de Melhoramento Genético de Tilápias da Universidade Estadual de Maringá (TILAMAX).

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 2.158 animais da espécie tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*), variedade TILAMAX, composto por 1.016 machos e 1.142 fêmeas de 75 famílias distintas distribuídos em quatro tanques-rede, na Unidade Demonstrativa de Produção em Tanques-rede no Rio do Corvo, no município de Diamante do Norte, PR, Brasil. Este grupo de animais pertenceu à 11ª geração de seleção em tanque-rede, todos devidamente identificados individualmente, através de PIT Tags® (Passive Integrated TransponderI), microchips que foram implantados na cavidade celomática.

Foram utilizados diferentes modelos estatísticos para analisar as características peso corporal (PC), comprimento padrão (CP) e comprimento total (CT). Os modelos de melhor ajuste foram definidos com base no critério de informação de Akaike (Akaike, 1974). As análises unicaracterística foram realizadas usando AIREMLF90 (Misztal et al., 2020). O modelo de melhor ajuste para as características foi o seguinte:

$$Y_{ijk} = \mu + TANQUE_i + SEXO_j + IDDL_k + a_{ijk} + e_{ijk}$$

Sendo Y_{ijk} = variável dependente (PC, CP e CT); μ = média geral associada à cada variável dependente; $TANQUE_i$ = efeito fixo de tanque; $SEXO_j$ = efeito fixo de sexo; $IDDL_k$ = efeito linear da covariável idade; a_{ijk} = efeito genético aditivo direto; e_{ijk} = resíduo aleatório associado a cada observação.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados através da abordagem Bayesiana, via algoritmo de Gibbs, pertencente aos métodos de Monte Carlo – Cadeias de Markov (MCMC), por meio dos programas computacionais GIBBS1F90 e POSTGIBBSF90 (Misztal et al., 2020). A convergência foi avaliada usando o pacote CODA em R (Plummer et al., 2006; R Development Core Team, 2019). As análises tri características usaram uma amostra de 1.000.000 ciclos, com 10% de burn-in e um intervalo de retirada de 20 ciclos.

Resultados e Discussão

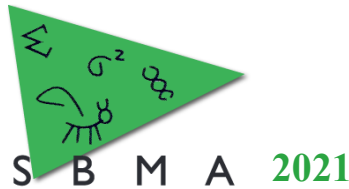
A Tabela 1 apresenta a estatística descritiva referente as características avaliadas, bem como a idade dos animais, considerando o período entre as datas de desova e despesca, sendo o período de cultivo, em média, de 180 dias (aproximadamente 6 meses).

Tabela 1. Estatística descritiva das características de crescimento de tilápias-do-Nilo melhoradas

¹ CARACTERÍSTICAS	² PARÂMETROS					
	N	Média	DP	Mínimo	Máximo	CV (%)
PC (g)	2158	457,58	145,34	80,0	980,0	31,76
CP (cm)	2157	22,69	2,23	13,5	29,0	9,81
CT (cm)	2153	27,82	2,69	17,3	35,0	9,67
IDADE (dias)	2158	306,10	10,17	290,0	323,0	3,32

¹PC: peso corporal; CP: comprimento padrão; CT: comprimento total; ²N: número de animais; DP: desvio padrão; CV: coeficiente de variação.

A Tabela 2 apresenta os parâmetros de herdabilidade e correlações fenotípicas e genéticas para as características PC, CP e CT. As herdabilidades para todas as características são consideradas de alta



magnitude, ou seja, é possível obter um alto ganho genético na seleção destas características. As fortes correlações genéticas entre as características de crescimento ($> 0,90$) indicam que a seleção para PC, como é realizado atualmente, pode levar a ganhos de comprimento.

Tabela 2. Herdabilidades (diagonal principal), correlações fenotípicas (acima da diagonal), correlações genéticas (abaixo da diagonal) e os erros padrão entre as características de crescimento de tilápias-do-Nilo melhoradas

¹ CARACTERÍSTICAS	PC	CP	CT
PC	0,69 ± 0,092	0,94 ± 0,005	0,92 ± 0,006
CP	0,96 ± 0,011	0,64 ± 0,089	0,96 ± 0,003
CT	0,96 ± 0,012	0,99 ± 0,002	0,61 ± 0,086

¹PC: peso corporal; CP: comprimento padrão; CT: comprimento total.

Oliveira et al. (2017), trabalhando com a quinta geração de tilápias melhoradas, relataram peso corporal médio de 472,73 g em animais com idade média de 337 dias; a herdabilidade relatada pelos autores para o peso foi de 0,67, valores estes semelhantes aos encontrados neste estudo. Araújo et al. (2020) encontraram valores médios de PC e CT de 653,6 kg e 0,32 cm, respectivamente, sendo as herdabilidades para estas características de 0,33 para PC e 0,32 para CT. Os autores trabalharam com animais melhorados de sexta, sétima e oitava gerações.

Conclusão

Concluimos que qualquer umas das características avaliadas, peso corporal, crescimento padrão e crescimento total, apresenta variabilidade genética para promover ganhos genéticos se utilizadas como critérios de seleção, assim como, a utilização apenas do peso corporal promoverá respostas correlacionadas nas demais características.

Literatura citada

Akaike, H. 1974. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, 19, 716–723.

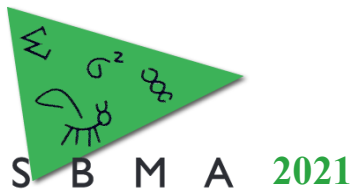
Araújo, F.C.T.; Oliveira, C.A.L.; Campos, E.C.; Yoshida, G.M.; Lewandowski, V.; Todesco, H.; Nguyen, N.H. & Ribeiro, R.P. 2020. Effects of genotype × environment interaction on the estimation of genetic parameters and gains in Nile tilapia. **Journal of Applied Genetics**, 61, 575-580.

Oliveira, C.A.L.; Ribeiro, R.P.; Streit Junior, D.P.; Povh, J.A.; Resende, E.K. 2012. Melhoramento genético de peixes uma realidade para a piscicultura brasileira. **Panorama da Aquicultura**, 22, 139, 38-47.

Oliveira, S.N.; Ribeiro, R.P.; Oliveira, C.A.L.; Alexandre Filho, L.; Oliveira, A.M.S.; Lopera-Barrero, N.M.; Santander, V.F.A. & Santana, R.A.C. 2017. Interactive effects of genotype x environment on the live weight of GIFT Nile tilapias. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, 89, 2931-2943.

Plummer, M.; Best, N.; Cowles, K. & Vines, K. 2006. CODA: convergence diagnosis and output analysis for MCMC. **R News**, 6, 1, 7–11.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. 2019. **Produção pecuária municipal**. Rio de Janeiro, 47, 1–8. Disponível em: https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/84/ppm_2019_v47_br_informativo.pdf. Acesso em: 10 de julho de 2021.



Análises de imagens digitais para mensuração de áreas corporais de tilápia do Nilo: estimativas de herdabilidade e correlações genéticas com peso e rendimento de filé

Alex Júnio da Silva Cardoso^{1*}, Carlos Antonio Lopes de Oliveira², Eric Costa Campos², Carolina Schlotefeldt², Karla Miky Tsujii², Fabyano Fonseca e Silva¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil.

*Autor correspondente: alex.j.cardoso@ufv.br

Resumo: Objetivou-se estimar herdabilidades para áreas corporais de tilápia do Nilo, mensuradas com auxílio da análise de imagens digitais, e suas correlações genéticas com o peso e rendimento de filé. Para isso, 1191 animais foram fotografados e as seguintes áreas corporais foram mensuradas: área da cabeça (AC), do tronco (AT), do filé (AF) e total (T), e as razões entre elas calculadas. Para todos os animais fotografados foram registrados o peso e rendimento do filé. Foram observadas herdabilidades de 0,35, 0,26, 0,25 e 0,27, para AC, AT, AF e T, respectivamente. Para as razões entre as áreas, observamos herdabilidades de 0,35, 0,30, 0,30, 0,29 e 0,32 para AF/T, AC/T, AT/T, AC/AT e AC/AF, respectivamente. Correlações genéticas altas e positivas (0,62 a 0,91) entre as áreas corporais e o peso do filé foram observadas. A razão AT/T foi ligeiramente correlacionada positivamente (0,52) com o rendimento de filé. Diante disso, concluímos que as áreas corporais e suas razões apresentam herdabilidades moderadas e podem resultar em respostas correlacionadas favoráveis no peso do filé, mas com restrita alteração no rendimento de filé em tilápia do Nilo.

Palavras-chave: *Oreochromis niloticus*, parâmetros genéticos, polígonos irregulares

Digital image analysis for measuring Nile tilapia body areas: heritability and genetic correlations estimates with weight and yield fillet

Abstract: We aimed to estimate heritability for Nile tilapia body areas, measured by digital image analysis, and their genetic correlations with weight and yield fillet. For this, 1,191 animals were photographed and body areas were measured, as head (HA), trunk (TA), fillet (FA) and total (T) areas, and the ratios between them were also calculated. For all animals photographed, the weight and yield fillet were recorded. We observed heritability of 0.35, 0.26, 0.25 and 0.27, for HA, TA, FA and T, respectively. For the ratios between areas, we observed heritability of 0.35, 0.30, 0.30, 0.29 and 0.32 for FA/T, HA/T, TA/T, HA/TA and AH/FA, respectively. High and positive genetic correlations (0.62 to 0.91) between body areas and fillet weight were observed. The TA/T ratio was slightly positively correlated (0.52) with fillet yield. Therefore, we conclude that body areas and their ratios have moderate heritability and may result in favorable correlated responses in fillet weight, but with small changes in fillet yield in Nile tilapia.

Keywords: genetic parameters, irregular polygons, *Oreochromis niloticus*

Introdução

A maioria dos programas de melhoramento genético de tilápia do Nilo utilizam características de crescimento, por exemplo o peso corporal, como principal critério de seleção. No entanto, o peso e rendimento de filé (razão peso do file / peso corporal) são características economicamente importantes para as espécies vendidas processadas. Devido ao alto custo e a dificuldade de mensuração dessas características, a seleção indireta por meio de medidas corporais correlacionadas geneticamente com o peso e rendimento de filé vêm sendo estudadas. Nesse contexto, as imagens digitais podem auxiliar na mensuração de novas características, como por exemplo áreas corporais, que podem estar correlacionadas geneticamente com o peso e rendimento de filé. Em estudo com tilápia do Nilo, observamos que as áreas corporais mensuradas com auxílio de imagens digitais apresentam herdabilidades moderadas e estão altamente correlacionadas com o peso corporal (Cardoso et al., 2021). No entanto, as correlações genéticas dessas áreas corporais com o peso e rendimento de filé não são conhecidas. Diante disso, objetivamos estimar as herdabilidades para

áreas corporais de tilápia do Nilo, mensuradas com auxílio da análise de imagens digitais, e suas correlações genéticas com o peso e rendimento de filé.

Material e Métodos

Foram utilizados animais da 11ª geração do programa de melhoramento genético de tilápia do Nilo (variedade TILAMAX) da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Paraná, Brasil. Todos os procedimentos de manejo e abate dos animais foram aprovados pela Comissão de Ética no Uso de Animais da UEM (protocolo nº 9452160720) e da Universidade Federal de Viçosa (protocolo nº 049/2020).

A população teste foi formada a partir do acasalamento de 48 machos e 74 fêmeas, durante o período de novembro a dezembro de 2019. No total, foram formadas 75 famílias de irmãos completos e meio irmãos. Até o momento da marcação (ou chipagem), todos os indivíduos de uma mesma família foram mantidos em hapas individuais suspensas em diferentes locais de um viveiro. Após a marcação, os peixes foram distribuídos em quatro tanques-rede de 6 m³ cada, densidade de estocagem de 75 kg/m³ e cultivados por 300 dias (período de abril/2020 a fevereiro/2021).

Após o período de cultivo, 1191 peixes foram pesados (PC) e fotografados com auxílio de uma câmera digital de alta resolução, posicionada a uma altura fixa de 65 cm e conectada a um computador. As imagens foram capturadas utilizando o software MATLAB (2018). As imagens foram analisadas e calibradas individualmente para conversão de pixels em centímetros. Nas imagens, 20 pontos de referência foram pré-estabelecidos e suas coordenadas (x e y no centro de cada pixel) obtidas com auxílio do software ImageJ (Figura 1A). As áreas da cabeça (AC), do tronco (AT), do filé (AF) e total (T) (Figura 1B) foram calculadas utilizando a fórmula da área de Gauss (*shoelace formula*), como descrito por Lee & Lim (2017). Além disso, foram calculadas as razões entre as áreas. Todos os animais fotografados foram abatidos e o peso do filé (PF) de ambos os lados sem a pele foi registrado para o cálculo do rendimento de filé: RF = (PF/PC) x 100.

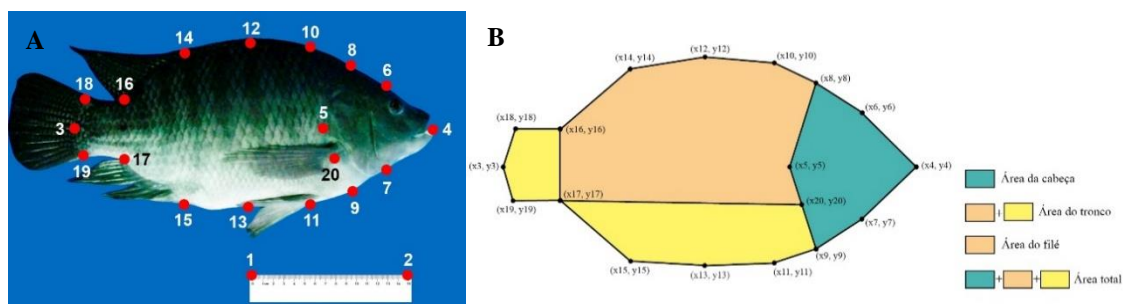
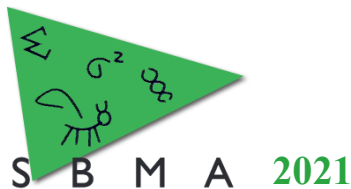


Figura 1. A) Representação dos 20 pontos morfológicos de referência pré-estabelecidos nas imagens; B) Representação das áreas mensuradas por análise de imagens digitais.

Análises preliminares foram realizadas para verificar a significância dos efeitos fixos e aleatórios utilizando o pacote nlme (Pinheiro et al., 2021) do software R (R Core Team, 2021). Foram executados dois modelos lineares mistos para cada característica, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita (REML), com os mesmos efeitos fixos (sexo, tanque rede e a covariável idade), porém, com diferentes efeitos aleatórios (efeito genético aditivo ou efeito genético aditivo + efeito ambiental comum de família). Os modelos foram comparados utilizando o *Akaike Information Criterion* (AIC) e pelo teste da razão de verossimilhança com p-valor associado. Para todas as características estudadas, o modelo que melhor se ajustou aos dados experimentais (menor AIC e $P < 0,05$) não incluía o efeito comum de família como aleatório. Após a definição do melhor modelo, as significâncias dos efeitos fixos foram avaliadas pelo teste F de Wald. As análises posteriores incluíram apenas os efeitos significativos.

As herdabilidades e as correlações genéticas foram estimadas utilizando um modelo animal de característica única e bicaracterístico, respectivamente. O software AIREMLF90 (Misztal et al., 2018) foi utilizado nas análises. Os dados genealógicos foram compostos por 25,388 animais nascidos entre 2008 e 2019, constituindo um total de 11 gerações.



Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidades observadas para as áreas corporais foram: 0,35, 0,26, 0,25 e 0,27, para AC, AT, AF e T, respectivamente. As herdabilidades encontradas estão consistentes com aquelas observadas em estudo anterior para áreas corporais de tilápia do Nilo mensuradas por análise de imagens digitais (Cardoso et al., 2021). Para as razões entre as áreas, observamos pela primeira vez as seguintes estimativas de herdabilidades: 0,35, 0,30, 0,30, 0,29 e 0,32 para AF/T, AC/T, AT/T, AC/AT e AC/AF, respectivamente, o que indica o potencial dessas novas características como critério de seleção para alterações direcionadas na forma corporal da tilápia do Nilo.

Correlações genéticas altas e positivas entre as áreas corporais e o peso do filé foram observadas (Tabela 1), indicando que a seleção para essas áreas corporais pode aumentar o peso do filé em tilápias. A razão AT/T foi ligeiramente correlacionada positivamente com o rendimento de filé (Tabela 1). Por outro lado, as razões entre a área da cabeça e outras áreas apresentaram correlações genéticas negativas com o rendimento de filé (Tabela 1).

Tabela 1. Correlações genéticas (\pm desvio padrão) entre o peso do filé e as áreas corporais e entre o rendimento de filé e as razões entre as áreas corporais de tilápia do Nilo.

	PF		RF
AC	0,62 \pm 0,12	AF/T	0,30 \pm 0,18
AT	0,91 \pm 0,04	AC/T	-0,51 \pm 0,16
AF	0,88 \pm 0,05	AT/T	0,52 \pm 0,15
T	0,87 \pm 0,05	AC/AT	-0,52 \pm 0,16
		AC/AF	-0,49 \pm 0,15

PF: peso do filé (g); RF: rendimento do filé (%); AC: área da cabeça (cm²); AT: área do tronco (cm²); AF: área do filé (cm²); T: área total (cm²).

Conclusões

As áreas corporais e suas razões apresentam herdabilidades moderadas e podem resultar em respostas correlacionadas favoráveis no peso do filé, mas com restrita alteração no rendimento de filé em tilápia do Nilo.

Agradecimentos

Agradecemos ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa concedida ao primeiro autor (processo n° 148102 / 2018-2) e ao grupo de pesquisa PeixeGen/UEM.

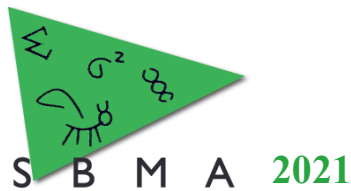
Literatura citada

Cardoso A.J.S., Oliveira C.A.L., Campos E.C., Ribeiro R.P., Assis G.J.F. & Silva F.F. 2021. Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Early View.

Lee Y. & Lim W. 2017. Shoelace Formula: Connecting the Area of a Polygon and the Vector Cross Product. **The Mathematics Teacher**, 110, 631-636.

Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A. & Vitezica, Z. 2018. **Manual for BLUPF90 family of programs**. University of Georgia. Disponível em: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf. Acesso em: 14 de agosto de 2021.

Pinheiro J., Bates D., DebRoy S. & Sarkar D. 2021. **nlme: Linear and Nonlinear Mixed Effects Models**. R package version 3.1-152. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=nlme>. Acesso em: 14 de agosto de 2021.



Associação genética entre peso corporal e rendimento de filé de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

Carolina Schlotefeldt^{1*}, Gisele Ferreira da Silva¹, Elisângela De Cesaro¹, Eric Costa Campos¹, Alex Junio da Silva Cardoso², Carlos Antonio Lopes de Oliveira³.

¹Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil.

*Autor correspondente: carolinaschlotefeldt@gmail.com

Resumo: O conhecimento da estrutura de associação genética entre características de interesse econômico é essencial em programas de melhoramento genético. Em tilápias as ações de melhoramento genético enfatizaram a velocidade de crescimento, contudo com a expansão da atividade, se faz necessário acrescentar características de carcaça como critérios de seleção, este trabalho teve como objetivo quantificar a associação genética entre o peso corporal e o rendimento de filé de tilápias do Nilo. Foram estimados os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) peso corporal e rendimento de filé de 1136 animais do Programa de melhoramento genético de tilápia do Nilo da Universidade Estadual de Maringá. Os valores de herdabilidades estimados foram 0,28 e 0,27 para peso corporal e rendimento de filé. A correlação genética entre as características avaliadas foi 0,30, apontando fraca associação genética da velocidade de crescimento (peso) e rendimento de filé. Ambas as características apresentaram herdabilidade de média magnitude indicando suficiente variação genética que suportam ganhos genéticos elevados por meio de seleção genética, porém a fraca associação genética apontou para respostas correlacionadas de pequena magnitude. Dessa forma, a utilização de índices de seleção pode ser uma alternativa para potencializar os ganhos genéticos em ambas as características.

Palavras-chave: melhoria genética, parâmetros de crescimento, qualidade de carne.

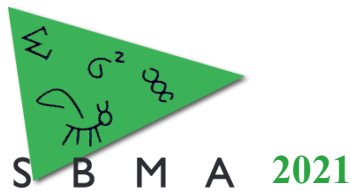
Genetic association between body weight and fillet yield of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) within a breeding program.

Abstract: The knowledge of the genetic association structure between traits of economic interest is essential in genetic improvement programs. In tilapia, the genetic improvement actions emphasized the speed of growth, however, with the expansion of the activity, it is necessary to add carcass characteristics as selection criteria. This work aimed to quantify the genetic association between body weight and fillet yield of Nile tilapia. The (co)variance components and genetic parameters (heritabilities and genetic correlations) of body weight and fillet yield of 1136 animals from the genetic improvement program of Nile tilapia of the State University of Maringa were estimated. The estimated heritabilities were 0.28 and 0.27 for body weight and fillet yield. The genetic correlation between the evaluated traits was 0.30, indicating a weak genetic association between growth speed (weight) and fillet yield. Both traits showed heritability of medium magnitude indicating sufficient genetic variation that support high genetic gains through genetic selection, but the weak genetic association pointed to correlated responses of small magnitude. Thus, the use of selection indexes may be an alternative to enhance genetic gains in both traits.

Keywords: genetic improvement, growth parameters, meat quality.

Introdução

A piscicultura brasileira teve crescimento de 5,93% no ano de 2020, com isso, a produção de peixes de cultivo totalizou 802.930 toneladas. A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) representou 60% da produção total de peixes de cultivo no Brasil (486,155 ton.) (Peixe BR,2021). A produção de tilápia tem



seu foco no atendimento das demandas do mercado consumidor e da indústria. A crescente demanda por carnes de qualidade e nutricionalmente mais completas, serve de estímulo para o desenvolvimento de linhagens geneticamente superiores, que poderão concentrando aspectos de velocidade de crescimento e rendimento de cortes comerciais.

Os resultados dos programas de melhoramento genético de tilápias têm demonstrado o efeito positivo do uso de animais melhorados no processo de produção, impactando o tempo de cultivo, às respostas às patógenos e à qualidade e rendimento de produtos (Schlotefeldt, et al., 2021; Marçal, 2017). O programa de melhoramento genético de tilápias da Universidade Estadual de Maringá, atua há mais de 15 anos na seleção genética para aumento da velocidade de crescimento, contudo poucos esforços têm sido investidos na avaliação genética de características de qualidade e rendimento de carça.

Desta forma, o objetivo deste trabalho foi estimar a associação genética entre o peso corporal e o rendimento de filé de tilápias do Nilo, dentro de um programa de melhoramento genético.

Material e Métodos

Foram utilizados 1136 animais de ambos os sexos, provenientes da 11ª geração do Programa de melhoramento genético de tilápia do Nilo da Universidade Estadual de Maringá, os animais foram cultivados em tanques rede de abril de 2020 a fevereiro de 2021. Todos os procedimentos de manejo até o abate foram autorizados pelo Comitê de Ética sob protocolo de nº3229190121. Os animais utilizados no experimento foram gerados a partir da seleção de animais para o acasalamento nos meses de novembro e dezembro de 2019 e assim formadas 75 novas famílias.

Após a eclosão dos ovos na incubadora, os animais foram destinados à hapas onde foram mantidos até atingirem 5 gramas, quando foram identificados individualmente (chipagem) por meio da inserção de microchip na cavidade celomática. Após a chipagem os animais foram distribuídos em tanques-rede de 6m³ sendo cultivados por 300 dias.

Ao final do período de cultivo, os animais foram abatidos. O procedimento de abate para coleta de informações envolveu as seguintes etapas, anestesia jejum alimentar por 24h, anestesia até completa perda dos sentidos (parada dos movimentos operculares), utilizando eugenol (184,26 mg/L) (Vidal et al., 2008), leitura e tabulação do número de identificação, insensibilização por termonarose (gelo e água [1:1]) e sangria; medição e tabulação do peso corporal, filetagem, medição e tabulação do peso dos filés. Os pesos corporal e dos filés de ambos os lados de cada peixe foram aferidos utilização balança digital de precisão com capacidade de 1 grama (g) até 5 kg. Para o cômputo do rendimento de filé (RF), utilizou-se a seguinte equação: $RF = (\text{peso do filé} / \text{peso corporal}) * 100$.

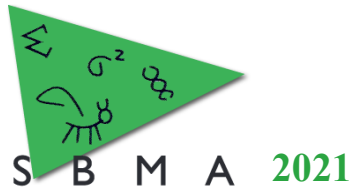
Foram testados vários modelos estatísticos para cada característica, utilizando o *Akaike Information Criterion (AIC)* como critério de melhor ajuste. Foram estimados os componentes de variância, efeitos aleatórios e fixos, para cada modelo, utilizando o sistema computacional AIREMLF90 (Misztal et al., 2016). Os modelos diferiram pela inclusão ou não do efeito aleatório de ambiente comum de família e dos efeitos fixos de sexo, tanque rede e da idade como covariável testando os coeficientes linear e quadrático, em todos os modelos o efeito genético aditivo direto foi considerado. Para a característica de peso corporal o modelo que mais se adequou foi o que considerou o efeito genético aditivo direto, sexo, tanque e o coeficiente linear da idade. Para rendimento de filé melhor ajuste foi observado no modelo que inclui apenas os efeitos genéticos aditivo direto e tanque-rede.

Para estimação das correlações genéticas e herdabilidades, utilizou-se um modelo bicaracter (peso corporal, rendimento de filé), considerando os modelos de melhor ajuste para cada característica. Foram utilizados os programas da família BLUPF90 (RENUMF90 e AIREMLF90) (Misztal et al., 2016), na estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.

Resultados e Discussão

Na tabela 1 podemos observar os componentes de variância genética aditiva e residual, bem como a herdabilidade, sendo esta considerada de média magnitude, indicando importante participação das diferenças genéticas herdáveis na variação observada, caracterizando que as ambas as características apresentam suficiente variação genética para suportarem ganhos genéticos elevados.

A correlação genética encontrada entre Peso e RF foi de 0,30, indicando fraca associação genética entre as características. Os valores estão semelhantes com aqueles apresentados por Garcia et al. (2017)



que encontraram valores de correlação genética de 0,32 e herdabilidade variando entre 0,23 a 0,32 para peso e rendimento de filé. Estes resultados apontaram que a seleção para velocidade de crescimento não apresentou resposta correlacionada para rendimento de filé. Sendo assim, para que haja aumento o rendimento de cortes comerciais em tilápias ações específicas de melhoramento devem ser implementadas.

Tabela 1. Componentes de variância e estimativas de herdabilidade das características para tilápia do Nilo.

¹ Característica	² Estimativas		
	σ_a^2	σ_e^2	h^2
Peso corporal (P)	16214	40979	0,28
Rendimento de filé (RF)	0,00015	0,00041	0,27

² σ_a^2 : componente de variância genética aditiva; σ_e^2 : componente de variância residual; h^2 : herdabilidade.

Conclusão

Há suficiente variação genética para obtenção de ganhos genéticos para rendimento de filé e velocidade de crescimento em tilápias do Nilo. Contudo não existem evidências de resposta correlacionada para rendimento de cortes comerciais ao selecionar-se para velocidade de crescimento.

Literatura citada

Garcia, André Luiz Seccatto; de Oliveira, Carlos Antonio Lopes; Karim, Hanner Mahmud; Sary, César; Todesco, Humberto; Ribeiro, Ricardo Pereira (2017). **Genetic parameters for growth performance, fillet traits, and fat percentage of male Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)**. Journal of Applied Genetics. doi:10.1007/s13353-017-0413-6

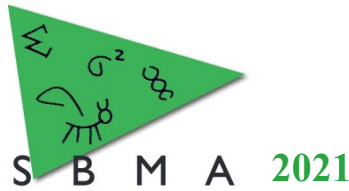
Marçal DCP (2017). **Duração do teste de desempenho para avaliação genética em tilápia (*Oreochromis sp.*)**. Departamento de Zootecnia Universidade Federal de Lavras (Dissertação), Lavras 48p.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A. & Vitezica, Z. 2016. **Manual for BLUPF90 family of programs**. University of Georgia.

PeixeBr. 2021. Anuário 2021 PeixeBr da piscicultura. São Paulo. Disponível em: <https://www.peixebr.com.br/anuario-2021/>. Acesso em: 12/08/2021.

Schlotfeldt, C; Bomfim, S. C; De Cesaro, E; Oliveira, G.G; Siemer, S; De Oliveira, C.A.L; Ribeiro, R.P. 202. **A importância do melhoramento genético de tilápia na produção de alimentos**. In: Nogueira, W.V (org.), Tópicos em ciências dos alimentos. Vol 2 (pp. 41-55), Nova Xavantina, Pantanal Editora.

Vidal, LVO; Albinati, RCB; Albinati, ACL; De Lira, AD; De Almeida, TR e Santos, GB. 2008. Eugenol como anestésico para a tilápia-do-Nilo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.8, p.1069-1074. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000800017>



Impacto do efeito de ambiente comum em características morfométricas de tambaqui (*Colossoma macropomum*) avaliadas aos 6 e 12 meses de idade

Kétuly da Silva Ataides^{1*}, Luciana Shiotsuki², Baltasar Fernandes Garcia¹, Delvan Alves Silva¹, Giovana Vargas¹, Roberto Carvalheiro^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas, TO, Brasil

³Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq, Brasília, DF, Brasil.

*Autor correspondente: ketulyataides@gmail.com

Resumo: Dados de dezoito famílias criadas na Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas-TO, foram utilizados com o objetivo de analisar o impacto do ambiente comum em características morfométricas do tambaqui. Os animais foram criados separados por família e em densidades variáveis até os 5 meses de idade, quando então foram identificados e passaram a ser criados coletivamente em 4 viveiros escavados. As medidas morfométricas consideradas foram comprimento padrão, altura e área da cabeça, sendo obtidas, em média, aos 6 e 12 meses de idade, constituindo-se nas biometrias 1 e 2, respectivamente. Os componentes de variância e parâmetros de interesse foram estimados usando o método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), com a aplicação de 3 diferentes modelos estatísticos. A estimativa da proporção da variância do efeito de ambiente comum em relação à variância fenotípica (c^2) para os diferentes modelos variou de 0,28 à 0,43 na biometria 1, e de 0,03 à 0,23 na biometria 2. Na biometria 1, houve indícios de confundimento entre os efeitos de ambiente comum e genético aditivo, resultando em herdabilidades subestimadas nos modelos que incluíram o efeito de ambiente comum. Na biometria 2, houve indícios de que o efeito de ambiente comum foi diluído. Com isso, concluiu-se que o efeito de ambiente comum pode ter impacto negativo na estimação da herdabilidade quando as diferenças ambientais não são controladas, mas que, por outro lado, esse efeito tende a reduzir com o avançar da idade do animal.

Palavras-chave: ambiente comum, herdabilidade, melhoramento genético, morfometria, tambaqui.

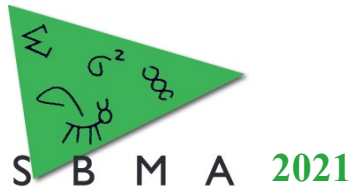
Impact of the common environment to morphometric traits of tambaqui (*Colossoma macropomum*) assessed at 6 and 12 months old

Abstract: The data of eighteen families raised at Embrapa located in Palmas-TO was used in order to analyze the effect of the common environment of morphometric traits of tambaqui. The animals were raised separately by family and in varying densities until they were 5 months old, when they were identified and started to be raised collectively in four earthen pond. The morphometric measurements considered were: standard length, height and head area, which were obtained on average at their 6 and 12 months of age, constituting the biometrics 1 and 2, respectively. The variance components and parameters of interest were estimated using restricted maximum likelihood (REML) by applying three different statistical models. The estimate of the proportion of the variance of the common environment effect in relation to the phenotypic variance (c^2) for the different models varied from 0.28 to 0.43 in the biometry 1 and from 0.03 to 0.23 in the biometry 2. In biometry 1, there was evidence of confounding between common environmental and additive genetic effects, resulting in underestimated heritability in the models that included the common environmental effect. In biometry 2, there were indications that the common environment effect was diluted. Therefore, it was concluded that the common environment effect can negatively impact the estimation of heritability when environmental differences are not controlled, but on the other hand this effect tends to reduce with advancing age of the animal.

Keywords: animal breeding, common environment, heritability, morphometry, tambaqui.

Introdução

O tambaqui é uma espécie com produção expressiva no Brasil e, assim como outras espécies nativas, ainda não possui programas de melhoramento genético bem estabelecidos. Tratando-se desses programas na piscicultura há a necessidade, em geral, de separação dos animais por família até que sejam identificados com chips possibilitando, dessa forma, o controle do pedigree (Dupont-Nivet et al., 2002). Devido à



separação das famílias, recomenda-se a inclusão do efeito de ambiente comum no modelo de avaliação genética dos animais para corrigir eventuais diferenças ambientais às quais as famílias foram submetidas previamente à chipagem. Como benefício, tal inclusão evita que a variação devido ao ambiente comum seja atribuída à variação genética. Por outro lado, pode haver um confundimento entre os efeitos ambientais e genéticos, o que tornaria a seleção menos eficaz (Eler, 2017). Assim, objetivou-se analisar a importância do efeito de ambiente comum em características morfométricas do tambaqui, aos 6 e 12 meses de idade, bem como avaliar a viabilidade de decompor e estimar simultaneamente as variâncias de ambiente comum e genética aditiva.

Material e Métodos

Considerou-se 18 famílias de irmãos completos nascidas entre 15 de janeiro e 15 de fevereiro de 2018 em diferentes estados brasileiros e que foram enviadas para criação na Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas-TO, no terceiro dia após a eclosão. Cada família foi mantida em viveiro individual até a média de 5 meses de idade, período em que ocorreu a marcação com microchips e, posteriormente, seguiram para criação comunitária em 4 viveiros escavados (1000 m²/viveiro). No período anterior à chipagem, as densidades de cada viveiro diferiam entre si, sendo esse fator uma fonte de variação ambiental. No período de criação comunitária havia representantes de todas as famílias em cada viveiro e um maior controle ambiental, inclusive o controle de densidade.

As medidas morfométricas consideradas foram comprimento padrão (CP), altura (ALT) e área da cabeça (ACA). Suas aferições ocorreram com 1 e 6 meses de criação coletiva, quando os animais tinham em média 6 e 12 meses de idade, respectivamente. Para estimar a herdabilidade (h^2) e o efeito de ambiente comum (c^2), expresso como proporção da variância fenotípica, foi utilizado o programa AIREMLF90 (Miszta et al., 2016), com a aplicação de 3 modelos estatísticos distintos. No modelo 1, incluiu-se como efeitos fixos o tanque coletivo (pós-chipagem) e as covariáveis idade à biometria e peso da chipagem para as análises da biometria 1 e peso da biometria 1 para as análises da biometria 2, além dos efeitos aleatórios de animal, ambiente comum (pré-chipagem) e resíduo. Nos modelos 2 e 3, considerou-se todos os efeitos indicados no modelo 1, com exceção da idade para o modelo 2 e da idade e ambiente comum para o modelo 3. Os modelos foram comparados por meio do critério de informação de Akaike (AIC).

Resultados e Discussão

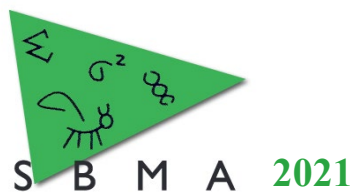
Para a biometria 1, não foi possível decompor os efeitos genético aditivo e de ambiente comum (Tabela 1). Quando os dois efeitos foram incluídos simultaneamente no modelo (modelos 1 e 2), o efeito comum absorveu a variabilidade genética resultando em estimativas de herdabilidade próximas a zero. Quando o efeito de ambiente comum não foi incluído no modelo (modelo 3), as estimativas de herdabilidade tenderam a ser superestimadas, indicando confundimento entre os efeitos genético aditivo e de ambiente comum. Estes resultados indicam a necessidade de criação coletiva dos animais desde a larvicultura para que as diferenças do efeito de ambiente comum entre famílias sejam eliminadas. Para isso, faz-se necessário utilizar marcadores moleculares para reconstituir a informação de pedigree (Dupont-Nivet et al., 2002).

Tabela 1. Estimativas da herdabilidade e de ambiente comum para as características de CP, ALT e ACA na biometria 1.

¹ Caract.	Modelo 1			Modelo 2			Modelo 3	
	AIC	h^2	c^2	AIC	h^2	c^2	AIC	h^2
CP	8.248,33	0,622E-04	0,38	8.243,35	0,64E-04	0,36	8.573,41	0,90
ALT	4.139,26	0,216E-03	0,43	4.133,74	0,21E-03	0,43	4.441,76	0,99
ACA	1.316,84	0,19E-04	0,28	1.316,48	0,19E-04	0,28	1.338,13	0,61

¹Caract: característica; CP: comprimento padrão; ALT: altura; ACA: área da cabeça; AIC: critério de informação de Akaike; h^2 : herdabilidade; c^2 : efeito de ambiente comum expresso como proporção da variância fenotípica.

Aos 12 meses de idade e 6 meses de criação coletiva (biometria 2), o efeito de ambiente comum variou de 0,03 a 0,23 (Tabela 2). Tal redução do efeito de ambiente comum com o aumento da idade de



peixes tambaqui também foi relatada por Campos et al. (2020). As estimativas de herdabilidade da biometria 2 apresentaram valores mais condizentes com os relatados na literatura para características morfométricas de peixes, indicando diluição da importância do efeito de ambiente comum observado na biometria 1.

Tabela 2. Estimativas da herdabilidade e de ambiente comum para as características de CP, ALT e ACA na biometria 2.

¹ Caract.	Modelo 1			Modelo 2			Modelo 3	
	AIC	h ²	c ²	AIC	h ²	c ²	AIC	h ²
CP	9.523,48	0,31	0,46E-01	9.517,80	0,31	0,39E-01	9.529,22	0,39
ALT	6.048,19	0,23	0,23	6.042,57	0,23	0,22	6.180,45	0,83
ACA	1.673,65	0,22	0,29E-01	1.673,45	0,15	0,64E-01	1.673,90	0,35

¹Caract: característica; CP: comprimento padrão; ALT: altura; ACA: área da cabeça; AIC: critério de informação de Akaike; h²: herdabilidade; c²: efeito de ambiente comum expresso como proporção da variância fenotípica.

Ainda considerando os resultados da biometria 2, é importante notar que para ALT, os efeitos de c² foram mais elevados (variando de 0,22 a 0,23), resultando em uma herdabilidade superestimada quando não houve sua inclusão (modelo 3). Com o c² representando uma porção menor da variância total, o modelo 3, exceto para a ALT, apresentou valores de h² condizentes com a literatura, ainda que de acordo com o AIC, o modelo 2 teve melhor ajuste para todas as características, assim como na biometria 1.

Conclusão

Os resultados indicam um grande impacto do ambiente comum em características morfométricas avaliadas aos 6 meses de idade, após somente 1 mês de criação coletiva, e o confundimento deste efeito com o componente genético aditivo, inviabilizando a decomposição dos dois efeitos. Aos 12 meses de idade, após 6 meses de criação coletiva, a proporção do ambiente comum reduziu ao ponto de seu efeito não impactar de forma negativa nas estimativas de herdabilidade.

Com tais resultados recomenda-se maior controle do ambiente comum de famílias, principalmente, quando o objetivo do programa é melhorar características morfométricas em juvenis. Recomenda-se ainda que o período de criação das famílias separadas seja o mais breve possível ou que se utilize de ferramentas que excluam o efeito de ambiente comum totalmente, como a técnica de marcadores moleculares para a reconstituição do pedigree.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES; código de financiamento 001) pelo suporte financeiro e à Embrapa Pesca e Aquicultura por ceder o banco de dados.

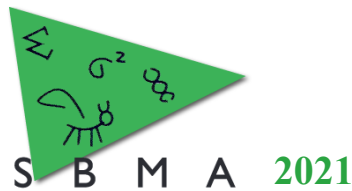
Literatura citada

Campos E.C., Oliveira C.A.L., Araujo F.C.T., Todesco H., Souza F. N., Rossi R.M., Fornari D.C. & Ribeiro R.P. 2020. Genetic parameters and response to selection for growth in tambaqui. *Animal*, 1777-1785.

Nivet-Dupont M., Vandeputte M. & Chevassus B. 2002. Optimization of factorial mating designs for inference on heritability in fish species. *Aquaculture*, 361-370.

Eler J.P. 2017. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: seleção**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo.

Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A. & Vitezica Z. 2016. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens, GA, USA: University of Georgia. Disponível em: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf. Acesso em: 06/08/2021.



**Development and validation of SNP panels for genomic selection of freshwater fish species
tambaqui *Colossoma macropomum* and pacu *Piaractus mesopotamicus***

Vito A. Mastrochirico-Filho¹, Raquel B. Ariede¹, Milena V. Freitas¹, Carolina H. S. Borges¹, Lieschen V. G. Lira¹, Natália J. Mendes¹, John F. G. Agudelo¹, Pablo Cáceres², Milthon H. M. Berroca³, Gustavo A. L. Sucerquia⁴, José M. Yáñez², Diogo T. Hashimoto^{1*}

¹Centro de Aquicultura da Unesp, Universidade Estadual “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

³Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria de la Selva, Tingo Maria, Perú

⁴Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colômbia

*Autor correspondente: diogo.hashimoto@unesp.br

Abstract: Scarce genomic resources have limited the development of breeding programs for serrasalmid fish species as tambaqui *Colossoma macropomum* and pacu *Piaractus mesopotamicus*, the most important Neotropical aquaculture species from South America. The aim of this study was to develop two SNP panels (ThermoFisher) for these fish species and to validate their performance on farmed populations from several fish farms of South America. Using multiple approaches based on different populations of pacu and tambaqui, a final list of 21,963 and 21,072 genome-wide SNPs was respectively validated to print a multi-species SNP panel (Axiom Affymetrix SerraSNP array), which will facilitate genomic selection studies for both species. Posteriorly, 1100 SNPs were extracted from this dense SNP panel to compound a low-density AgriSeq SNP panel directed to genomic predictions of pacu. Most of these SNPs obtained a high call rate and attained a deep coverage in relation to the DNA samples provided for the validation. Our results indicated well performing SNP panels with the samples provided and corroborated their application for genomic selection of farmed species. The developed SNP panels represent valuable genomic tools approaching in-depth genetic studies for these species.

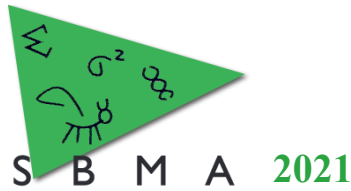
Palavras-chave: Aquaculture, Neotropical fish species, Cost-effective genotypes, SNP array.

Introduction

While practically all Neotropical fish production is still carried out based on unselected stocks, large-scale genetic studies performed on global aquaculture species have highlighted major possibilities to improve their production by genomic selection. Despite the potential of the genomic selection to increase genetic gain in aquaculture, its implementation is hindered owing to high genotyping costs and the large number of individuals to genotype. Strategies based on the development of SNP panels may be a cost-effective way of genotyping for application of selective breeding in developing countries. Tambaqui (*Colossoma macropomum*) and pacu (*Piaractus mesopotamicus*) are key freshwater fish species produced in South America with scarce genomic information. Genomic information on populations from fish farms generally depends on expensive large datasets of genotypes for the development of selective breeding, which can be expensive. The aim of this study was to develop two SNP panels for both species and to validate their performance on farmed populations. The developed SNP panels represent a valuable genomic tool to exploit genomic selection and high-density imputed genotypes, to facilitate the reduction in the cost of genotyping.

Material and Methods

Initially, the development of the multi-species SNP panel (Axiom Affymetrix SerraSNP array) consisted of 130,403 and 81,848 putative SNP markers for pacu and tambaqui, respectively, and provided to ThermoFisher as 71-mer nucleotide sequences, with both alleles at the target SNP highlighted at position 36. Posteriorly, 15,404 resulting SNPs of pacu was extracted from this dense SNP panel to construct a low-density SNP panel (AgriSeq SNP panel) directed to this species. For this, SNP flanking sequences were aligned against a draft pacu genome to design larger 400 bp flanking sequences, at the target SNP highlighted at position 201. After filtering processes and linkage disequilibrium analyses, 1100 SNPs were preferentially selected and submitted to ThermoFisher Scientific. For validation processes, genomic DNA



samples were sent to ThermoFisher Scientific for genotyping using both SNP panels. The results were used to validate the performance of the panels and to quantify the number of segregating SNPs in the samples.

Results and Discussion

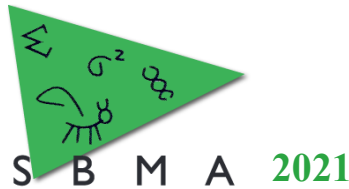
A total of 155 genomic DNA samples (96 pacu and 59 tambaqui individuals) were used to validate the multi-species SNP panel. After validation, 21,963 and 21,072 SNPs were classified as polymorphic variants in pacu and tambaqui, respectively. Most of the SNPs segregated within each population ranging from 14,199 to 19,856 in pacu; and from 15,075 to 20,380 in tambaqui. In relation to SNPs annotation, 14,033 and 13,046 SNPs were located into transcribed regions in pacu and tambaqui, respectively. Correlation analysis between previously mapped SNPs included on the multi-species SNP panel and the corresponding linkage map for tambaqui and pacu revealed high and positive values for the relative amount and density, suggesting a wide coverage of these markers in the genome. Filtering processes based on the AgriSeq Targeted GBS criteria was applied to select 1091 SNPs to print the low-density SNP panel for pacu. All quality metrics indicated a well performing panel with the 96 samples provided for the validation. The 96 samples reached a mean call rate of 94.0%. Only three samples obtained less than 20X coverage and were removed from the analyses, increasing the sample call rate to 96.7%. According to the marker quality metrics, marker call rate for the AgriSeq SNP panel was 94.0% for 1091 markers. Only 13 markers had a call rate below 30.0%. The mean coverage of the markers was 670X. Only 11 markers had coverage below 20X. Our results indicated high levels of genetic diversity using both panels, and clustered samples according to their hatchery origin. The SNP panels will facilitate the study of important economic and ecological/evolutionary traits for both species, including applications such as genomic selection, QTL mapping, phylogenetic analyses and enhanced conservation genetic programs.

Conclusion

The developed SNP panels represent valuable genomic tools approaching in-depth studies for both species and will boost the native fish production from South American countries.

Acknowledgements

This work was supported by São Paulo Research Foundation (FAPESP grant 2020/11049-4, 2016/21011-9, 2016/18294-9, 2017/26900-9, 2017/19717-3, 2018/08416-5, 2019/10662-7 and 2019/08972-8) providing fellowships for VAMF and funds for the sequencing service; Comisión Nacional de Investigación Científica y Tecnológica (International Call FAPESP-CONICYT) providing funds for the experiment costs (18/08416-5); National Council for Scientific and Technological Development (CNPq grant 311559/2018-2, 422670/2018-9 and 140740/2016-3) providing a PhD scholarship and financing for the study design; and Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES - Finance Code 001 and CAPES/PRINT) providing funds for project costs.



Parâmetros genéticos para microsensibilidade ambiental do peso à despesca em tilápia do Nilo

Eric Costa Campos^{1*}, Ricardo Pereira Ribeiro², Alex Júnio da Silva Cardoso³, Carolina Schlotefeldt¹, Laís Santana Celestino Mantovani¹, Karla Miky Tsujii¹, Diogo Osmar Silva⁴, Carlos Antonio Lopes de Oliveira²

¹Departamento de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

⁴Departamento de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Rondonópolis, Rondonópolis, Mato Grosso, Brasil.

*Autor correspondente: eric.peixegen@gmail.com

Resumo: Com o presente estudo, objetivamos estimar os parâmetros genéticos para a microsensibilidade ambiental do peso à despesca de tilápia do Nilo cultivadas em tanques rede no Brasil. Para isso, foram utilizadas 10207 informações de peso. Observamos coeficiente de variação genética para variação residual de 0,22. Correlação genética moderada e negativa (-0,43) entre o peso à despesca e a sua microsensibilidade ambiental. Diante disso, concluímos que a microsensibilidade ambiental apresenta coeficiente de variação genética para variação residual moderada e não afeta negativamente a seleção para crescimento.

Palavras-chave: *Oreochromis niloticus*, parâmetros genéticos, uniformidade

Genetic parameters for microenvironmental sensitivity of harvest weight in Nile tilapia

Abstract: With the present study, we aim to estimate the genetic parameters for the microenvironmental sensitivity of the harvest weight of Nile tilapia cultivated in cages in Brazil. For this, 10207 weight information were used. We observed a coefficient of genetic variation for residual variation of 0.22. Moderate and negative genetic correlation (-0.43) between harvest weight and its microenvironmental sensitivity. Therefore, we conclude that microenvironmental sensitivity presents a coefficient of genetic variation for moderate residual variation and does not negatively affect selection for growth.

Keywords: genetic parameters, *Oreochromis niloticus*, uniformity

Introdução

A microsensibilidade ambiental refere-se à capacidade de um indivíduo em ser adaptado aos fatores ambientais não controláveis, conseqüentemente, tornado a produção mais uniforme e robusta. Segundo Janhunen *et al.*, (2012), a microsensibilidade ambiental de um genótipo pode ser quantificada pela quantidade de variação residual em uma característica expressa pela prole do genótipo dentro de um macroambiente que a prole compartilha. Na genética quantitativa, a variância residual pode ser melhor estimada usando um modelo animal, que divide um fenótipo de um indivíduo em seus componentes genéticos aditivos e residuais, sendo o último, a parte inexplicada pela genética e efeitos fixos, como sexo, idade e condição de cultivo.

Na piscicultura, o aumento residual e, portanto, a variação fenotípica é desvantajosa, porque a despadroneização prejudica a eficiência da produção em toda a cadeia produtiva, dos produtores aos consumidores finais. Além disso, a grande variação de tamanho nos grupos de cultivo promove a formação de hierarquias de dominância comportamental que reduzem o bem-estar animal e elevam a mortalidade (Janhunen *et al.*, 2012). Portanto, há um interesse em investigar se a microsensibilidade ambiental tem controle genético e influência na característica principal no melhoramento genético de tilápia do Nilo.

Material e Métodos

Os dados utilizados foram obtidos do Programa de Melhoramento Genético de tilápia do Nilo (Tilamax-UEM), no qual, foi desenvolvido especificamente para estimar os efeitos genéticos para taxa de crescimento no sistema de cultivo em tanques rede (Oliveira *et al.*, 2016). Foram utilizados na avaliação genética para microsensibilidade ambientais informações de peso à despesca referentes a cinco anos de avaliação genética, compreendendo o período de 2014 a 2019. Os dados foram submetidos a consistência,



sendo eliminados as famílias de irmãos completos que continham menos que 10 indivíduos mensurados. A análise genética para a microsensibilidade ambiental do peso à despesca consistiu nas informações de 10207 indivíduos com registros fenotípicos, com idade média de 284 dias. Foram acrescidos 10969 indivíduos na matriz de parentesco, totalizando 21174 indivíduos.

As estimativas de componentes de (co)variância foram realizadas em duas etapas, no qual, a primeira etapa consiste estimar por um modelo animal as soluções para os efeitos fixos e aleatórios de cada característica. Para a segunda etapa, foi aplicado a transformação log no resíduo estimado ao quadrado ($\ln(\varepsilon^2)$) obtido na primeira etapa. Os componentes de (co)variância da característica da microsensibilidade ambiental do peso à despesca foram estimados em análises bicaracter, de acordo com o seguinte modelo (Eq. 1):

$$\begin{pmatrix} \mathbf{y} \\ \ln(\varepsilon^2) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{X} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_{res} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \boldsymbol{\beta} \\ \boldsymbol{\beta}_{res} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \mathbf{Z} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_{res} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \boldsymbol{\alpha} \\ \boldsymbol{\alpha}_{res} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \mathbf{W} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{W}_{res} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \mathbf{c} \\ \mathbf{c}_{res} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \boldsymbol{\varepsilon} \\ \boldsymbol{\varepsilon}_{res} \end{pmatrix} \quad (1)$$

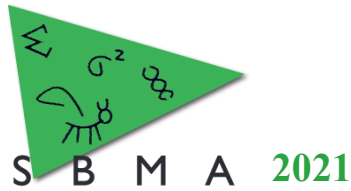
onde, \mathbf{y} é o peso à despesca e $\ln(\varepsilon^2)$ é o valor residual quadrado transformado em log do peso à despesca; $\mathbf{X}, \mathbf{Z}, \mathbf{W}, \mathbf{X}_{res}, \mathbf{Z}_{res}$ e \mathbf{W}_{res} correspondem às matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios para \mathbf{y} e $\ln(\varepsilon^2)$, respectivamente; $\boldsymbol{\beta}$ e $\boldsymbol{\beta}_{res}$ são os vetores dos efeitos fixos para \mathbf{y} e $\ln(\varepsilon^2)$; $\boldsymbol{\alpha}$ e $\boldsymbol{\alpha}_{res}$ são os vetores do efeito aditivo do animal para \mathbf{y} e $\ln(\varepsilon^2)$, assumindo-se que $\boldsymbol{\alpha} \sim N(0, \mathbf{G}\sigma_a^2)$, em que \mathbf{G} é a matriz de parentesco e σ_a^2 corresponde a variância genética aditiva; \mathbf{c} e \mathbf{c}_{res} são os vetores de efeito do ambiente comum aleatório relacionado as famílias de irmãos completos para \mathbf{y} e $\ln(\varepsilon^2)$; assumindo $\mathbf{c} \sim N(0, \mathbf{C}\sigma_c^2)$, em que \mathbf{C} é a matriz do efeito de ambiente comum e σ_c^2 corresponde a variância de ambiente comum; $\boldsymbol{\varepsilon}$ e $\boldsymbol{\varepsilon}_{res}$ são os vetores de efeito residual para \mathbf{y} e $\ln(\varepsilon^2)$, assumindo-se que $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, onde \mathbf{I} é uma matriz identidade e σ_e^2 é a variância dos efeito residual. A covariância residual foi definida como zero, pois, presume-se que os resíduos sigam uma distribuição normal bivariada e não correlacionados (Janhunen et al., 2012).

Foi realizada análise de inferência bayesiana para as estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos, utilizando o software GIBBS2F90 (Misztal et al., 2016). A convergência foi avaliada usando o pacote CODA na linguagem de programação R (Plummer et al., 2006; R Development Core Team, 2011). Para análises bicaracter, foram gerados 3.000.000 de valores em um processo MCMC (Markov Chain Monte Carlo), considerando um período de descarte amostral de 50% em valores iniciais, deste modo, a amostra final, tomada em saltos de 50, conteve 30.000 valores gerados.

Resultados e Discussão

A estimativa de herdabilidade da microsensibilidade ambiental foi considerada de baixa magnitude ($h_v^2 = 0,005$), entretanto, é maior que seu erro (0,002). O coeficiente de variação genética para variação residual na microsensibilidade ambiental do peso à despesca, foi significativo e de moderada magnitude ($GCV_e = 0,22$). A correlação genética do peso à despesca e a sua microsensibilidade ambiental foi significativa e favorável ($r_g = -0,43$), portanto, moderadamente associada.

A baixa herdabilidade identificada na microsensibilidade ambiental pode estar em contraste com a herdabilidade do fenótipo principal (peso à despesca), devido as próprias características desse tipo de análise, no qual, um modelo estimado adequadamente, dificultaria identificar alta variação genética em seu resíduo. A baixa estimativa de herdabilidade observada aqui não indica necessariamente que a microsensibilidade ambiental do peso à despesca não responderia a seleção (Janhunen et al., 2012). A herdabilidade, a razão da variância genética aditiva para a variância fenotípica, é um preditor do potencial genético para as respostas de seleção, embora, neste contexto, o coeficiente de variação genética forneça uma medida mais razoável de evolucionabilidade para esse tipo de análise genética, portanto, demonstrando em nosso estudo, que a microsensibilidade ambiental está parcialmente sob controle genético.



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

A correlação genética identificada, mesmo que moderadamente favorável, é de suma importância, pois, a seleção realizada nesse programa de melhoramento no Brasil, não afeta de forma negativa a sua microsensibilidade ambiental. O melhoramento genético do desempenho não torna a tilápia do Nilo mais sensível as variações do ambiente de cultivo, portanto, não afetado a uniformidade da produção.

Conclusão

A microsensibilidade ambiental para o peso à despesca apresenta coeficiente de variação genética para variação residual moderada, evidenciando que a característica está sob controle genético. Por fim, podemos concluir que a seleção para microsensibilidade ambiental não afeta de forma negativa o desempenho de tilápia do Nilo cultivadas em tanques rede.

Agradecimentos

Agradecemos ao Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela bolsa do Programa de Excelência Acadêmica concedida ao primeiro autor e ao grupo de pesquisa PeixeGen da Universidade Estadual de Maringá, pelo suporte concedido para a pesquisa.

Literatura citada

Janhunen, M., Kause, A., Vehviläinen, H., & Järvisalo, O. Genetics of microenvironmental sensitivity of body weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) selected for improved growth. **PLoS one**, v. 7, n. 6, p. e38766, 2012.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A. & Vitezica, Z. 2016. **Manual for BLUPF90 family of programs**. University of Georgia.

Plummer, M., Best, N., Cowles, K., & Vines, K. CODA: convergence diagnosis and output analysis for MCMC. **R news**, v. 6, n. 1, p. 7-11, 2006.

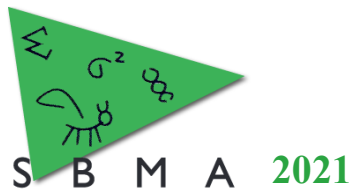
R Development Core Team R 2011. R: A Language and Environment for Statistical Computing.

Oliveira, C. A. L., Ribeiro, R. P., Yoshida, G. M., Kunita, N. M., Rizzato, G. S., de Oliveira, S. N., ... & Nguyen, N. H. Correlated changes in body shape after five generations of selection to improve growth rate in a breeding program for Nile tilapia *Oreochromis niloticus* in Brazil. **Journal of Applied Genetics**, v. 57, n. 4, p. 487-493, 2016.

Outros

**Equinos, coelhos, abelhas,
animais silvestres, etc.)**





Variabilidade do gene *PRDM9* em bubalinos

Luca Godoi Santana Rocha^{1*}, Jackeline Santos Alves¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: luca.godoi@ufba.br

Resumo: A diversidade genética é algo de extrema importância no melhoramento genético, pois não é possível fazer seleção sem variabilidade. Nesse contexto, o gene *PRDM9* se destaca pois tem como função promover eventos de recombinação cromossômica e, portanto, promove a diversidade genética. Cada alelo do gene atua no evento de *crossing-over* em uma região específica, logo, quanto mais alelos circulantes na população, mais diversos são os lugares de recombinação e maior a variabilidade. Para o presente estudo, coletaram-se pelos (bulbo capilar) de trinta bubalinos de três raças (Murrah = 10; Jafarabadi = 10 e Mediterrâneo = 10), dos quais extraiu-se DNA genômico total. Os alelos do gene *PRDM9* foram amplificados pela técnica de PCR com pares de *primers* específicos para as regiões de domínio de zinco. A visualização dos alelos ocorreu através do gel de agarose visto que os diferentes alelos possuem tamanhos distintos. As imagens com o padrão de bandas do *PRDM9* foram utilizadas para a caracterização dos alelos e genótipos presentes na população estudada. Identificaram-se os três alelos do *PRDM9* descritos em bubalinos e as frequências genóticas variaram entre as raças. Dos seis possíveis genótipos, foram identificados quatro nas raças Murrah e Mediterrâneo e cinco na raça Jafarabadi. O acasalamento de reprodutores de diferentes genótipos para o *PRDM9* pode aumentar as taxas de recombinação e a variabilidade das populações de bubalinos no Brasil que possuem tendência à endogamia.

Palavras-chave: marcadores moleculares, SNP, variabilidade genética.

PRDM9 gene variability in buffaloes

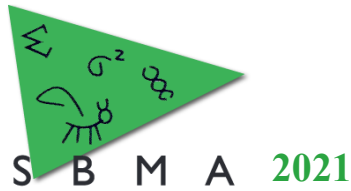
Abstract: Genetic diversity is extremely important in genetic improvement, as it is not possible to carry out selection without variability. In this context, the *PRDM9* gene stands out because its function is to promote chromosomal recombination events and, therefore, it promotes genetic diversity. Each allele of the gene acts in the event of crossing-over in a specific region, therefore, the more alleles circulating in the population, the more diverse the recombination sites and the greater the variability. For the present study, hair (capillary bulb) of thirty buffaloes of three races (Murrah = 10; Jafarabadi = 10 and Mediterranean = 10) were collected, from which total genomic DNA was extracted. The alleles of the *PRDM9* gene were amplified by the PCR technique with specific primer pairs for the zinc domain regions. The visualization of alleles occurred through the agarose gel as the different alleles has different sizes. The images with the *PRDM9* band pattern were used to characterize the alleles and genotypes present in the studied population. The three *PRDM9* alleles described in buffaloes were identified and the genotypic frequencies varied between breeds. Of the six possible genotypes, four were identified in the Murrah and Mediterranean breeds and five in the Jafarabadi breed. The mating of sires of different genotypes for *PRDM9* can increase the recombination rates and the variability of buffalo populations in Brazil that have a tendency to inbreeding.

Keywords: molecular marker, SNP, genetic variability.

Introdução

As populações de búfalos no Brasil apresentam tendência a endogamia e possuem pequeno número de fundadores. O pequeno número populacional é uma característica preocupante no que concerne a variabilidade das raças bubalinas criadas no país (Ferraz et al., 2015 e Santos et al., 2020).

A recombinação meiótica promove a diversidade no genoma, além de gerar novas combinações entre alelos de genes diferentes (Marques et al., 2013). O *PRDM9* é o único gene descoberto até o presente



momento que atua no processo de *crossing-over* e, conseqüentemente, na diversidade genética. O gene é o responsável por especificar a localização de pontos de acesso de recombinação durante a meiose (Ahlawat et al., 2016). A estrutura desse gene é caracterizada pelo domínio de zinco que está codificado dentro de um único éxon e, desta forma, cada domínio se liga a uma sequência de trinucleotídeos, influenciando os processos de recombinação e, conseqüentemente, aumentando a variabilidade genética de uma determinada população (Ahlawat et al., 2016). A diversidade de alelos/genótipos para esse gene numa população promove vários tipos de recombinação, isso ajuda a trazer variabilidade para rebanhos endogâmicos (Capilla et al., 2014). O uso de reprodutores com diferentes genótipos para o *PRDM9* pode ser uma ferramenta alternativa para evitar prejuízos devido à perda de variabilidade genética.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a variabilidade alélica do gene *PRDM9* e identificar os genótipos presentes em populações de bubalinos das raças Murrah, Jafarabadi e Mediterrâneo. O intuito é observar a distribuição genotípica em amostra populacional para verificar a possibilidade do uso de marcadores desse gene em estratégias visando a promoção da variabilidade genética.

Material e Métodos

Para o presente estudo, foi coletado material biológico (bulbo capilar) de bubalinos, um total de 30 animais de três diferentes raças encontradas no Brasil: Murrah (n=10), Jafarabadi (n=10) e Mediterrâneo (n=10). A extração de DNA a partir de amostras do bulbo capilar foi executada de acordo com o protocolo do fabricante do Kit de Extração de DNA *NucleoSpin® Tissue*. Após a extração, a técnica de eletroforese foi aplicada a fim de avaliar a qualidade do DNA, sendo utilizado o gel de agarose a 0,8% (m/v). As estimativas espectrométricas quantificaram o DNA extraído através do equipamento *Nanodrop (Thermo Scientific)*.

Para a amplificação da sequência do DNA correspondente a região do gene *PRDM9* de interesse em bubalinos, foram utilizados os iniciadores (F: ACCTAGATGATTAGTGGGGCG e R: GCTGCAGTAATTCTCCTGTGAC) descritos por Ahlawat et al. (2017). As reações de PCR foram feitas com um volume total de 25 µL, contendo: 50-110 ng de DNA genômico, 0,8 µmol de cada primer, 9 µL de Taq Mix Promega e 12,4 µL água deionizada. A reação de PCR foi submetida ao termociclador *Veriti 96 Well Thermal Cycler (Applied Biosystems)*, utilizando as seguintes condições: um passo de desnaturação inicial a 95 °C durante 4 min seguido por 34 ciclos de 95 °C durante 45s, hibridação a 58 °C durante 45s, extensão a 72 °C durante 45 segundos e uma extensão final de 8 min a 72 °C.

Os produtos da amplificação foram verificados em gel de agarose a 2,0% (m/v), através da técnica de eletroforese e visualizados através de sistemas de foto-documentação com incidência de luz ultravioleta. As bandas obtidas foram utilizadas para identificar os alelos e genótipos, sendo considerados os alelos descritos por Ahlawat et al., (2017). Esses dados de genotipagem foram utilizados para a construção de uma matriz de dissimilaridade.

Resultados e Discussão

O padrão de migração da região amplificada do gene *PRDM9* nas raças bubalinas permitiu verificar a variabilidade entre as raças. Para um total de 30 amostras coletadas, sendo 10 de cada raça, identificou-se para a raça Murrah seis indivíduos homozigotos (BB e DD) e quatro heterozigotos (BC e BD). A raça Jafarabadi destacou sete indivíduos homozigotos (BB, CC e DD) e três heterozigotos (BC e CD). A raça Mediterrâneo apresentou quatro indivíduos homozigotos (CC) e seis indivíduos heterozigotos (BC, CD e BD).

A distribuição dos genótipos *PRDM9* é caracterizada por quatro a cinco genótipos dentro de cada raça. Reprodutores com diferentes genótipos podem ser acasalados com o intuito de promover maior taxa de recombinação e variabilidade nas populações. Para a raça Mediterrâneo, esses são os primeiros resultados da literatura científica. Para a raça Murrah, os resultados de distribuição genotípica são

semelhantes aos reportados por Ahlawat et al. (2017) na Índia e, para a raça Jafarabadi, os resultados são melhores que os apresentados por Ahlawat et al. (2017).



Figura 1. Foto-documentação e caracterização genotípica dos indivíduos das raças Murrah (A), Jafarabadi (B) e Mediterrâneo (C).

Conclusão

Observou-se diversidade genotípica do *PRDM9* nas raças Murrah, Jafarabadi e Mediterrâneo. Isso permite utilizar diferentes genótipos em acasalamentos com o intuito de promover maior taxa de recombinação e variabilidade nas populações. Pode-se subsidiar futuras estratégias para conservação e manutenção da diversidade genética das raças.

Literatura citada

Ahlawat, S., Sharma, P., Sharma, R., Arora, R., Verma, N., Brahma, B., Mishra, P. and De, S., 2016. Evidence of positive selection and concerted evolution in the rapidly evolving PRDM9 zinc finger domain in goats and sheep. **Animal Genetics**, p. 740–751.

Ahlawat, S., De, S., Sharma, P., Sharma, R., Arora, R., Kataria, R., Datta, T. and Singh, R., 2017. Evolutionary dynamics of meiotic recombination hotspots regulator PRDM9 in bovinds. **Molecular Genetics and Genomics**, 292 (1), p. 117-131.

Capilla, L., Medarde, N., Alemany-Schmidt, A., Oliver-Bonet, M., Ventura, J. and RuizHerrera, A., 2014. Genetic recombination variation in wild Robertsonian mice: on the role of chromosomal fusions and PRDM9 allelic background. **Royal Society**.

Ferraz, P.C., Malhado, C.H.M., Ramos, A.A., Carneiro, P.L.S., Carrollo, J.A. and Malhado, A.C.M., 2015. Population structure and genetic variability of a closed jafarabadi buffalo herd from Brazil. **Buffalo Bulletin**, 34 (2).

Marques, J., Martínez, A., Costa, M., Albuquerque, M., Quiroz, J., Vega-Pla, J. and Delgado, J., 2011. Diversidade genética de búfalos brasileiros (*Bubalus Bubalis*) utilizando microssatélites de DNA. **Archivos de Zootecnia**, 60 (232), p.1213-1221.

Santos, J.C.G., Silveira, K.R., Seno, L.O., Aspilcueta-Borquis, R.R., Neto, F.R.A. and Tonhati, H. 2020. Analysis of the population structure of buffaloes in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**.



Regiões genômicas associadas à posição e ao número de redemoinhos na cabeça em equinos Quarto de Milha

Diogo Felipe Pereira de Assis Lima^{1*}, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Guilherme Luís Pereira², Rogério Abdallah Curi², Raphael Bermal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Botucatu-SP, Brasil

*Autor correspondente: diogofelipevet@gmail.com

Resumo: A posição e o número de redemoinhos na cabeça já foram associados ao comportamento, ao temperamento e à lateralidade de equinos. A facilidade de observação dessas marcas epidérmicas auxilia na previsão da reatividade, permitindo assim o desenvolvimento de melhores formas de manejo, treinamento, monta e condução dos cavalos. Todavia, pouco se sabe sobre a genética envolvida na formação dos redemoinhos. Assim, o objetivo do estudo foi realizar uma análise de associação genômica ampla para identificar as regiões cromossômicas e genes candidatos associados a características de redemoinho. Informações de 340 equinos da raça Quarto de Milha, genotipados para cerca de 55 mil SNPs, foram utilizados em um estudo de associação, usando procedimento de etapa única. As características analisadas foram: a posição vertical do redemoinho na cabeça e o número de redemoinhos na cabeça. As características apresentaram três janelas genômicas que explicaram mais de 4% da variância aditiva e conjuntamente representam de 40% a 60% da variância aditiva de cada característica analisada. Muitos dos genes prospectados estão relacionados ao crescimento do folículo piloso. Alguns desses genes possuem efeito pleiotrópico para características neurológicas e comportamentais. Trata-se da primeira indicação de atividade biológica e fisiológica que apontam para uma explicação da observação do redemoinho como indicativo de temperamento.

Palavras-chave: comportamento, folículo piloso, Quarto de Milha, SNP, temperamento.

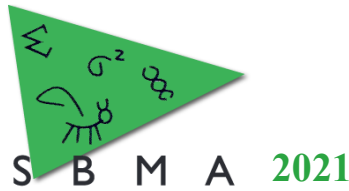
Genomic regions associated with position and number of swirls in the head in Quarter Horses

Abstract: The position and number of whorls in the head have been associated to the behavior, temperament and laterality of horses. The facility of observing these epidermal marks helps in predicting reactivity, thus allowing the development of better ways of handling, training, mounting and driving horses. However, little is known about the genetics involved in the formation of whorls. Thus, the aim of the study was to perform a genome wide association analysis to identify chromosome regions and candidate genes associated with whorl traits. Information from 340 Quarter Horses, genotyped for 55,000 SNPs, were used in an association study using a single-step procedure. The traits analyzed were the vertical position of the whorl in the head and the number of whorls in the head. The traits had three genomic windows that explained more than 4% of the additive variance and together represent from 40% to 60% of the additive variance of each analyzed trait. Many of the prospectated genes are related to hair follicle growth. Some of these genes have a pleiotropic effect on neurological and behavioral traits. It is the first indication of biological and physiological activity that points to an explanation of the observation of the whorls as indicative of temperament.

Keywords: behavior, hair follicle, Quarter Horse, SNP, temperament.

Introdução

A raça de equinos Quarto de Milha possui grande visibilidade e expressão econômica, principalmente devido à sua versatilidade em diferentes modalidades equestres, subdividindo-se em



diferentes populações de acordo com as competências resultantes dos objetivos de seleção distintos. A população de corrida explora a habilidade de corrida dos animais em distâncias curtas, enquanto a população de trabalho é usada em testes funcionais, explorando habilidades como agilidade, temperamento, obediência e cow sense (ABQM, 2021).

As características de redemoinho em equinos apresentam alta herdabilidade (Gorecka et al., 2006). Todavia, desconhece-se a arquitetura genética das características de redemoinho, bem como os mecanismos biológicos que os associam ao comportamento animal. Assim, o objetivo do estudo é realizar a primeira associação genômica ampla para posição vertical de redemoinhos na cabeça e número de redemoinhos na cabeça em animais domésticos, usando equinos como modelo de estudo, a fim se estabelecer as primeiras elucidações e entendimentos genético-biológicos.

Material e Métodos

Para as características avaliadas foram utilizados os animais pertencentes às linhagens de corrida ($n = 340$), sendo 265 fêmeas e 75 machos no fenótipo de número de redemoinhos; para o fenótipo de posição foram utilizados 325 animais das linhagens de corrida, ambos os sexos, sendo 252 fêmeas e 73 machos, nascidos entre 1985 e 2012. Parte dos animais ($n = 120$) foram genotipados com o Illumina Equine SNP50 BeadChip (54K) (Illumina Inc., EUA) e parte ($n = 284$) com o Illumina Equine SNP70 BeadChip (65K) (Illumina Inc., EUA). O controle de qualidade da genotipagem dos indivíduos e dos SNPs e a imputação dos genótipos foram descritos por Pereira et al. (2017). Após o controle de qualidade e a imputação, 55.196 SNPs permaneceram para a análise de associação ampla do genoma.

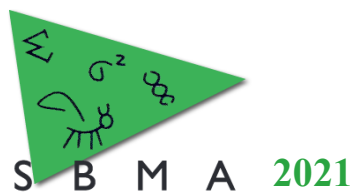
Foram estudadas as características posição (POSC) e número (NUMC) de redemoinhos na cabeça. Para a característica POSC foi adotado um sistema baseado nas classificações para bovino de Grandin et al. (1995). Os equinos foram classificados em três grupos com base na posição do redemoinho: acima da linha superior do olho (1); entre a linha dos olhos superior e inferior (2); abaixo da linha inferior dos olhos (3). Para a característica NUMC foram contados os redemoinhos dispostos na cabeça do animal, considerando cabeça até a posição de inserção das orelhas.

As análises preliminares de consistência dos dados e estatística descritiva foram realizadas pelo pacote R (<https://www.r-project.org>). Para posição do redemoinho na cabeça os fenótipos foram agrupados da seguinte maneira: (1) acima da linha superior dos olhos com 161 animais; (2) entre a linha superior e a linha inferior dos olhos com 144 animais e (3) abaixo da linha inferior dos olhos com 18 animais. Na característica de número de redemoinhos foi realizada a contagem nas resenhas, obtendo seus valores numéricos: com um redemoinho (306 animais), com dois (32 animais) e com três (2 animais) no total de 340 animais observados. Os efeitos fixos de sexo e pelagem foram testados no modelo e não foram significativos ($P > 0.5$).

Resultados e Discussão

Os resultados aqui apresentados do estudo de associação genômica ampla para posição e número de redemoinhos na cabeça são os primeiros a serem apresentados na literatura para animais domésticos, tendo equinos como modelo de estudo.

Para a característica de posição na cabeça (POSC) foram encontradas três janelas que explicaram mais que 4% da variância aditiva, representando 51,31% (ECA17/45,252,386–49,471,423), 4,56% (ECA2/104,112,526–108,667,352) e 4,41% (ECA5/7,191,873–11,827,369) em ordem decrescente e com a posição inicial e final em bp. A soma das variâncias explicadas por essas janelas totaliza 60,28% da



variância aditiva total, assemelhando-se a uma característica qualitativa pela grande influência de poucas regiões genômicas sobre a característica.

A característica número de redemoinhos na cabeça (NUMC) também apresentou três janelas que explicaram mais que 4% da variância genética aditiva: 26,80% (ECA15/4,370,083–58,251,385), 6,46% (ECA19/49,710,771–53,302,322) e 4,25% (ECA23/17,020,869– 20,697,071). As janelas juntas explicam 37,51% da variância genética total da característica, seguindo padrão semelhante da anterior. Os genes foram prospectados, de acordo com sua localização no genoma e arranjados como na Tabela 1.

Tabela 1 - Análise dos genes prospectados de acordo com a sua localização no cromossomo, seu nome e abreviatura.

Característica	Cromossomo	Gene (Sigla e nome)
POSC	ECA 17 (51.31)	<i>KLF5</i>
	ECA 2 (4.56)	<i>IL2</i>
NUMC	ECA 1 (26.80)	<i>STIR1</i>
	ECA 19 (6.46)	<i>CD47</i> <i>CD200</i>
	ECA 23 (4.25)	<i>ALDH1A1</i>

Genes candidatos encontrados nas principais janelas associadas à posição e ao número de redemoinho na cabeça de equinos possuem efeito na formação e crescimento do folículo piloso, podendo estar associados à formação do redemoinho. Além disso, trata-se de um início de uma observação/validação dos mecanismos genéticos que subsidiam a observação fenotípica pois o número de redemoinho na cabeça também já foi associado ao comportamento em equinos (GORECKA et al., 2007).

Conclusão

Regiões genômicas associadas às características de redemoinhos em equinos foram identificadas na presente pesquisa. Nessas regiões, muitos genes cuja ação metabólica está relacionada ao crescimento do folículo piloso foram prospectados e apontados como candidatos a influenciar tais características. Curiosamente, alguns desses genes possuem também conhecida função neurológica e comportamental. O possível efeito pleiotrópico desses genes são o primeiro indicativo de validação e elucidação genético-biológica da associação existente entre redemoinhos e temperamento em animais.

Literatura citada

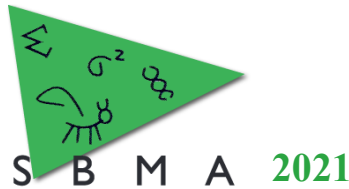
ABQM – Associação Brasileira de Criadores de Cavalos Quarto de Milha. **Quarto de Milha: O cavalo da família brasileira**. Cartilha ABQM, 2016. Disponível em: <http://www.abqm.com.br/documentos/institucional/abqm_cartilha.pdf>. Acesso em: 27 de junho de 2021.

Górecka, A., Słoniewski, K., Golonka, M., Jaworski, Z., Jezierski, T. Heritability of hair whorl position on the forehead in Konik horses. **J. Anim. Breed. Genet.** 123, 396-398, 2006.

Pereira, G.L., Chud, T.C.S., Bernardes, P.A., Venturini, G.C., Chardulo, L.A.L., Curi, R.A. Genotype imputation and accuracy evaluation in racing quarter horses genotyped using different commercial SNP panels. **J. Equine Vet.Sci.** 2017.

Grandin, T., Deesing, M.J., Struthers, J.J., Swinker, A.M. Cattle with hair whorl patterns above the eyes are more behaviorally agitated during restraint. **Appl. Anim. Behav. Sci.** 46, 117–123, 1995.

Górecka A, Golonka M, Chruszczewski M, Jezierski T. A note on behaviour and heart rate in horses differing in facial hair whorl. **Appl Anim Behav Sci.** 2007.



Análises de variabilidade da linhagem materna de equinos marchadores

Beatriz Bastos Senes^{1*}, Jackeline Santos Alves¹, Marisa Silva Bastos¹, Louise Sarmiento Martins de Oliveira¹, Ingrid Pereira Pinto Oliveira¹, Silel Vinícius Simões Andrade Maciel¹, Ivana Louise Santos Silva¹, Luís Fernando Batista Pinto¹, Raphael Bermal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: bee_senes@hotmail.com

Resumo: Esse estudo tem como objetivo caracterizar a variação genética em raças de equinos marchadores a partir de sequências da região de controle do DNA mitocondrial (D-loop). Foram analisadas 52 sequências D-loop representando 6 raças de equinos, sendo cinco raças naturalizadas brasileiras e uma raça estrangeira. Os resultados revelaram que as raças equinas são próximas quanto a linhagem materna, mas apresentam moderada estruturação e compreendem diferentes grupos. Um total de 16 haplótipos foram identificados. A maioria dos haplótipos de mtDNA eram compartilhados por muitas raças. Assim, ações específicas devem ser planejadas para cada raça. Os diferentes níveis de diversidade genética forneceram informações importantes para o manejo de recursos de conservação de grupos adaptados, bem como para a orientação de acasalamento de associações de raças.

Palavras-chave: D-loop, distância genética, SNP, variabilidade genética, mtDNA.

Variability analysis of the maternal lineage of saddle walker horses

Abstract: This study aims to characterize the genetic variation across saddle horse breeds based on sequences from the mitochondrial DNA control region (D-loop). A total of 52 D-loop sequences representing six horse 6 breeds, including five naturalized Brazilian breeds and one foreign breed were analyzed. The results revealed that the horse breeds are close for maternal lineage, but present moderate structure and comprise different groups. A total of 16 haplotypes were identified. Most mtDNA haplotypes were shared by many breeds. Thus, specific actions must be planned for each breed. The different levels of genetic diversity provided important information for the management of conservation resources of adapted groups, as well as for the mating orientation of breeder's associations.

Keywords: d-loop, equids, genetic variability, genetic distance, mtDNA.

Introdução

A seleção artificial e natural deu origem a diversas raças com suas especificidades, funções e adaptação. Acredita-se que existam mais de 540 grupos genéticos entre raças e ecótipos equinos no mundo (Cintra, 2018) e alguns estão em grande declínio. Portanto, é importante definir estratégias para a conservação de grupos adaptados com características específicas (de Camargo, 2018). O objetivo foi fornecer informação para auxiliar nas estratégias de conservação, manejo e produção e identificar as origens históricas da formação das raças de cavalos, gerando sequências de DNA públicas para estudos futuros.

Material e Métodos

A coleta do material biológico foi aprovada pelo Comitê de Ética no Uso de Animais da Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal da Bahia (Parecer nº 08/2019 CEUA). Foram coletados folicúlos capilares de 52 cavalos, incluindo cinco raças de equinos do Brasil, (10 Mangalarga, 10 Mangalarga Marchador, 10 Campolina, 10 Piquira, 10 Campeiro), e uma raça de cavalo estrangeira criada no Brasil (2 Paso Peruano). O DNA mitocondrial foi extraído de amostras de bulbos capilares coletadas da cauda, usando o kit de extração de DNA de tecido NucleoSpin® (Macherey-Nagel). Foram escolhidos indivíduos que não possuíam a mesma ancestralidade materna. Os primers (*eqGeMa-F*: ATCATTTCCAGTCAACACGC e *eqGeMa-R*: TTTTGGGGTTTGGCAAGATT) foram desenhados com base na sequência NC_001640.1 e foram usados para amplificar sequências parciais da região de controle do DNA mitocondrial (D-loop). O mix da reação de PCR continha 9 a 15 ng de DNA, 0,5 µl de cada

iniciador (10 mM) e 6,6 µl de mistura Taq (dNTP, tampão, MgCl₂ e Taq polimerase). Para a amplificação, uma etapa de desnaturação inicial foi realizada a 94°C por 5 min, seguida por 35 ciclos a 94°C por 1 min, anelamento a 54 °C por 1 min, 72°C por 1 min e um ciclo de extensão final a 72°C por 5 min. Os produtos de PCR foram purificados com polietilenoglicol 20% e sequenciados usando o kit de sequenciamento BigDye v3.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA) em um sequenciador de DNA ABI 3130 (Applied Biosystems) de acordo com as instruções do fabricante.

As sequências obtidas foram editadas com BioEdit v.7.0.9.0 e alinhadas usando o algoritmo de alinhamento ClustalW Multiple implementado em BioEdit. O software MEGA v.7.0.14 foi utilizado para estimar matrizes de distâncias para análise de divergências intra e interespecíficas. Diversidade de haplótipos (Hd), diversidade de nucleotídeos (π) e o número de sítios polimórficos (S) foram calculados com DnaSP v.5.10.01

A análise de variância molecular (AMOVA) foi realizada para avaliar a diferenciação genética entre pares de populações (F_{ST}) e o número médio de diferenças pareadas dentro e entre as populações usando o software Arlequin v.3.5.2.2.

Resultados e Discussão

Um total de 16 haplótipos foram identificados a partir de um fragmento de 536 pares de bases com 31 sítios polimórficos. O índice de diversidade de haplótipos (Hd) (Tabela 1) foi baixo para a raça Paso Peruano (0,0000) e alto para a raça Mangalarga Marchador (0,9556). Os menores valores de diversidade de nucleotídeos (π) foram observadas para Paso Peruano (0,000) e Piquira (0,3778), enquanto os maiores foram para Mangalarga Marchador (0,01966) e Campolina (0,01476).

Tabela 1. Variação genética de fragmento do gene *D-loop* (mtDNA) de seis raças de equinos analisadas.

Grupos	N	H	Hd ± s.d.	S	π ± s.d.	F _{ST}
Campeiro	10	5	0,8222 ± 0,097	18	0,01019 ± 0,00313	0,16878*
Campolina	10	5	0,7556 ± 0,130	20	0,01476 ± 0,00273	0,13042*
Mangalarga	10	6	0,7778 ± 0,137	13	0,00993 ± 0,00169	0,17746*
Mangalarga Marchador	10	8	0,9556 ± 0,059	31	0,01966 ± 0,00159	0,08806*
Paso Peruano	2	1	0,0000 ± 0,000	0	0,0000 ± 0,0000	0,25485*
Piquira	10	3	0,3778 ± 0,181	20	0,00901 ± 0,00432	0,18146*

N: número de animais; H: número de haplótipos; Hd: diversidade de haplótipos; S: número de sítios variáveis; π : diversidade de nucleotídeos; sd: desvio padrão; F_{ST}: índice de fixação; *p < 0,05.

O F_{ST} das raças de equinos marchadores (Tabela 1) variou de 0,08806 a 0,25485, sendo todos significativos (p < 0,05), o que indica um nível moderado de estruturação e diferenciação entre as raças. O fato dos valores de F_{ST} serem significativos para todas as raças analisadas, mostra que estas estão estruturadas e diferem umas das outras, indicando que os grupos genéticos são diferentes. Esses resultados destacam a importância da participação de grupos locais em programas de conservação para a manutenção do fluxo gênico intrapopulacional para que as características adaptativas não sejam perdidas. Os achados também indicam que, embora as raças naturalizadas do Brasil tenham se formado a partir de outras raças, elas são estruturadas e diferentes umas das outras. Assim, o papel das associações de raças é manter as especificidades e qualificações de cada raça, garantindo e direcionando a seleção e o acasalamento de acordo com objetivos claros e bem definidos. Outros estudos utilizaram mtDNA em equinos, com o F_{ST} significativo nas comparações de grupos (dois a dois), (Bigi et al., 2014) sendo a região informativa para esse tipo de análise.

Tabela 2. Estimativa da distância genética interespecífica de fragmento do gene *D-loop* (mtDNA) das raças equinas analisadas.

Raça	Campeiro	Campolina	Mangalarga	Mangalarga Marchador	Paso Peruano	Piquira
------	----------	-----------	------------	----------------------	--------------	---------

Campeiro	-	-	-	-	-	-
Campolina	0,013 ± 0,003	-	-	-	-	-
Mangalarga	0,012 ± 0,003	0,014 ± 0,003	-	-	-	-
Mangalarga	0,018 ±	0,019 ±	0,017 ±	-	-	-
Marchador	0,004	0,004	0,003	-	-	-
Paso	0,006 ±	0,010 ±	0,010 ±	0,019 ±	-	-
Peruano	0,002	0,003	0,003	0,004	-	-
Piquira	0,021 ± 0,005	0,018 ± 0,004	0,021 ± 0,005	0,018 ± 0,004	0,023 ± 0,006	-

A estimativa da distância genética foi realizada entre as seis raças equinas (Tabela 2), apresentando o menor valor entre Campeiro e Paso Peruano ($0,006 \pm 0,002$) e maior valor entre Paso Peruano e Piquira ($0,023 \pm 0,006$). A análise genética das raças equinas revelou que a distância genética materna é pequena. Essa proximidade genética pode ser observada fenotipicamente, pela maior dificuldade na diferenciação de raças dessa espécie, quando comparadas a outras. Provavelmente, isso se dê como resultado de um processo histórico, em que as fêmeas não foram selecionadas de maneira intensa durante a formação das raças.

Tabela 3. Estimativa da distância genética intra-raça de fragmento do gene D-loop (mtDNA) de seis raças equinas analisados.

Raça	Distância	Desvio padrão
Paso Peruano	0,0	0,0
Piquira	0,0092	0,0022
Mangalarga	0,0097	0,0028
Campeiro	0,0104	0,0027
Campolina	0,0151	0,0035
Mangalarga Marchador	0,0201	0,0039

A menor diversidade genética de raças de cavalo (Tabela 3), baseado na matriz de distância intra-raça, foi observada no Paso Peruano (0,0), enquanto as maiores variações intra-raças foram encontradas no Mangalarga Marchador (0,0201). Esse valor mais elevado pode estar relacionado ao grande tamanho da população no Brasil, havendo uma maior variabilidade genética dentro da raça.

Conclusão

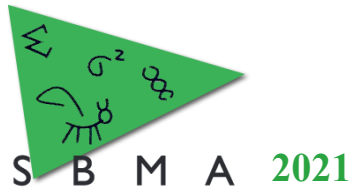
Os diferentes níveis de diversidade genética forneceram informações importantes para o manejo de recursos de conservação de grupos adaptados, bem como para a orientação de acasalamento de associações de raças. Com isso, ações específicas podem ser planejadas para cada raça.

Literatura citada

Bigi D., Perrotta G., Zambonelli P. 2014. Genetic analysis of seven Italian horse breeds based on mitochondrial DNA D-loop variation. **Animal Genetics**. 45, 593–595.

Cintra A.D.C. 2018. O cavalo: características, manejo e alimentação. **Roca**, São Paulo.

de Camargo G.M.F. 2018. The role of molecular genetics in livestock production. **Animal Production Science**, 59, 201-206.



Associação Genômica Ampla (GWAS) de característica morfométrica em equinos da raça Campolina: altura na cernelha

Lisia Castro Krebs^{1*}, Marina Monteiro de Moraes Santos¹, Brennda Paula Gonçalves Araujo¹, Maria Claudia Siqueira¹, Fabiany Costa Feitosa¹, Leonardo Gonçalves Gomes¹, Iara Del Pilar Solar Diaz², Gregório Miguel Ferreira de Camargo², Raphael Bernal Costa², Chiara Albano de Araújo Oliveira², Marina Mortati Dias Barbero¹, Erica Beatriz Schultz¹, Fernanda Nascimento de Godoi¹

¹ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, Brasil.

² Universidade Federal da Bahia, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: lisiacastrokrebs@gmail.com

Resumo: A característica morfométrica de altura na cernelha está associada à altura para registro dos equinos e também pode ser critério de seleção para a qualidade do andamento, já que está diretamente relacionado ao equilíbrio do animal. Objetivou-se realizar o estudo de associação genômica ampla (GWAS) para a altura na cernelha de equinos da raça Campolina. Foram utilizados 48 equinos da raça Campolina da Fazenda Oratório/RJ. A extração do DNA foi realizada com bulbo capilar utilizando o kit Nucleospin Tissue e a genotipagem com o chip Illumina®Equine. Para estimar parâmetros genéticos e para realizar o GWAS foram usados 18.876 dados dos equinos dessa raça. Os efeitos dos SNPs foram estimados pelo método “single step” ponderado, utilizando o R®. Para a identificação das regiões cromossômicas foram utilizados a variância explicada pelas janelas de 100 SNPs adjacentes. Observou-se que 46% da variação da altura na cernelha foi explicada por 40 SNPs. O gene *LOC102148584* que, provavelmente possa estar em desequilíbrio de ligação com o SNP, foi responsável por explicar 8,2% desta variação. Os genes *THRB*, *ZCWPW2*, *RBMS3*, *LOC111768385* e *SUCLG2* foram responsáveis por 12% dessa variação. Esses genes são responsáveis por mecanismos fisiológicos que promovem o tamanho médio do equino da raça Campolina, de 1,56m. Conclui-se que os genes candidatos para a característica morfométrica altura na cernelha para os equinos da raça Campolina são *LOC102148584*, *THRB*, *ZCWPW2*, *RBMS3*, *LOC111768385* e *SUCLG2*.

Palavras-chave: cavalo, conformação, melhoramento genético, morfometria, seleção, tamanho.

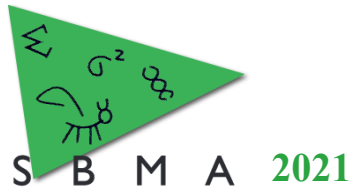
Genomic Wide Association (GWAS) of morphometric characteristic in Campolina breed horses: withers height

Abstract: The morphometric characteristic of withers height is associated with the height for recording the horses and can also be a selection criterion for the quality of the gait, as it is directly related to the balance of the animal. The aim of this study was to realize a genomic wide association study (GWAS) for withers height measure of Campolina horses. Forty-eight Campolina horses from Fazenda Oratório/RJ were used. DNA extraction was performed with a hair bulb using the Nucleospin Tissue kit and genotyping with the Illumina®Equine chip. To estimate genetic parameters and to perform the GWAS, 18,876 data from horses of this breed were used. The effects of the SNPs were estimated by the weighted “single step” method, using the R®. To identify the chromosomal regions, the variance explained by the windows of 100 adjacent SNPs was used. It was observed that 46% of the withers height variation was explained by 40 SNPs. The *LOC102148584* gene, which probably may be in linkage disequilibrium with the SNP, was responsible for explaining 8.2% of this variation. The *THRB*, *ZCWPW2*, *RBMS3*, *LOC111768385* and *SUCLG2* genes were responsible for 12% of the variation in the trait. These genes are responsible for physiological mechanisms that promote the average size of the Campolina horse, which is 1.56m. It is concluded that the candidate genes for the morphometric trait withers height for Campolina horses are *LOC102148584*, *THRB*, *ZCWPW2*, *RBMS3*, *LOC111768385* and *SUCLG2*.

Keywords: conformation, equine, genetic improvement, morphometry, selection, size.

Introdução

A preocupação com tamanho do cavalo da raça Campolina está presente desde a criação da raça em 1870, quando possuíam como principais características porte alto, robustez, resistência e andar cômodo.



Com a criação da Associação Brasileira dos Criadores do Cavalinho Campolina (ABCCCampolina) começou-se a padronizar os equinos, visando maior qualidade do andamento. As características morfométricas são ferramentas com maior facilidade de mensuração e que podem ser utilizadas como critério de seleção da qualidade dos andamentos dos equinos da raça Campolina. Para serem registrados na Associação É preconizado que fêmeas possuam altura na cernelha mínima de 1,45m e os machos de 1,54m (ABCCCampolina, 2018).

O avanço das biotecnologias moleculares, proporcionou estudar as associações de genes que seriam responsáveis por alterações fenotípicas, e então associar estes genes a características de importância econômica. O Estudo de Associação Genômica Ampla (GWAS) é uma ferramenta para identificar Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs) que ocorrem em regiões dos cromossomos associados a genes que proporcionam as alterações nos fenótipos e, a partir destes conhecimentos, torna-se possível a aplicação da seleção genômica.

Atualmente existem poucos estudos relacionados aos genes associados as características morfométricas para equinos, este estudo tem como objetivo realizar o GWAS para a característica de altura na cernelha de equinos da raça Campolina.

Material e Métodos

Foram utilizados 48 equinos, de ambos os sexos, da raça Campolina, com idade acima de 36 meses, originados da Fazenda Oratório (Macaé/RJ), para extração de DNA de amostras do bulbo capilar utilizando o kit Nucleospin Tissue (50). Posteriormente, foi realizada a genotipagem utilizando o chip GGP Equine Illumina-24 Kit. O controle de qualidade de genotipagem (QC) foi realizado através do programa PREGS segundo Misztal et al. (2009).

Para realização do GWAS da característica de altura na cernelha, estimar os parâmetros genéticos e realização de estatística descritiva, foram utilizados banco de dados com o total de 18.876 observações, disponibilizados pela ABCCCampolina. No GWAS os efeitos dos SNPs foram estimados pelo método “single step” ponderado (ssGWAS) proposto por Wang et al. (2014) pelos programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2009). O processo de iteração foi repetido duas vezes para obter a ponderação do efeito da solução dos SNPs. Os resultados de GWAS foram relatados como a proporção de variância genética aditiva explicada por janelas de 100 SNPs adjacentes. A identificação dos genes mais próximos aos SNPs foi utilizada a ferramenta Map Viewer disponível no NCBI, EquCab 3.0 (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000002305.2/, acesso: 20 fev 2021).

Resultados e Discussão

No GWAS observou-se que 46% da variação da característica morfométrica da altura na cernelha, foi explicada por 40 SNPs que estão localizados nos cromossomos autossômicos equinos (ECA).

A altura na cernelha é a característica morfométrica excludente para a obtenção do registro definitivo na ABCCCampolina. Está associada ao equilíbrio do animal, pois está relacionada ao centro de gravidade do cavalo, é utilizada como referência para observar a conformação e proporção do animal.

O SNP BIEC2_339339, localizado no ECA 15, explica 8,2% da variação característica e o gene candidato que provavelmente possa estar em desequilíbrio de ligação e relacionado ao SNP é o *LOC102148584*. Observou-se que 12% da variação da altura na cernelha pode ser explicada pelos genes *THR3*, *ZCWPW2*, *RBMS3*, *LOC111768385* e *SUCLG2*, localizados no ECA 16 (Tabela 1 e Gráfico 1). Esses genes são responsáveis por mecanismos fisiológicos que promovem o tamanho médio do equino da raça Campolina, que foi de 1,56m de acordo com a estatística descritiva.

Além de estar associado a variações na altura na cernelha neste estudo, os genes *THR3* e *SUCLG2* estão relacionados ao crescimento em camundongos e humanos (Beck-Peccoz & Chatterjee, 1994; Miller et al, 2011). Kiel et al. (2007) observaram que o *RBMS3* é um gene de renovação óssea. De acordo com a literatura, os genes que explicaram a maior variação da altura na cernelha dos equinos da raça Campolina, estão relacionados a mecanismos fisiológicos responsáveis pelo desenvolvimento esquelético animal. Porém existe a necessidade da realização de mais estudos com cada gene observado, para determinar exatamente quais modificações na altura na cernelha esses genes são responsáveis.

Tabela 1. Nome e posição dos SNPs no cromossomo e proporção da variância genética aditiva explicada associados a característica altura na cernelha.

Nome SNP1	Nome SNP2	Chr ¹	P ² . SNP1	Gene	P ² . SNP2	Gene	V.g.a. ³ (%)
B ⁵ _339339	B ⁵ _325638	15	82706171	IR ⁴	88351163	IR ⁴	8,17414
B ⁵ _334347	B ⁵ _336493	16	23706842	SUCLG2	26921908	IR ⁴	3,13818
B ⁵ _349870	B ⁵ _351819	16	52465328	L ⁶ 111768385	55869780	RBMS3	3,82071
B ⁵ _352129	TB ⁵ _371331	16	56723805	ZCWPW2	60260587	THRB	4,97336

¹Cromossomo, ²Posição, ³Variância genética aditiva, ⁴SNP na região intergênica, ⁵BIEC2, ⁶LOC.

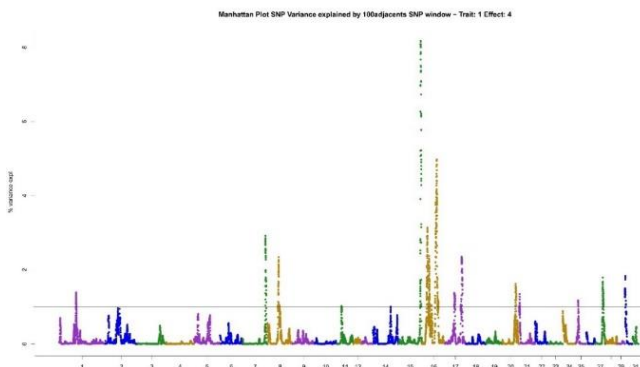


Gráfico 1. Gráfico Manhattan da proporção de variância genética aditiva explicada por janelas de 100 SNPs adjacentes para a característica morfométrica altura na cernelha.

Conclusão

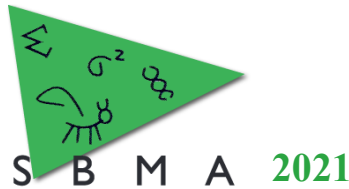
Os genes candidatos para a característica morfométrica de altura na cernelha de equinos da raça Campolina são *LOC102148584*, *THRB*, *ZCWPW2*, *RBMS3*, *LOC111768385* e *SUCLG2*.

Agradecimentos

Agradecemos ao CNPq, CAPES, FAPERJ, ABCCCampolina e Fazenda Oratório pelo financiamento, bolsas, dados e apoio para a realização deste trabalho.

Literatura citada

- ABCCCampolina-**Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Campolina**-Regulamento Do Serviço Do Registro Genealógico Do Cavalo Campolina. Disponível em: <http://www.campolina.org.br>. Acesso em: 07/02/2021.
- Beck-Peccoz, P. & Chatterjee, V.K.K. The variable clinical phenotype in thyroid hormone resistance syndrome. **Thyroid**, v.4, n.2, p.225-232, 1994.
- Kiel, D.P.; Demissie, S.; Dupuis, J.; Lunetta, K.L.; Murabito, J.M.; Karasik, D. Genome-wide association with bone mass and geometry in the Framingham Heart Study. **BMC Medical Genetics**, v.8,n.1,p.1-13, 2007.
- Miller, C.; Wang, L.; Ostergaard, E.; Dan, P.; Saada, A. The interplay between SUCLA2, SUCLG2, and mitochondrial DNA depletion. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular Basis of Disease**, v.1812, n.5, p.625-629, 2011.
- Misztal, I.; Legarra, A.; Aguilar, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**. v.92, n.9, p.4648-4655, 2009.
- Wang, H.; Misztal, I.; Aguilar, I.; Legarra, A.; Muir, W.M. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens. **Frontiers in Genetics**. v.5, n.134, 2014.



Parâmetros da endogamia em cavalos atletas de apartação da raça Quarto de Milha no Brasil

Larissa Yahagi Rodrigues^{1*}, Ricardo António Silva Faria^{2,3}, Carolina Zucatelle¹, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva³

¹Graduanda de Zootecnia na Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Depto de Expressões, Escola Profissional Agrícola Quinta da Lageosa, Belmonte, Portugal.

³Depto de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: larissa.yahagi@unesp.br

Resumo: O objetivo do estudo foi analisar os parâmetros da endogamia (F) da população de cavalos Quarto de Milha (QM) selecionados para competições de apartação no Brasil. O total de 1.590 cavalos da raça QM (38,3% machos), nascidos a partir do ano 1970 até 2015, e atletas entre os anos 1981 e 2018, bem como os 5.832 ascendentes que formaram o arquivo de pedigree, foram identificados por meio de resultados de competições oficiais da ABQM para a modalidade apartação. Os parâmetros de F obtidos foram: tamanho efetivo da população (Ne), coeficientes de F e individual de parentesco (AR), e aumento individual de endogamia (ΔFi). Os valores foram iguais a 136 animais; 1,98%; 2,18% e 0,43%, respectivamente. Os resultados foram considerados reduzidos, com exceção do número de animais com o coeficiente F diferente de zero, representando 69,6% do total de animais avaliados. As percentagens de F, AR e ΔFi apresentaram controle por parte dos criadores nestes parâmetros. O valor Ne foi reduzido e, conjuntamente com o percentual de animais endogâmicos, sugere a criação de programa de melhoramento animal visando controlar todos os parâmetros da endogamia na população de animais atletas de apartação da raça QM no Brasil.

Palavras-chave: cavalo atleta, genética, parentesco, pedigree, população, quarto de milha

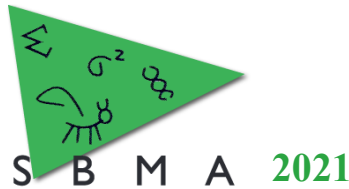
Parameters of inbreeding in athlete Quarter Horses of cutting modality in Brazil

Abstract: The aim of the study was to analyze the parameters of inbreeding (F) of the Quarter Horse (QM) population selected for cutting competitions in Brazil. A total of 1,590 QM horses (38.3% males), born from 1970 to 2015, and athletes between 1981 and 2018, as well as the 5,832 ascendants that formed the pedigree file, were identified through ABQM official competition results for the cutting modality. The F parameters obtained were effective population size (Ne), F and individual relationship coefficients (AR), and individual increase in inbreeding (ΔFi). The values were equal to 136 animals; 1.98%; 2.18% and 0.43%, respectively. The results were considered low, except for the number of animals with F coefficient different from zero, representing 69.6% of the total number of animals evaluated. The percentages of F, AR and ΔFi showed control by the breeders in these parameters. The Ne value was reduced and but superior than the suggested minimum (50) and, together with the percentage of inbred animals, suggests the creation of an animal breeding program aiming to control all inbreeding parameters in the population of cutting athletes from the QM breed in Brazil.

Keywords: athlete horse, genetic, pedigree, population, quarter horse, relationship

Introdução

Cavalos da raça Quarto de Milha (QM) são reconhecidos por sua enorme versatilidade e capacidade para competir em distintas modalidades. Uma delas é apartação, modalidade com competições oficiais iniciadas no Brasil no ano de 1981, tendo como objetivo selecionar animais de *cow sense* apurado. *Cow sense* é uma característica que pode ser definida como a capacidade do cavalo em se antecipar aos movimentos do bovino, sendo útil no manejo diário do gado. A modalidade de apartação



apresenta crescimento em número de inscrições a cada ano, com investimentos em animais criados especialmente para esta prova.

A análise dos parâmetros da endogamia é de importância para o controle de efeitos negativos decorrentes do uso de acasalamento entre animais com grau de parentesco, como perda de variabilidade genética. O método de acasalamento por endogamia é comum na raça QM e especialmente recorrente na população selecionada para a modalidade de apatação, sendo um método utilizado para fixar características desejáveis como o *cow sense*.

Reduzidos estudos abordam a genética de cavalos da raça QM no Brasil (Faria et al., 2018), sendo especialmente escassos os que analisam a população selecionada para a modalidade apatação com base no pedigree. O objetivo do estudo foi analisar a os parâmetros da endogamia da população de cavalos QM selecionados para competições de apatação no Brasil.

Material e Métodos

O total de 1.590 cavalos da raça QM (38,3% machos), nascidos a partir do ano 1970 até o ano 2015, e atletas entre os anos de 1981 e 2018, foram identificados por meio de resultados de competições oficiais da ABQM para a modalidade apatação. As informações destes animais e seus ascendentes foram obtidas no site da ABQM (<https://www.seqm.com.br/ranking/geral>), permitindo a criação de arquivo de pedigree com 5.832 animais, sendo 1.976 garanhões e 3.856 matrizes, nascidos a partir de 1834.

Os parâmetros da endogamia avaliados foram o coeficiente individual de endogamia (F), coeficiente individual médio de parentesco (AR) e aumento individual da endogamia (ΔF_i). O coeficiente F foi calculado conforme Meuwissen & Luo (1992) sendo definido como a probabilidade de um indivíduo possuir dois alelos idênticos por descendente. O coeficiente AR foi calculado conforme Gutiérrez & Goyache (2005), definido como a probabilidade de um alelo escolhido ao acaso da população pertencer a um dado animal.

O aumento individual na endogamia (ΔF_i) foi calculado conforme González-Recio et al. (2007), por meio da fórmula:

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$$

onde t é o número de gerações equivalentes conhecidas do indivíduo e F_i é o coeficiente de endogamia individual.

O cálculo do tamanho efetivo da população (N_e) foi obtido conforme proposto por Cervantes et al. (2008), considerando o valor obtido para ΔF_i . Para obtenção dos parâmetros da endogamia na população avaliada, foi utilizado o programa ENDOG v4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Resultados e Discussão

O N_e calculado por meio do ΔF_i não foi elevado (Tabela 1), mas foi superior ao valor mínimo indicado pela FAO (50 animais). O valor de N_e foi próximo ao relatado em estudo da população de corrida (Faria & Silva, 2019) e inferior ao total da raça (Faria et al., 2018) QM no Brasil, indicando a existência de relação genética entre as três populações estudadas no Brasil, como seria de esperar.

Os valores referentes aos coeficientes F, AR e ΔF_i (Tabela 1) foram reduzidos e próximos aos descritos na literatura para a raça QM (Faria et al., 2018), os autores apresentaram desvios padrão de AR e ΔF_i igualmente reduzidos sendo inferiores ao do presente. O coeficiente F apresentou desvio padrão elevado (Tabela 1), sugerindo existência de criadores utilizando acasalamentos entre animais com AR diferente de 0, possivelmente buscando fixar características de interesse expressa em determinada linhagem. Não sendo ainda elevado, o valor do ΔF_i necessita ser controlado por parte dos criadores.

Os cavalos atletas que apresentaram valor do coeficiente F entre 0,1% e 4,9% representaram 60,2% da população, e 9,2% dos animais avaliados apresentaram F superior a 5%. O número de animais com F diferente de 0 foi elevado, representando 69,4% da população avaliada (Tabela 1), com valores similares aos relatados na literatura para a raça QM no Brasil, indicando que o acasalamento de animais parentes é comum na raça.

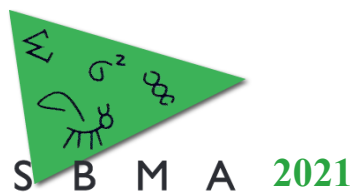


Tabela 1. Parâmetros da endogamia e da população de cavalos atletas de apartação da raça Quarto de Milha no Brasil

Itens	Valor	Desvio padrão
Parâmetros da endogamia (%)		
Tamanho efetivo da população (Ne) por ΔFi (número)	136	-
Coefficiente individual de endogamia (F)	1,98	2,47
Coefficiente individual médio de parentesco (AR)	2,18	0,90
Aumento individual da endogamia (ΔFi)	0,43	0,57
Parâmetros da população (número)		
Animais atletas (total avaliados)	1590	-
Animais atletas com $0,1\% \leq F \leq 4,9\%$	958	-
Animais atletas com $5\% \leq F \leq 9,9\%$	129	-
Animais atletas com $F \leq 10\%$	18	-

O elevado número de animais endogâmicos indicou que existem ainda 485 cavalos atletas de apartação (30,5% da população analisada) com F igual a zero. Estes animais apresentam resultados de competições na modalidade de apartação, permitindo aos criadores selecionar neste grupo de cavalos, reprodutores com uma maior variabilidade genética do que a atualmente existente. Consentindo assim, controle e redução dos acasalamentos por endogamia nos cavalos atletas da raça QM praticantes da modalidade de apartação no Brasil.

Conclusão

A população estuda é de tamanho reduzido, dificultando a seleção dos cavalos para a modalidade de apartação no Brasil.

O controle dos criadores nos parâmetros endogâmicos é evidente, porém a variabilidade genética deve ser constantemente controlada por meio de novos programas de melhoramentos genético, dirigidos para cavalos atletas de apartação da raça Quarto de Milha no Brasil.

Literatura citada

- Cervantes I., Goyache F., Molina A., Valera M. & Gutiérrez J.P. 2008. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. **J Anim Breed Genet**, 125, 301–10.
- González-Recio O., López de Maturana E. & Gutiérrez J.P. 2007. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. **J Dairy Sci**, 90, 5744–52.
- Gutiérrez J.P. & Goyache F. 2005. A note on ENDOG: A computer program for analysing pedigree information. **J Anim Breed Genet**, 122, 172–6.
- Faria R.A.S., Maiorano A.M., Bernardes P.A., Pereira G.L., Silva M.G.B., Curi R.A. & Silva J.A.I.V. 2018. Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: Population, breeding and genetic diversity. **Livestock Science**, 214, 135–141.
- Faria R.A.S. & Silva J.A.I.V. **Phenotypic and genetic diversity of the Quarter Horse racing**. Jaboticabal: UNESP, 89 f. Tese (Doutoramento em Genética e Melhoramento Animal) Programa de Pós-Graduação em Zootecnia FCAV, Campus de Jaboticabal, 2019.
- Meuwissen T. & Luo Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genet Sel Evol**, 24, 305.



Probabilidade de origem do gene da população de cavalos da raça Quarto de Milha atletas na modalidade apartação no Brasil

Larissa Yahagi Rodrigues^{1*}, Ricardo António Silva Faria^{2,3}, Carolina Zucatelle¹, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva³,

¹Graduanda de Zootecnia na Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Depto de Expressões, Escola Profissional Agrícola Quinta da Lageosa, Belmonte, Portugal.

³Depto de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: larissa.yahagi@unesp.br

Resumo: O objetivo do estudo foi avaliar a variabilidade genética de cavalos atletas de apartação da raça Quarto de Milha (QM) no Brasil, por meio da probabilidade de origem do gene. Foram avaliados 1.590 animais (38,3% machos), nascidos entre os anos 1970 e 2015, todos cavalos atletas em provas oficiais da ABQM entre os anos 1981 e 2018. O pedigree compreendia 5.832 animais, nascidos desde o ano de 1834. O número de fundadores (Nf) foi de 1.852 animais e a probabilidade de origem do gene forneceu valores de 255, 37 e 23 animais, para o número efetivo de fundadores (fe) que foi superior ao número efetivo de ancestrais (fa) que foi superior ao número efetivo de genomas fundadores (fge), respectivamente. Os valores da probabilidade de origem do gene foram reduzidos considerando o Nf, com perda considerável de fundadores, ancestrais e genomas remanescentes na população representativa dos cavalos atletas da modalidade de apartação. As reduções observadas indicaram estreitamento da base genética inicial da população. A situação pode ser corrigida com a criação de programas de melhoramento que visem aumentar a variabilidade de genes presentes na atual população por uso de acasalamentos dirigidos entre animais QM selecionados para a modalidade de apartação no Brasil.

Palavras-chave: ancestrais, equinos, fundadores, pedigree, quarto de milha, variabilidade genética

Genetic diversity of athlete Quarter Horses of cutting modality in Brazil

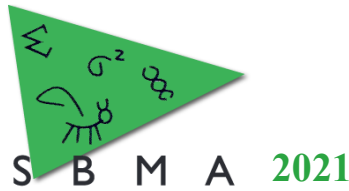
Abstract: The aim of the study was to evaluate the genetic variability of athlete Quarter Horses (QM) in cutting modality in Brazil, through the gene origin probability. A total of 1,590 animals were evaluated (38.3% males), born between the years 1970 and 2015, all of them athlete horses in official ABQM competitions between 1981 and 2018. The pedigree comprised 5,832 animals, born since 1834. The number of founders (Nf) was 1852 animals and the probability of origin of the gene provided values of 255, 37 and 23 animals, for the effective number of founders (fe) which was higher than the effective number of ancestors (fa) which was higher than the effective number of founder genomes (fge), respectively. The values of the gene origin probability were reduced considering the Nf, with considerable loss of founders, ancestors and remaining genomes in the representative population of the athlete horses of the cutting modality. The observed reductions indicated a narrowing of the initial genetic base of the population. The situation can be corrected with the creation of breeding programs that aim to increase the variability of genes present in the current population through the use of directed matings between QM animals selected for the cutting modality.

Keywords: ancestors, equine, founders, genetic variability, pedigree, quarter horse

Introdução

A raça Quarto de Milha (QM) é reconhecida como a raça mais versátil do mundo. Introduzida no Brasil no ano de 1955 para auxiliar no manejo do gado, a raça QM é atualmente uma das mais numerosas e importantes no Brasil. As competições de apartação visam selecionar cavalos com *cow sense* elevado, e a população QM criada para esta modalidade é destaque na raça (ABQM, 2021).

A base genética das populações tem origem em seus animais fundadores, sendo que maior número de fundadores ou manutenção de origens desses fundadores em reprodução, proveria maior variabilidade



genética. Os parâmetros da probabilidade de origem do gene permitem conhecer o desenvolvimento e avaliar a variabilidade genética de determinada população com base em seus animais ancestrais fundadores e demais ancestrais (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Embora apresente importante impacto na equinocultura nacional e na própria raça QM, são escassos os estudos envolvendo a população de cavalos atletas de apartação (Rodrigues et al., 2021). O objetivo do estudo foi avaliar a variabilidade genética de cavalos atletas de apartação da raça QM no Brasil, por meio da probabilidade de origem do gene.

Material e Métodos

Foram avaliados 1.590 cavalos da raça QM (38,3% machos), nascidos entre os anos de 1970 e 2015, atletas da modalidade apartação e competidores de provas oficiais da ABQM entre os anos 1981 e 2018. Os animais e seus ascendentes foram identificados e coletados no site da ABQM (<https://www.seqm.com.br/ranking/geral>). O arquivo de pedigree formado continha 5.832 animais, nascidos a partir do ano de 1834, sendo 1.976 garanhões e 3.856 matrizes.

O número de fundadores (Nf), foi determinado considerando como fundador o animal que apresentou ambos os progenitores desconhecidos, e ½ fundador quando apenas um dos progenitores era desconhecido (Gutiérrez & Goyache, 2005). A avaliação da variabilidade genética da população foi realizada por meio dos parâmetros da probabilidade de origem do gene, sendo obtido segundo as indicações descritas no programa ENDOG v4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

O número efetivo de animais fundadores (f_e) fornecendo a mesma contribuição para a diversidade genética da população, por meio da fórmula:

$$f_e = 1 / \sum_{k=1}^f q_k^2$$

em que, q_k é a probabilidade de origem do gene do ancestral k e f é o número de fundadores.

O número efetivo de ancestrais (f_a) fornece o número mínimo de animais não necessariamente fundadores, que permitem explicar a diversidade genética da população, calculado conforme a fórmula:

$$f_a = 1 / \sum_{j=1}^a q_j^2$$

onde q_j é a contribuição genética marginal do ancestral j e a é o número de ancestrais.

O número efetivo de genomas fundadores (f_{ge}) representa o número de fundadores que, se não houvesse perda de alelos por deriva gênica, produziriam a diversidade genética observada na população (Caballero & Toro, 2000), obtido por meio da fórmula:

$$f_{ge} = \frac{1}{2C}$$

em que C é a coancestralidade média dos indivíduos da população.

Resultados e Discussão

O número de fundadores (Nf) representa 26,6% do total de animais do pedigree utilizado (Tabela 1). O valor de Nf é elevado considerando outras populações da raça QM, com 4,1% para a população total (Faria et al., 2018) e 19,9% na população de cavalos de corridas (Faria et al., 2019). O resultado indica que a população de cavalos atletas de apartação da raça QM apresenta maior variabilidade de genes fundadores, podendo ser utilizados reprodutores/as de apartação em reprodutoras/es de outras modalidades para aumentar os genes fundadores dessas populações.

Os valores da probabilidade de origem do gene foram reduzidos comparando ao Nf, com valor de f_e superior ao f_a , que por sua vez foi superior ao valor de f_{ge} (Tabela 1). A diferença entre os resultados de Nf e f_e indicaram participação desigual dos fundadores na formação da população brasileira de cavalos QM de apartação. O valor de f_a foi reduzido (Tabela 1), demonstrando baixo número de ancestrais contribuindo para a diversidade genética e o valor de f_{ge} foi o menor entre os três parâmetros, indicando acentuada perda de alelos dos animais fundadores.

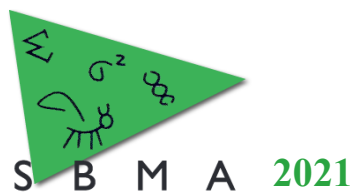


Tabela 1. Parâmetros da população, número de fundadores e probabilidade de origem do gene da população de cavalos atletas de aptação da raça Quarto de Milha

Itens	Valor
Número de animais no pedigree	5.832
Número de animais atletas	1.590
Número de fundadores (Nf)	1.852
Probabilidade de origem do gene	
Número efetivo de fundadores (fe)	255
Número efetivo de ancestrais (fa)	37
Número efetivo de genomas fundadores (fge)	23

Os parâmetros fe, fa e fge foram inferiores ao descrito no estudo de Faria et al. (2018) que apresentaram 1045, 156 e 105, respectivamente, na raça QM considerando todas as linhagens (conformação, trabalho e corrida) e superiores ao do estudo considerando apenas a linhagem de corrida (Faria et al., 2019) com 111, 26 e 15, respectivamente.

Os resultados indicam que a população de cavalos de aptação apresentou menor variabilidade genética em comparação com a população total e maior variabilidade genética comparada à população recente de corridas. Estas comparações devem ser feitas com prudência visto que, embora as três populações da raça QM no Brasil apresentem idênticos fundadores (Faria et al., 2018, 2019; Rodrigues et al., 2021), surgem animais distintos nas mesmas.

Conclusão

O estudo descreve a população de animais QM atletas de aptação no Brasil como de tamanho reduzido e com perda de variabilidade genética da base fundadora.

Novos programas de melhoramento genético devem ser criados, recorrendo aos acasalamentos dirigidos entre cavalos selecionados na modalidade de aptação e ainda não reprodutores, permitindo aumentar a variabilidade genética da população de cavalos atletas de aptação no Brasil.

Literatura citada

ABQM. **Associação Brasileira de criadores do cavalo Quarto de Milha**. 2021. Disponível em: <<https://www.abqm.com.br>>. Acesso em: 03 de março de 2021.

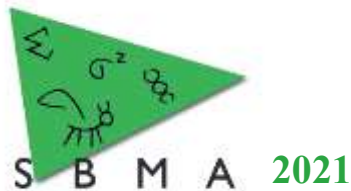
Caballero A. & Toro M. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetical Research**, 75, 331–343.

Faria R.A.S., Maiorano A.M., Bernardes P.A., Pereira G.L., Silva M.G.B., Curi R.A. & Silva J.A.I.V. 2018. Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: Population, breeding and genetic diversity. **Livestock Science**, 214, 135–141.

Faria R.A.S., Maiorano A.M., Correia L.E.C. dos S., Santana Jr M.L. & Silva J.A.I.V. 2019. Time class for racing performance of the Quarter Horse: Genetic parameters and trends using Bayesian and multivariate threshold models. **Livestock Science**, 225, 116–122.

Gutiérrez J. P. & Goyache F. 2005. A note on ENDOG: A computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 122, 172–176.

Rodrigues L.Y., Faria R.A.S. & Silva J.A.I.V. 2021. Analysis of the Pedigree and Ancestors of the Cutting Population of the Quarter Horse Breed. **Journal of Equine Veterinary Science**, 99, 103385.



Identificação de grupos genéticos distintos de asininos: um passo para reconhecimento de raças

Jackeline Santos Alves^{1*}, Marcia da Silva Anjos², Louise Sarmento Martins de Oliveira¹, Marisa Silva Bastos¹, Chiara Albano de Oliveira¹, Luís Fernando Batista Pinto¹, Raphael Bermal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Diversidade Animal da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: jackeline.alves@ufba.br

Resumo: Os asininos foram introduzidos no Brasil no período da colonização e se adaptaram ao clima e vegetação do país. Sugerem-se três grupos genéticos com origem nas regiões Nordeste e Sudeste. Todavia análises sobre origem, relação filogenética e estruturação populacional são escassas. Nesse sentido, a utilização de marcadores moleculares como a região controle D-loop (mitocondrial), é útil para fazer esses levantamentos. Esse estudo tem como objetivo avaliar a diversidade genética dos grupos de asininos naturalizados do Brasil (Nordestino, Pêga e Brasileiro). Detectamos 14 haplótipos mitocondriais com 21 sítios polimórficos. O jumento Nordestino mostrou forte estruturação com quatro haplótipos exclusivos e compartilhamento de haplótipos com o jumento Pêga e maior número de passos mutacionais com relação a outros grupos. Por sua vez, o Jumento Brasileiro apresentou cinco haplótipos exclusivos e também compartilha haplótipos com jumento Pêga. O Jumento Nordestino é o mais distante dos demais. Sugere-se como explicação o isolamento geográfico ou origem de clado diferente. As análises de variância molecular indicam forte estruturação dos grupos, indicando que são independentes e com alto índice de fixação, ou seja, podemos considerar os grupos como raças independentes no quesito genético.

Palavras-chave: conservação, DNA mitocondrial, raças brasileiras, recursos genéticos animais.

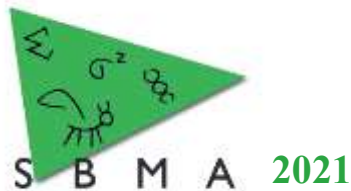
Identification of distinct genetic groups of donkeys: a step for breed recognition

Abstract: Donkeys were introduced in Brazil during the colonization period and adapted to climate and vegetation. Three genetic groups from the Northeast and Southeast regions are found. However, analyses of origin, phylogenetic relationship and population structure are scarce. In this sense, the use of molecular markers such as the D-loop control region (mitochondrial) is useful to carry out these analyses. This study aims to evaluate the genetic diversity of groups of donkeys naturalized in Brazil (Nordestino, Pêga and Brasileiro). We detected 14 mitochondrial haplotypes with 21 polymorphic sites. The Nordestino donkey showed strong structure and four unique haplotypes. It shared haplotypes with the Pêga donkey and a higher number of mutational steps in relation to other groups. The Brasileiro donkey presented five unique haplotypes and also shares haplotypes with the Pêga donkey. The Nordestino donkey is the most distant from the others. A possible explanation is the geographic isolation or origin from different clades. Molecular variance analyzes indicate a strong group structure, indicating that they are independent and with a high fixation index. It means that, can consider the groups as independent breeds according to the genetic aspect.

Keywords: animal genetic resources, brazilian breeds, conservation, mitochondrial DNA.

Introdução

Atualmente, o Brasil abriga três grupos genéticos naturalizados de asininos: Jumento Brasileiro, Jumento Nordestino e Jumento Pêga (Mariane e Cavalcante, 2006). Os asininos se diferenciaram nas raças atuais em diferentes regiões do país. O surgimento do Jumento Brasileiro é remetido ao estado de São Paulo a partir de cruzamentos entre animais trazidos da Europa são conhecidos por ter aptidão para sela, carga, tração e para produzir muares (híbridos). Na região Nordeste do Brasil surgiu o ecótipo Jumento Nordestino, descendentes de jumentos norte-africanos. É utilizado usualmente em serviços de carga e como animal de sela. Por fim, o Jumento Pêga é o único grupo genético identificado como raça com registro genealógico no Brasil. Tem origem no estado de Minas Gerais, selecionada para a produção



de muare na indústria da mineração e são valorizados pela marcha (Carneiro et al., 2018; McManus et al., 2010).

É necessário conhecer a constituição desses recursos genéticos pois, diante de suas características singulares, se faz necessário o estabelecimento de estratégias de conservação destes grupos adaptados (de Camargo, 2018). A definição de grupos genéticos distintos ajuda na conservação dos recursos bem como é etapa fundamental da caracterização e definição de raça. Marcadores moleculares constituem uma ferramenta eficaz que permite analisar as relações filogenéticas e diversidade de raças locais (Xia et al., 2019). Portanto, objetivou-se avaliar a relação filogenética dos grupos de asininos do Brasil com base na região mitocondrial D-loop.

Material e Métodos

Foram estudados 29 asininos das três raças brasileiras: Jumento Brasileiro (9 exemplares); Jumento Nordestino (10 exemplares) e Jumento Pêga (10 exemplares) (Figura 1a). Extraímos o DNA total de folículos capilares. As amostras de DNA do Jumento Brasileiro foram cedidas pela EMBRAPA em um acordo de transferência de material (23066.043532/2019-91). Os iniciadores (F: ATCATTTCAGTCAACACGC e R: TTTTGGGGTTTGGCAAGATT) foram utilizados para as reações de PCR e sequenciamento. O *software* BioEdit foi utilizado para edição e alinhamento das sequências. Após a edição, as sequências foram utilizadas nas análises de diversidade haplotípica e nucleotídica, análise de variância molecular (AMOVA), estruturação dos haplótipos e reconstrução filogenética usando os métodos de Inferência Bayesiana e Máxima Verossimilhança via matriz de haplótipos, utilizando os *softwares* DnaSp, PopART, Arlequin, RAxML e o MrBayes respectivamente. Todas as análises foram executadas remotamente através do CIPRES Science Gateway 3.3 (<http://www.phylo.org/index.php/portal/>). E o modelo evolutivo K80 + Homogeneous para a BI foi calculado no *software* Kakusan4.

Resultados e Discussão

Foram identificados 21 sítios polimórficos dentro da região controle do mtDNA (381 pb) de 29 indivíduos. Sendo 14 parcimoniosamente informativos e 6 mutações únicas (*singletons*), gerando 14 haplótipos (H1-H14), com altas diversidades haplotípica ($Hd = 0,90$) e nucleotídica ($\pi = 0,014$).

Nenhum haplótipo foi compartilhado pelas três raças. No entanto, as sequências dos haplótipos H8 e H12 foram compartilhadas pelos Jumento Nordestino e Jumento Pêga. Além disso, o haplótipo H4 foi compartilhado por asininos Brasileiro e Pêga (Figura 1b).

As topologias recuperadas por BI e ML com base no conjunto de dados foram semelhantes para todos os *clusters* de *E. asinus*. A BI (Figura 1c), enraizada por *Equus caballus*, apresenta dois ramos principais, um ramo abrange indivíduos das três raças de asininos brasileiras e o outro, majoritariamente asininos Jumento Nordestino. Os resultados da AMOVA mostram variação significativa entre as raças/ecótipos de asininos (Tabela 1) e altos valores de F_{ST} , indicando grande estruturação e diferenciação entre os grupos. As raças/ecótipos de asininos locais, foram recuperadas em dois *clusters* com suporte máximo (1,0) usando BI e ML (Figura 1c), o Jumento Nordestino está mais bem estruturado e isolado. Acrescido a isso, estudos que utilizaram outra parte do D-loop, sugerem que a espécie não é monofilética, possuindo duas origens ancestrais: o jumento da Núbia (*Equus africanus africanus*), clado I e do jumento da Somália (*Equus africanus somaliensis*), clado II, ambos ocorrendo simultaneamente no noroeste da África (Beja-Pereira et al., 2004). As três raças de asininos brasileiros são provavelmente de diferentes cladros, Xia et al. (2019) identificaram o jumento Nordestino como sendo do clado II.

Essa diferenciação está de acordo com a distribuição geográfica das regiões de formação das raças (Figura 1a) cujo isolamento geográfico dos grupos por ter contribuído para a estruturação, além das diferentes origens dos animais fundadores (Mariante e Cavalcante, 2006, McManus et al., 2010). Ressalta-se que as populações do ecótipo Nordestino tem sofrido forte redução principalmente devido ao abate indiscriminado com vistas à exportação de sua carne e derivados, em especial para o Japão e países europeus (Mariante e Cavalcante 2006; Carneiro et al., 2018).

As raças/ecótipos de asininos brasileiros apresentam indicativo de diferenciação, com o ecótipo Jumento Nordestino diferenciando mais dos demais. Essa diferenciação é importantíssima para a implementação de estratégias iniciais para a conservação. Mais que isso, possibilita dizer que

geneticamente são grupos distintos, sendo o conceito genético atendido para a formação de raça. Caracterização fenotípica e criação por produtores com algumas gerações são outros requerimentos para o estabelecimento de uma associação e registro de uma raça junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

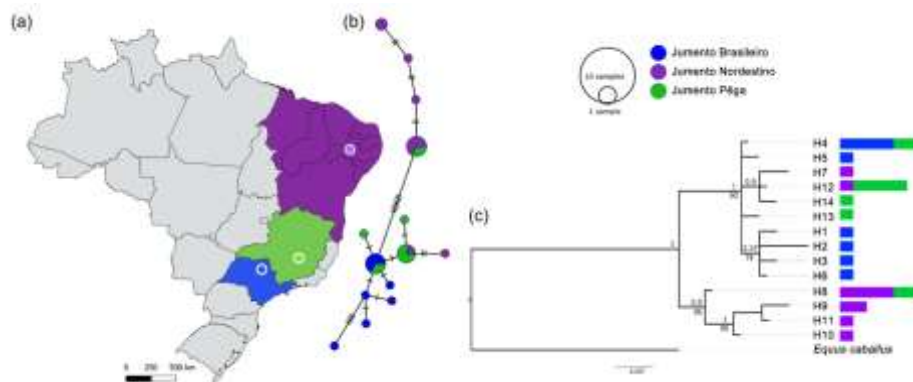


Figura 1. (a) Mapa mostrando as localizações geográficas das regiões de formação/origem das raças no Brasil. (b) Rede de haplótipos de 14 haplótipos de 29 asininos brasileiros (c) Topologia recuperada por Inferência Bayesiana e máxima verossimilhança (IB e ML) a partir de 14 haplótipos

Tabela 1. Análise hierárquica da AMOVA entre três raças/ecótipos de asininos

Espécie	Fonte de variação	<i>g.l.</i>	Porcentagem de variação
Asininos	Entre populações	2	45,75*
	Dentro das populações	26	54,25
$F_{ST}=0,45748$			

* Variação entre populações e F_{ST} : significativo ($p < 0,05$)
g.l. = graus de liberdade

Conclusão

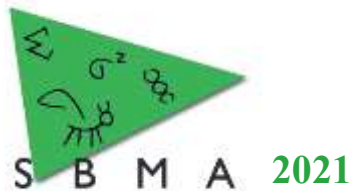
Esse estudo fornece uma visão geral da diversidade genética dos grupos de asininos naturalizados do Brasil. Tais resultados serão úteis para apoiar o estabelecimento de programas que visem a conservação e uso sustentável desses animais, bem como estabelecimento de registro genealógico e identificação de raças de asininos.

Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia pela concessão da bolsa de estudos. À EMBRAPA pela doação das amostras de DNA do Jumento Brasileiro (nº 23066.043532/2019-91).

Literatura citada

- Carneiro G.F., Lucena J.E.C. & Barros L.O. 2018. The Current Situation and Trend of the Donkey Industry in South America. **Journal of equine veterinary science**, 65, 106-110.
- de Camargo G.M.F. 2018. The role of molecular genetics in livestock production. **Animal Production Science**, 59, 201-206.
- Mariante A.S. & Cavalcante N. 2006. **Animais do Descobrimento: raças domésticas da história do Brasil**. Brasília: Embrapa Sede / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
- McManus C. Paiva S. Louvandini H. Melo C. & Seixas L. 2010. **Jumentos no Brasil**. In INCT Informações Genético-Sanitária da Pecuária.
- Xia X, Yu J, Zhao X, et al. 2019. Genetic diversity and maternal origin of Northeast African and South American donkey populations. **Animal Genetics**, 50, 266–270.



Gene da miostatina e a hipertrofia muscular em bubalinos

Jackeline Santos Alves^{1*}, Sebastião Tavares Rolim-Filho², Humberto Tonhati³, Raphael Bernal Costa⁴,
Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brasil.

²Instituto da Saúde e Produção Animal da Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), Belém, PA, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil.

⁴Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Produção Animal, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: jackeline.alves@ufba.br

Resumo: A miostatina (MSTN) é uma proteína pertencente à família dos fatores de crescimento transformante- β (TGF- β). Mutações no gene *MSTN* foram associadas à hipertrofia muscular em bovinos e outros mamíferos. O presente estudo, teve por objetivo detectar variações nas regiões exônicas codificantes do gene miostatina em bubalinos com diferentes conformações corporais. Analisaram-se as regiões dos éxons do *MSTN* pela técnica de PCR-sequenciamento de animal com hipertrofia muscular e dez animais de musculatura normal. Não foram encontradas variantes gênicas entre os grupos estudados que pudessem ser associadas ao fenótipo sob estudo.

Palavras-chave: *Bubalus bubalis*, *GDF8*, *MSTN*, Murrah, musculatura dupla.

Myostatin gene and muscle hypertrophy in buffaloes

Abstract: The myostatin (MSTN) is a protein belonging to the family of transforming growth factors- β (TGF- β). Mutations in the *MSTN* gene have been associated with muscle hypertrophy in cattle and other mammals. The present study aimed to detect variations in the exonic coding regions of the myostatin gene in buffaloes with different body conformations. The regions of the *MSTN* exons were analyzed using the PCR-sequencing technique of an animal with muscle hypertrophy and ten animals with normal musculature. No gene variants were found among the studied groups that could be associated with the phenotype under study.

Keywords: *Bubalus bubalis*, double musculature, *GDF8*, *MSTN*, Murrah.

Introdução

O gene da Miostatina (*MSTN*), também conhecido como Fato 8 de crescimento e diferenciação (*GDF8*) é considerado um regulador negativo do crescimento do tecido muscular (McPherron et al., 1997; Aiello et al., 2018). A sequência do gene da miostatina em bubalinos apresenta três éxons. Os éxons 1, 2 e 3 possuem 373, 374 e 381 pares de bases (pb), respectivamente. Além dos éxons, esse gene apresenta ainda dois íntrons (Tantia et al., 2007). Mutações no gene da miostatina estão associadas ao fenótipo de hipertrofia muscular em diferentes espécies domésticas (Aiello et al., 2018; Jakaria et al., 2021). Portanto, objetivou-se investigar polimorfismos nas regiões codificantes da miostatina em bubalinos com musculatura hipertrofiada e determinar variantes genéticas circulantes que possam influenciar o fenótipo sob estudo.

Material e Métodos

A população deste estudo compreendeu 11 búfalos Murrah, incluindo dez com musculatura “normal”, e um com musculatura dupla (Figura 1). O DNA genômico foi extraído a partir de amostras de folículos pilosos. Três pares de *primers* (Tabela 1) foram projetados para amplificar os éxons 1, 2 e 3 do gene miostatina (*GDF8*). Os produtos de PCR foram purificados usando precipitação de polietilenoglicol (PEG) a 20% e foram sequenciadas ambas as fitas de DNA.

Editamos as sequências obtidas usando o *software* BioEdit *Sequence Alignment Editor* e alinhamos utilizando o algoritmo *ClustalW Multiple alignment* implementado no BioEdit e o algoritmo CLUSTAL no *Molecular Evolutionary Genetics Analysis - MEGA 5*.

Resultados e Discussão

No presente estudo, a partir da análise das sequências do gene *MSTN* de búfalos com fenótipos corporais distintos, detectou-se a inexistência de polimorfismos nos éxons 1, 2 e 3 desse gene. Páez et al (2021), também relataram a ausência de variações nas regiões dos éxons 2 e 3 do gene da miostatina de seis em búfalos com musculatura dupla na Colômbia. Com isso, verifica-se a necessidade de mais pesquisas que investiguem outras regiões genômicas que podem estar relacionadas com essa variação na musculatura de búfalos, visto que esse fenótipo pode ser de interesse para a produção de carne.

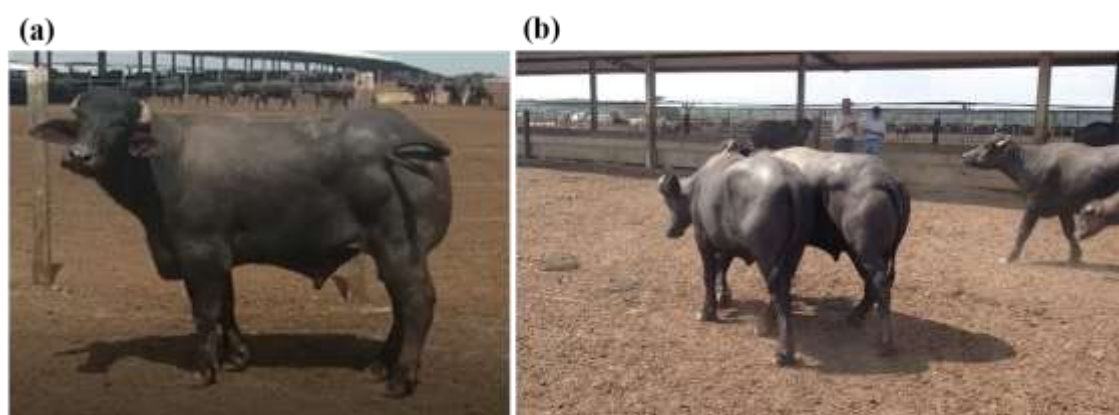
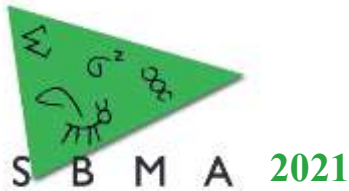


Figura 1. (a) Búfalo com hipertrofia muscular. (b) Búfalos com musculatura normal e hipertrofia muscular lado a lado.

Tabela 1. Iniciadores utilizados para amplificação dos éxons 1, 2 e 3 do gene da miostatina.

Região alvo	Sequência do iniciador*	Temperatura de anelamento (°C)	Tamanho do produto PCR (pb)
Éxon 1	<i>Forward</i> 5'- CTG GTG TGG CAA GTT GTC TC-3' e <i>reverse</i> 5'- GGC TTC AAC CTC TAC AGA TTT CT-3'	54	962
Éxon 2	<i>Forward</i> 5'- TGG AGG TGT TCG TTC GTT TT-3' e <i>reverse</i> 5'- TGT GTT GTT GGG TGT GTA CT-3'	54	811
Éxon 3	<i>Forward</i> 5'- GCT ACT GTA GAC TTT TGA GCC A-3' e <i>reverse</i> 5'- TCA CCA GAA GAC AAG GAG AAT T-3'	54	880

*NCBI DQ091762.1; NC_037546.1 sequências referências (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>).

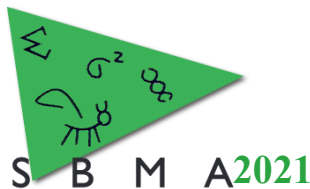


Conclusão

Os resultados do presente estudo mostram que o fenótipo hipertrofia muscular em bubalinos não é decorrente de polimorfismos no gene da miostatina.

Literatura citada

- Aiello, D.; Patel, K. & Lasagna, E. 2018. The myostatin gene: an overview of mechanisms of action and its relevance to livestock animals. **Animal genetics**, 49, 505-519.
- McPherron A.C.; Lawler A.M. & Lee S.J. 1997. Regulation of skeletal muscle in mice by a new TGF-beta superfamily member. **Nature**, 387, 83-90.
- Jakaria, J.; Aliyya, W.L.N.; Ismail, R.; Siswanti, S. Y.; Ulum, M. F. & Priyanto, R. 2021. Discovery of SNPs and indel 11-bp of the myostatin gene and its association with the double-muscled phenotype in Belgian blue crossbred cattle. **Gene**, 784, 145598.
- Páez, M.A.R.; Tovar, N.J.R.; Mendoza-Sánchez, G.; Muñoz, M.F.; Molina, B.J.S.; Torres, A.F.S.; Gutiérrez, J.A.B. & Buitrago, J.D.R. 2021. Possible Mutations Expressed in Double Musculature Phenotype. **Journal of Buffalo Science**, 10, 1-5.
- Tantia M.S.; Vijn R.K.; Mishra B. & Bharani Kumar T. 2007. Sequence of GDF 8 (Myostatin) Gene in *Bubalus bubalis*. **Animal Biotechnology**, 18, 177-181.



A pelagem lobuna em equinos da raça Campolina: um estudo de caso

Ivana Louise Santos Silva^{1*}, Chiara Albano de Araújo Oliveira¹, Raphael Bernal Costa¹, Glebb Strauss Borges Junqueira¹, Beatriz Bastos Senes¹, Ingrid Pereira Pinto Oliveira¹, Silel Vinícius Simões Andrade Maciel¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹ Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: ivana_12santos@hotmail.com

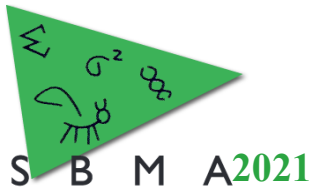
Resumo: A pelagem lobuna não é frequente na população de equinos Campolina, por isso pode ser confundida com diluições da pelagem preta podendo causar inconsistências no registro de animais lobunos. O objetivo desse estudo é confirmar a pelagem lobuna de equinos Campolina registrados, a partir da inferência dos genótipos das pelagens dos pais. Nesse projeto foram avaliados 3302 animais lobunos registrados na Associação Brasileira dos Criadores de Cavalo Campolina (ABCCC) bem como a pelagem de seus pais. A fim de se confirmar a possibilidade de nascimento de lobunos, foi feita uma averiguação dos possíveis genótipos das pelagens paternas e do animal lobuno descendente. Detectaram-se 246 equinos registrados como lobunos, mas que segundo as pelagens dos genitores, não poderiam ter essa pelagem. Isso se deve a inconsistência dos alelos determinantes das pelagens dos filhos e dos pais. 70% dos animais lobunos inconsistentes nasceram antes de 2007, ano em que começou a ser exigido teste de paternidade para registro na raça. A falta do teste de paternidade pode ter influenciado o maior número de nascimentos e registros inconsistentes, mas não foi somente isso. Outros fatores como erros na identificação da pelagem também podem ter influenciado. Para tentar diminuir as inconsistências observadas, sugere-se a manutenção do teste de paternidade, maior treinamento na identificação das pelagens e suas variedades além de verificação do custo de genotipagens para alelos da pelagem em equinos.

Palavras-chave: genética, registro, resenha.

The grullo coat in Campolina horses: a case study

Abstract: The grullo coat color is not frequent in the Campolina horses population, so it can be confounded with dilutions of the black coat and may cause inconsistencies in the registration of grullo animals. The aim of this study is to confirm the grullo coat of registered Campolina horses, based on the inference of the genotypes of the coats of the parents. In this project, 3302 grullo animals registered at the Brazilian Association of Horse Breeders Campolina (ABCCC) were evaluated, as well as the coat of their parents. In order to confirm the possibility of birth of grullas, an investigation was made of the possible genotypes of the paternal coats and of the descending grullo animal. 246 horses registered as grullo were detected, but which according to the coats of the parents, could not have this coat. This is due to the difference in alleles presence in relation to the parents. 70% of inconsistent grullo animals were born before 2007, the year from which paternity testing was required in breed registration. The lack of paternity testing may have influenced the greater number of births and inconsistent records, but not only it. Other factors such as misidentification of the coat may also have played a role. To try to reduce the inconsistencies observed, the maintenance of the paternity test, greater training in the identification of coats and its varieties, and verification of cost of genotyping for coat alleles in horses, are suggested.

Keywords: genetics, registry, outline diagram.



Introdução

A pelagem é uma característica que adiciona muito valor a equinos. Há muito tempo as pelagens são objetos de interesse de criadores, assim como cientistas. O livro de registro genealógico de raças possuem informações importantes sobre as pelagens e foram utilizados para prover explicações sobre o acasalamento de animais que possuíam pelagens diferentes (Castle, 1953). É importante que a identificação da pelagem dos equinos seja feita de forma precisa, e os motivos para isso são a identificação de animais para fins legais, registros de saúde e de raças. Além disso, é de suma importância para criadores que desejam produzir ou não, determinadas pelagens em potros, que irão definir o seu sucesso (Sponenberg & Bellone, 2017). Acredita-se que a pelagem lobuna, por ser pouco frequente, pode ser confundida com outras diluições da pelagem preta. Assim, o objetivo desse estudo de caso é confirmar a pelagem lobuna de equinos Campolina registrados, a partir da inferência dos genótipos das pelagens dos pais, verificando-se inconsistências e lançando hipóteses sobre as possíveis causas.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de registro cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Cavalo Campolina (ABCCC). A associação possui 3871 animais lobunos registrados. No estudo, foram analisados 3302 animais lobunos (com registro de 1970 até 2016) e de seus respectivos pais. Anotações indefinidas da pelagem de alguns pais levaram ao descarte de dados. Na planilha do Excel foram tabelados os dados dos animais lobunos (nome, pelagem, pai, mãe e pelagem dos pais). Com os dados tabelados obtidos, foram feitas análises nos fenótipos dos pais, para inferência dos genótipos, que são conhecidos. Com o genótipo predito dos pais, fez-se uma comparação com o genótipo predito do descendente lobuno. Os genótipos paternos devem ter alelos compatíveis com os alelos do genótipo da progênie lobuna. O genótipo do lobuno foi descrito por Imstrand et al., (2016) como B_{aaD}E₋. Verificações foram feitas e inconsistências anotadas.

Resultados e Discussão

Dos 3302 animais lobunos avaliados, 246 animais registrados como lobuno, (que corresponde a 7,45% dos animais avaliados), não poderiam ser lobunos de acordo com a pelagem dos seus pais. Essa inconsistência se dá pelo fato de que o alelo do genótipo dos animais lobunos (filhos) é diferente da forma presente no genótipo dos pais. Como exemplo, havia um lobuno cujos pais eram dois alazões. Isso é impossível de acontecer, pois para o locus B, o animal lobuno é B₋ e os animais alazões são bb. Outro exemplo de inconsistência é quando os pais são pretos e/ou castanhos. Para essas pelagens, o genótipo do locus D é dd. Obrigatoriamente, um animal lobuno precisa ser D₋. Então, um dos pais do animal lobuno precisa ter um alelo D. A partir do ano de 2007, a ABCCC passou a exigir teste de paternidade dos animais para registro. Verificou-se a distribuição dos 246 animais com registros inconsistentes antes e depois de 2007. Um total de 173 animais (70,32%) nasceram antes de 2007 e 73 animais (29,62%) nasceram após 2007. A média de registros inconsistentes é de 4,6 registros por ano antes de 2007 e de 8,1 registros/ano após 2007. A análise dos registros inconsistentes antes e depois de 2007 mostram que com a implantação da obrigatoriedade do teste de paternidade após 2007, a incidência de nascimentos de animais inconsistentes é menor (~30%). Todavia, a média de registros inconsistentes por ano é maior após 2007. Isso mostra que erros de pedigree devido à falta do teste de paternidade, podem ter gerado inconsistências antes de 2007, mas que não são a única causa de anotações erradas, pois elas continuam a existir (inclusive com médias anuais maiores). Outro motivo que pode ter gerado as inconsistências, seriam os erros na identificação da pelagem lobuna. Como a pelagem lobuna é difícil de ser identificada e facilmente confundida com outras pelagens diluídas, o técnico no momento do registro pode identificar a pelagem de forma equivocada. Recomenda-se um maior treinamento na identificação da pelagem lobuna (entre outras) pelos técnicos de registro, assim como a manutenção do teste de paternidade a fim de diminuir o número de animais registrados erroneamente. Na figura 1 estão as pelagens mais comuns dos pais dos animais lobunos.

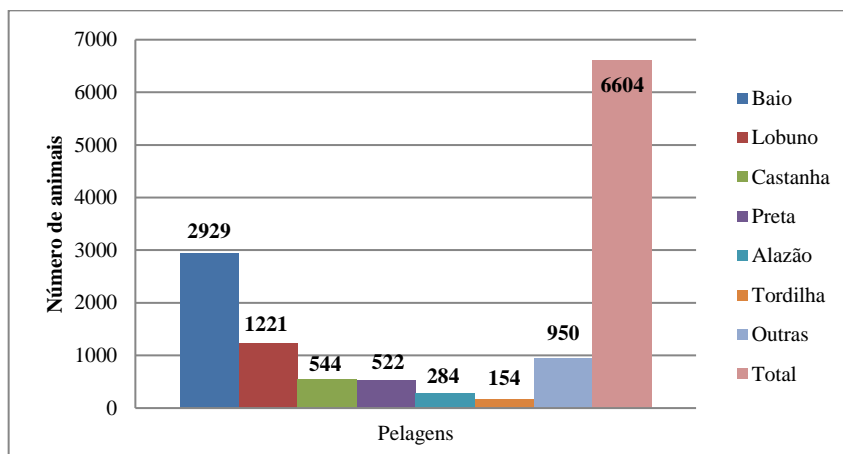


Figura 1- Pelagens mais frequentes dos pais dos animais lobunos.

Conclusão

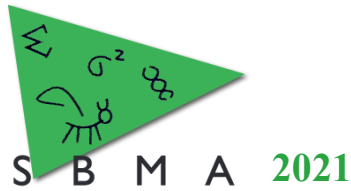
A pelagem de equinos é um fator importante para os criadores, pois agrega valor ao animal e está intimamente associada a preferências. No presente estudo de caso, analisou-se a pelagem lobuna em equinos Campolina e verificaram-se inconsistências. Erros no registro para pelagem poderiam ser sanados completamente se testes genéticos de pelagem fossem realizados, entretanto o custo dificulta a implantação dessa prática.

Literatura citada

Castle, W.E. 1954. Coat color inheritance in horses and in other mammals. **Genetic**, 39, 30.

Imslund, F., McGowan, K., Rubin, C. J., Henegar, C., Sundström, E., Berglund, J., Schwochow, D., Gustafson, U., Imslund, P., Lindblad-Toh, K., Lindgren, G., Mikko, S., Millon, L., Wade, C., Schubert, M., Orlando, L., Penedo, M., Barsh, G., & Andersson, L. 2016. Regulatory mutations in TBX3 disrupt asymmetric hair pigmentation that underlies Dun camouflage color in horses. **Nature genetics**, 48, 152.

Sponenberg, D. & Bellone, R. 2017. **Equine Color Genetics**. (4th Edition.) John Wiley & Sons.



Utilização de redes de haplótipos para análise de diversidade genética em raças norte americanas de equinos

Ingrid Pereira Pinto Oliveira ^{1*}, Beatriz Bastos Senes¹, Ivana Louise Santos Silva¹, Silel Vinicius Simões Andrade Maciel¹, Jackeline Santos Alves¹, Raphael Bernal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: ingridppoliveira@gmail.com

Resumo: No Brasil, a criação de equinos tem uma grande importância socioeconômica. Dentre as raças criadas, estão as de origem norte-americana: Appaloosa, Paint Horse e Quarto de Milha que possuem um tronco de formação comum. O objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética dessas raças, analisando a região D-loop do DNA mitocondrial. Foram analisadas amostras de 32 animais, das raças Quarto de Milha (linhagens corrida e trabalho), Paint Horse e Appaloosa e feita a rede de haplótipos. Ao se analisar a rede de haplótipos, observam-se haplótipos em comum entre as raças e haplótipos específicos de raças. Claramente, a linhagem de trabalho do QM além de possuir quatro haplótipos exclusivos, apresenta os haplótipos mais diferentes geneticamente (Figura 1), enquanto que a linhagem corrida compartilha mais haplótipos com as demais raças. Isso permite reconstruir os processos histórico-maternos e traduz as práticas aplicadas por associações dessas raças.

Palavras-chave: DNA mitocondrial, filogenética, polimorfismo.

Use of haplotype networks for analysis of genetic diversity in North American equine breeds

Abstract In Brazil, the rearing of horses is of great socioeconomic importance. Among the breeds created, there are those of North American origin: Appaloosa, Paint Horse and Quarter Horse, which have common origin. The objective of this study was to evaluate the genetic diversity of these breeds, analyzing the D-loop region of the mitochondrial DNA. Samples of 32 animals, Quarter Horse (racing and stock lineages), Paint Horse and Appaloosa breeds were analyzed and a haplotype network was made. When analyzing the haplotype network, common haplotypes among breeds and breed-specific haplotypes were observed. Clearly, the stock lineage of the QM, in addition to having four unique haplotypes, has the most genetically different haplotypes (Figure 1), while the race lineage shares more haplotypes with the other breeds. It allows reconstructing the maternal-historical processes and confirm the practices of the breeder associations.

Keywords: mitochondrial DNA, phylogenetics, polymorphism.

Introdução

A formação das raças equinas durante os anos apresentou um vasto desenvolvimento devido aos seus cruzamentos, entretanto a sua composição genética ainda não é elucidada, sendo oriunda basicamente de histórias de criadores e associações. As raças norte-americanas Quarto de Milha, Paint Horse e Appaloosa, apresentam padrões morfológicos semelhantes, porém com peculiaridades, principalmente em relação a pelagem. Sabe-se que há um tronco de formação em comum para essas raças. Logo, o objetivo do trabalho foi analisar a diversidade genética entre essas raças através de rede de haplótipos usando a região D-loop do DNA mitocondrial.

Material e Métodos

Foram coletados folículos pilosos de três raças de cavalos: Quarto de Milha linhagem corrida (QM_c) (N=6), Quarto de Milha- linhagem trabalho (QM_t) (N=10), Appaloosa (N=6) e Paint Horse (N=10). A extração do DNA foi realizada na Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia – UFBA, Salvador/ BA, seguindo o manual do kit de extração comercial NucleoSpin® Tissue. Analisou-se um segmento do DNA mitocondrial, que compreende parte da região D-loop, não-codificante e com

abundantes polimorfismos. Os primers (F: ATCATTTCCAGTCAACACGC e R: TTTTGGGGTTTGGCAAGATT) foram desenhados com base na sequência NC_001640.1 descritas por Xu & Árnason (1994) e amplificaram uma região de 773 pares de base. A PCR foi realizada nas seguintes condições: 9 a 15ng de DNA, 0,5µl de cada iniciador, 6,6µl de taq mix (dNTP, tampão, MgCl₂ e Taq polimerase). As ampliações começaram com um passo de desnaturação inicial de 94°C durante 5 min, seguido de 35 ciclos de 1 min a 94°C, 54°C durante 1 min, 72°C durante 1 min e uma extensão final de 5 min a 72°C. O amplicon foi submetido à eletroforese em gel de agarose 1,5% e posteriormente submetido à luz ultravioleta. Os produtos de PCR foram purificados com solução de PEG 20% e sequenciados usando o kit de sequenciamento BibDye v3.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA) e um sequenciador de DNA ABI 3130 (Applied Biosystems), seguindo o manual do fabricante. O sequenciamento foi editado e alinhado no software BioEdit V 7.0.5 (Hall, T.A., 1999), utilizando o algoritmo ClustalW Multiple alignment. As sequências foram utilizadas na formação da rede de haplótipos utilizando o PopArt 1.7 (Leigh, J. et al., 2015).

Resultados e Discussão

Após edição das sequências de DNA, o fragmento resultante continha de 563 pares de base para as análises. Com as sequências obtidas construiu-se uma rede de haplótipos (Figura 1). Observaram-se haplótipos compartilhados entre as raças de corrida norte americana estudadas e alguns específicos de determinadas raças. Essa proximidade entre as raças americanas foi relatada também por Luís et al. (2006), quando compararam equinos de origem Ibérica com equinos de origem americana. A raça Appaloosa apresentou cinco haplótipos, sendo três compartilhados, a Paint Horse apresentou dez haplótipos, sendo quatro desses compartilhados, a Quarto de Milha (linhagem corrida) apresentou cinco haplótipos, sendo dois desses compartilhados e o Quarto de Milha (linhagem trabalho) seis haplótipos, sendo quatro exclusivos da raça. Ao se analisar a rede de haplótipos, observam-se haplótipos em comum entre as raças (indicando origem materna comum) e haplótipos específicos de raças. Claramente, a linhagem de trabalho do QM além de possuir quatro haplótipos exclusivos, apresenta os haplótipos mais diferentes geneticamente (Figura 1). Dos três haplótipos compartilhados do Appaloosa, dois estão presente o Quarto de Milha linhagem corrida, além do que os haplótipos desses dois grupos são mais próximos entre si como pode ser visto na rede (Figura 1). Esse fato reforça a prática de a linhagem de corrida do QM ter sido mais utilizada na formação do Apaloosa e Paint Horse. Ressalta-se que esses são os primeiros resultados de rede de haplótipos feito com equinos de raças de origem americana. Estes ajudam a trilhar a condição genética das raças bem com o seu processo de formação e práticas de associações de raça.

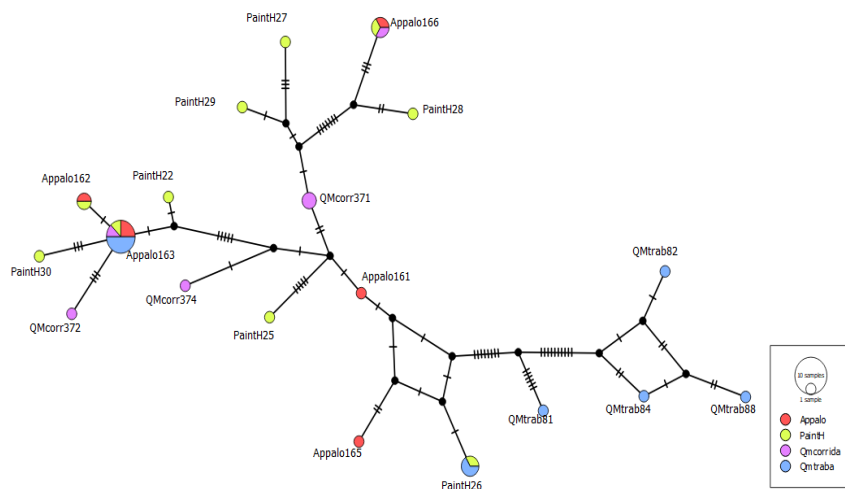
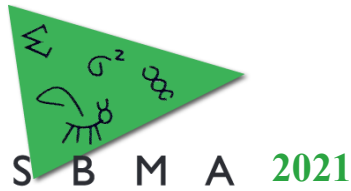


Figura 1. Análise da rede de 19 haplótipos de 32 DNA mitocondrial de equinos criados no Brasil.



Conclusão

Os resultados evidenciaram e afirmaram que os processos histórico-maternos da formação das raças de origem norte americana, Quarto de Milha (corrida e trabalho), Paint Horse e Appaloosa além de traduzir as práticas aplicadas pelas associações dessas raças. Estudos futuros utilizando marcadores moleculares de DNA nuclear podem ajudar a melhor compreender os eventos de cruzamento e formação de raças do passado.

Literatura citada

HALL, T.A. BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium Series**, 41, 95-98, 1999.

LEIGH, J. et al. PopART: Full-feature software for haplotype network construction. **Methods Ecol Evol** 6(9):1110–1116, 2015.

LUÍS, C. et al. Iberian origins of new world horse breeds. **Journal of Heredity**. 97, 107– 113. 2006.

XU, X. & ARNASON, U. A seqüência completa do DNA mitocondrial do equino *Equus caballus* : heteroplasmia extensa da região controle. **Gene** 148: 657-662, 1994.



Associação genômica ampla para medidas morfométricas identifica genes relacionados ao desenvolvimento ósseo em equinos

Marisa Silva Bastos^{1*}, Jackeline Santos Alves¹, Louise Sarmento Martins de Oliveira¹, Iara Del Pilar Solar Diaz, Raphael Bernal Costa², Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Produção Animal, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: mbastoszootecnista@gmail.com

Resumo: Na espécie equina, a mensuração de características corporais é fundamental para a determinação do padrão racial, e é utilizada como critério de seleção. A análise de associação genômica ampla (GWAS) relacionada a um índice composto por componentes principais a partir de medidas morfométricas (HCP) é uma abordagem relativamente nova e possibilita a descoberta de regiões que podem estar relacionadas a um conjunto de características. Esse estudo teve como objetivo realizar GWAS utilizando como variável explanatória o HCP para medidas lineares, com o intuito de identificar regiões genômicas associadas e esclarecer os mecanismos biológicos ligados a esse componente em equinos da raça Campolina. Para GWAS, a metodologia “single-step” foi aplicada sobre o HCP. Foram identificadas 3 principais janelas que capturaram 84% da variância genética aditiva em conjunto. Foram identificados genes relacionados ao desenvolvimento ósseo, entre eles o *SPRY2* e o *COL9A2*, que constituem potenciais candidatos posicionais para as medidas lineares avaliadas nesse estudo. Os resultados encontrados são fortes indícios da relação entre o HCP e características de crescimento e conformação corporal em equinos da raça Campolina.

Palavras-chave: conformação, Campolina, GWAS, medidas lineares, morfometria, SNP

Genome-wide association with principal components identifies genes related to bone development in horses

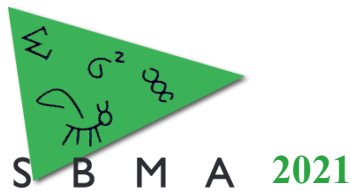
Abstract: In horses, the measurement of body traits is fundamental for the determination of the breed qualifications and it is used as a selection criterion. Genome wide association study (GWAS) of an index composed of principal components from morphometric measurements (HPC) is a relatively new approach and enables the discovery of genomic regions that may be related to a set of characteristics. This study aimed to perform GWAS using HPC as an explanatory variable for linear measurements, in order to identify associated genomic regions and clarify the biological mechanisms linked to this component in Campolina horses. For GWAS, the “single-step” methodology was applied over the HPC. Three main windows were identified that captured 84% of the additive genetic variance explained together. Genes related to bone development were identified in the main windows, including *SPRY2* and *COL9A2*, which are potential positional candidates for the linear measurements evaluated in this study. The results found are strong indications of the relationship between HPC and growth traits and body conformation in Campolina horses.

Keywords: conformation, Campolina, GWAS, linear measurements, morphometry, SNP

Introdução

A mensuração de pontos específicos no corpo dos equinos é uma técnica utilizada pelas associações de criadores para determinação do padrão racial e para registro dos animais junto as mesmas. A partir dessas mensurações é possível ainda determinar a conformação corporal e obter parâmetros que auxiliam na seleção com base nas características de interesse, promovendo efetivo progresso genético.

Um grande volume de informações pode ser obtido a partir dessas mensurações e a utilização da análise de componentes principais (PCA) se caracteriza uma alternativa viável para reduzir a dimensão das variáveis originais correlacionadas transformando-as em um conjunto menor de variáveis independentes, explicando o máximo da variabilidade com perda mínima de informações (Bolígon et al., 2016). Adicionalmente, a realização de GWAS associada a um índice composto por PCA possibilita a descoberta de regiões que podem estar relacionadas a um conjunto de características. Estudos assim podem propiciar



melhor conhecimento sobre a expressão biológica de características quando avaliadas pela proporção conjunta da variância genética aditiva. Este tipo de análise ainda é algo novo em estudos com equinos.

Assim, o presente estudo teve como objetivos realizar GWAS utilizando como variável explicatória o índice (HCP) composto pelo primeiro componente principal ponderado pelos valores genéticos aditivos (EBVs) dos animais para medidas lineares, com o intuito de identificar regiões genômicas associadas ao HCP em equinos da raça Campolina.

Material e Métodos

Os componentes de variâncias e, conseqüentemente a matriz que compõe a variância e covariância entre as características, necessária para a obtenção dos componentes principais, foram obtidos por Junqueira et al. (2021), a partir de informações de 91.483 animais da raça Campolina provenientes da Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Campolina (ABCCCampolina).

No total, 15 medidas corporais foram avaliadas: altura da cernelha, altura da garupa, comprimento da garupa, comprimento da cabeça, comprimento da espadua, comprimento do corpo, largura da cabeça, largura da anca, perímetro do tórax, altura do dorso, altura dos costados, comprimento do pescoço, largura do peito, comprimento dorso-lombo e perímetro da canela. A descrição completa das análises, assim como das pressuposições do modelo, para a estimação dos parâmetros genéticos encontra-se em Junqueira et al. (2021). Os componentes principais e a composição dos índices elaborado com base no primeiro componente principal (HCP) ponderado pelos valores genéticos aditivos dos animais para todas as características foram obtidos por Diaz et al (2020).

Um total de 48 equinos da raça Campolina foram genotipados usando o chip Illumina® Equine (65.000 SNPs; Illumina, Inc., San Diego, CA, EUA). O controle de qualidade de genotipagem (QC) filtrou marcadores localizados em todas as regiões para a mesma posição. O número restante de SNPs e animais após o QC foram 41.860 e 42, respectivamente. Os resultados de GWAS foram relatados como a proporção de variância genética aditiva explicada por janelas de 100 SNPs adjacentes. O genoma equino depositado no NCBI foi usado para busca dos genes, usando o conjunto EquCab3.0 como mapa de referência (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=EQUUS+CABALLUS>).

Resultados e Discussão

Foram encontradas três janelas genômicas, que explicam mais 7% da variância genética aditiva, identificadas como sendo as mais importantes para as 15 características tomadas pelo índice HCP (Tabela 1). As janelas selecionadas explicaram juntas 84,16% da variância genética aditiva total. Assim como observado em estudo prévio por Makvandi-Nejad et al (2012), poucas janelas explicam muito da variação das características morfométricas em equinos.

Tabela 1. Identificação das três regiões (cromossomos) e respectivos conjuntos de genes que explicaram maior proporção da variância genética aditiva das características analisadas pelo índice HCP

Chr	Posição	Gene	Var (%)
17	51,721,402-55,548,778	<i>SPRY2</i>	38.78
2	14,417,590-18,438,851	<i>COL9A2, MIR30C, BMP8B, HEYL</i>	37.45
15	61,768,926-64,960,936	<i>LTBP1, FAM98A, CRIM1</i>	7.93

Makvandi-Nejad et al. (2012), identificaram quatro loci (ECA3, ECA6, ECA9, ECA11) que explicam 83% da variação do tamanho corporal de equinos. No presente estudo as principais regiões genômicas foram identificadas no ECA17, ECA2 e ECA15, e a participação delas pode ser observada graficamente (Figura 1).

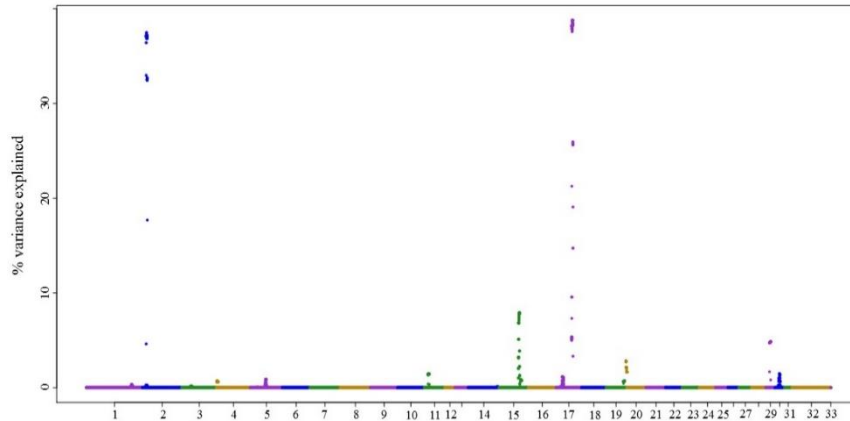


Figura 1- Gráfico Manhattan obtido por associação a um índice composto pelo PC1 ponderado pelos EBVs de medidas lineares de equinos da raça Campolina. O eixo y indica a proporção da variância aditiva explicada pelo janelas de 100 SNPs adjacentes e a identificação.

As regiões genômicas observadas no ECA17, ECA2 e ECA15, explicam com variâncias de 38,78%; 37,45% e 7,93%, respectivamente. Nessas janelas foram identificados genes que estão relacionados ao desenvolvimento ósseo e características morfométricas, entre eles o gene *SPRY2*, que codifica uma proteína participante das fases iniciais da osteogênese, e segundo Vesela et al (2019), a deficiência dessa proteína causa redução na formação óssea prejudicando o crescimento de camundongos. Destacamos também o gene *COL9A2*, que participa da síntese do colágeno associado à cartilagem presente nos ossos. Há indícios que polimorfismos detectados no gene *COL9A2* podem estar associados a distúrbios durante a fase de crescimento dos equinos, causando ossificação endocondral e diminuição de cartilagem (Wypchło et al., 2017).

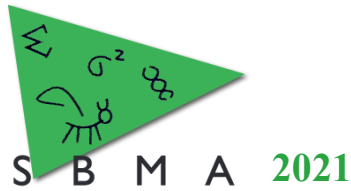
Esse estudo inova ao realizar o GWAS utilizando um índice calculado com base no componente principal (Diaz et al., 2020), e identificou a associação de regiões com genes cuja função está relacionada ao crescimento e desenvolvimento ósseo.

Conclusão

Foram encontradas três regiões genômicas de grande participação na variância aditiva de índice de componentes principais de medidas morfométricas em equinos. Nessas regiões foram identificados genes candidatos com ação na formação e crescimento dos ossos. A análises de associação genômica ampla para componentes principais permitem identificação de marcadores de grande efeito para conjuntos de características.

Literatura citada

- Boligon, A.A., Vicente, I.S., Vaz, R.Z., Campos, G.S., Souza, F.R.P., Carvalheiro, R., & Albuquerque, L.G., 2016. Principal component analysis of breeding values for growth and reproductive traits and genetic association with adult size in beef cattle. **Journal of animal science**, 94(12), 5014-5022.
- Diaz, I.D.P.S., Junqueira, G.S.B., Cruz, V.A.R., De Oliveira, C.A.A, De Oliveira, H.N., De Camargo, G.M.F., & Costa, R.B., 2020. Principal components for morphometric traits in Campolina horses. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 138(2), 179-187.
- Junqueira, G.S.B., Diaz, I.D.P.S., da Cruz, V.A.R., de Araújo Oliveira, C.A., de Godoi, F.N., de Camargo, G.M.F., & Costa, R.B. 2021. Influence of coat color on genetic parameter estimates in horses. **Journal of Applied Genetics**, 62(2), 297-306.
- Makvandi-Nejad, S., Hoffman, G.E., Allen, J.J., Chu, E., Gu, E., Chandler, A.M., & Sutter, N.B. (2012). Four loci explain 83% of size variation in the horse. **PLoS One**, 7(7), e39929.
- Vesela, B., Svandova, E., Hovorakova, M., Peterkova, R., Kratochvilova, A., Pasovska, M., & Matalova, E. (2019). Specification of Sprouty2 functions in osteogenesis in in vivo context. **Organogenesis**, 15(4), 111-119.
- Wypchło, M., Korwin-Kossakowska, A., Bereznowski, A., Hecold, M., & Lewczuk, D., 2017. Polymorphisms of the COL9A2, AOA1 and FRZB Genes in the Horse Genome and their Association with the Occurrence of Osteochondrosis. **Annals of Animal Science**, 17(1), 143-1



Estudo preliminar do comportamento social em cavalos atletas da raça Quarto de Milha

Carolina Zucatelle^{1*}, Ricardo Antônio da Silva Faria^{2,3}, Larissa Yahagi Rodrigues¹, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva³

¹Graduanda de Zootecnia na Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Depto de Expressões, Escola Profissional Agrícola Quinta da Lageosa, Belmonte, Portugal.

³Depto de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: carolina.zuca.83@gmail.com

Resumo: O objetivo do estudo foi avaliar o comportamento social (CS) dos cavalos atletas de velocidade da raça Quarto de Milha. Foram utilizadas avaliações (pontuações) para obter resultados da característica CS e, coletados dados fenotípicos em 15 animais estabelecidos no Jockey Clube de Sorocaba, São Paulo, Brasil. As coletas foram realizadas *in loco* e por “amostra do animal focal” e não foram alteradas as rotinas dos animais. Foi observada na característica CS média de $16,3 \pm 3,8$ pontos, com 30,0% dos animais obterem nota máxima de 20 pontos e nenhum animal apresentou menos de 10 pontos. O estudo preliminar, sugeriu que, os cavalos de corridas de velocidade da raça QM apresentando conforto social com a presença humana, são cavalos com comportamento social equilibrado e o homem é bem-vinda ao atual habitat do cavalo.

Palavras-chave: equinos, homem, seleção

Preliminary study of social behavior in Quarter Horse athletes

Abstract: The aim of the study was to evaluate the social behavior (CS) of speed athletes of the Quarter Horse breed. Evaluations (scores) were used to obtain results of the CS trait and phenotypic data were collected in 15 animals housed in the Jockey Clube de Sorocaba, São Paulo – Brazil. Collections were performed *in loco* and by “focal animal sample” and the animals' routines were not changed. It was observed in the CS characteristic an average of 16.3 ± 3.8 points, with 30.0% of the animals obtaining a maximum score of 20 points and no animal had less than 10 points. The preliminary study suggested that QM sprinters showing social comfort with human presence are horses with balanced social behavior and man is welcome in the horse's current habitat.

Keywords: equine, man, selection

Introdução

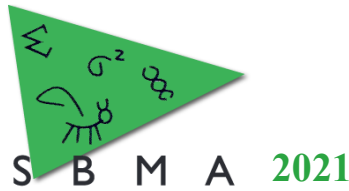
A raça de cavalos Quarto de Milha (QM) apresenta animais com grande versatilidade e capacidades para competir em mais de trinta modalidades equestres, sendo destas 23 oficiais (ABQM, 2021). As competições são realizadas por cavaleiros profissionais e amadores, sendo desejável animais com excelente comportamento social. O temperamento dos cavalos é avaliado por meio de características comportamentais com estimativas elevadas de herdabilidade (Diehl, 2016), normalmente é expresso nos primeiros meses de vida e não existindo traumas, se mantém ao longo da vida do animal.

O objetivo do estudo preliminar foi avaliar o comportamento social (cavalo-homem) dos cavalos atletas de velocidade da raça Quarto de Milha no Brasil.

Material e Métodos

Os animais avaliados foram 15 cavalos atletas da raça Quarto de Milha, praticantes de corridas de velocidade no Jockey Clube de Sorocaba – SP, Brasil, onde foram coletados os dados fenotípicos. As coletas foram realizadas *in loco*, utilizado no estudo “amostra do animal focal”, método que consiste em observar um animal por vez de forma contínua (registro contínuo) durante tempo determinado (5 minutos ininterruptos). O comportamento social (cavalo-homem) foi avaliado por meio dos comportamentos do cavalo, registrando e obedecendo à sequência temporal em que os fatos ocorrem, desde aproximar da baía, o abrir a porta da baía, entrar na baía e ficar junto a porta com abertura de 50 cm, e esperar a reação do animal durante 120 segundos (s), depois interagir com o animal.

As avaliações foram obtidas por meio pontuações perante os determinados comportamentos do cavalo (Tabela 1 e 2), as notas mínimas e máximas que cada animal pode obter variaram de 1 a 20 pontos,



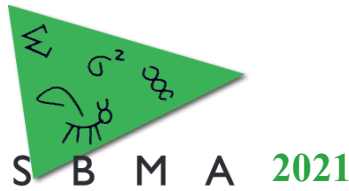
respectivamente, o resultado final surge da soma dos valores das Tabelas 1 e 2.

Tabela 1. Método utilizado na avaliação comportamento social A para obtenção das pontuações que permitem avaliação de cavalos atletas da raça Quarto de Milha no Brasil

Comportamento Social (Cavalo – Homem)		Pontos
A. Quando se abre a porta da baía o Cavalo aproxima-se do homem amigavelmente?		
I.Sim		4
i) Vem de imediato ao encontro do homem;		4 ^a
ii) Demora até 30 s a vir ao encontro do homem;		3 ^a
iii) Demora de 31 e 60 s a vir ao encontro do homem.		2 ^a
iv) O cavalo após se aproximar, deixa o Homem interagir ?		
1.Sim		3
i) Demonstra curiosidade, cheira o corpo do homem imediatamente e deixa o toque da mão no pescoço/espádua;		3 ^b
ii) Demora até 15 s a demonstrar curiosidade, cheira o corpo do homem e deixa o toque da mão no pescoço/espádua;		2 ^b
iii) Demora mais de 16 s para iniciar qualquer interação de cheirar, e deixa o toque da mão no pescoço/espádua.		1 ^b
2.Não		0
i) Na interação do Homem, o cavalo não reage;		1 ^c
ii) Na interação do Homem, o cavalo recua e refugia-se em um canto;		0 ^c
iii) A qualquer momento após abrir a baía, uma reação agressiva do cavalos, podendo ser orelhas para trás, tentativa de morder, roda 180° virando a traseira para onde se encontra o Homem, por segurança avaliação termina.		0 ^c
II.Não		1
i) Após os 60 s não vem ao encontro do homem, mantém posição;		1 ^d
ii) A qualquer momento ou após os 60 s não vem ao encontro do homem e refugia-se em um canto;		0 ^d
iii) A qualquer momento após abrir a baía, o cavalo tem uma reação agressiva, podendo ser orelhas para trás, tentativa de morder, roda 180° virando a traseira para onde se encontra o Homem, por segurança avaliação do animal termina;		0 ^d
iv) O cavalo deixa o Homem aproximar-se e interagir?		
1.Sim		3
i) Deixa o toque da mão no pescoço/espádua imediatamente demonstra curiosidade e comportamento social, cheira o corpo do homem		3 ^e
ii) Deixa o toque da mão no pescoço/espádua e demora até 15 s a demonstrar curiosidade, cheira o corpo do homem		2 ^e
iii) Deixa o toque da mão no pescoço/espádua mas demora mais de 16 s a demonstrar curiosidade, cheira o corpo do homem		1 ^e
2.Não		0
i) Nenhuma reação do cavalo, não cheira o homem		1 ^c
ii) A qualquer momento o cavalo recua e se afastado homem e se refugia num canto		0 ^c
iii) A qualquer momento após abrir a baía, uma reação agressiva do cavalos, podendo ser orelhas para trás, tentativa de morder, roda 180° virando a traseira para onde se encontra o Homem, por segurança avaliação termina.		0 ^c

a, b, c, selecionar uma opção; ; s, segundos.

As pontuações finais de cada animal foram subdividas de 1 a 5 (agressivo), 6 a 10 (fraco/nulo), 11



a 15 (médio) e 16 a 20 pontos (elevado), indicando o comportamento-social do cavalo com o homem. As avaliações (Tabela 1, 2) foram dívidas por tipo A (curiosidade, agressividade, apatia e interação ou não do cavalo com homem) e B (avalia aproximação do homem a baia e a reação do animal).

Tabela 2. Método utilizado na avaliação comportamento social B para obtenção das pontuações que permitem avaliação de cavalos atletas da raça Quarto de Milha no Brasil

Comportamento Social (Cavalo – Homem)	Pontos
B. O cavalo aproxima-se da porta/grades a passagem e abordagem do Homem no exterior das baias?	
I. Sim	3
i) Alta curiosidade, se aproxima calmo da porta ou grades da baia.	3 ^a
ii) Média curiosidade, até 30 s para se aproxima calmo da porta ou grades da baia.	2 ^a
iii) Baixa curiosidade, de 30 a 60 s para se aproxima calmo da porta ou grades da baia.	1 ^a
II. Não	0
i) Após os 60 s continua não demonstrar curiosidade, não se aproxima da porta ou grades da baia, mantendo-se onde está.	0 ^b
ii) A qualquer momento o cavalo recua e se afasta de onde estava e refugia-se no fundo da baia.	0 ^b
iii) A qualquer momento após abrir a baia, uma reação agressiva do cavalo, podendo ser orelhas para trás, tentativa de morder, roda 180° virando a traseira para onde se encontra o Homem, por segurança avaliação termina.	0 ^b

a, b, selecionar uma opção; s, segundos.

Resultados e Discussão

Os dados observados nos 15 animais avaliados no estudo preliminar, indicaram média de $16,3 \pm 3,8$ pontos para o comportamento social, sendo observado que 40,0% dos animais obtiveram nota máxima (20 pontos) e 31,3% dos animais obtiveram nota inferior a 15 pontos. Não foram observados valores inferiores a 10 pontos de comportamento social. Os animais com os mais altos valores de comportamento social (acima de 15 pontos), podem ser considerados super sociáveis e, apresentaram (com exceção de um animal) ausência de comportamentos sociais desviantes. Em Konieczniak et al., (2014), é citado que a mais possível fonte do desenvolvimento de comportamentos desviantes, vêm de aversão a presença do homem, onde o animal tem comportamentos de fuga ou deslocamento ao perceber essa presença, demonstrando estresse ao ver o homem, sendo assim, o homem se torna agente estressor frequente o que leva o animal a possíveis estereotípias. Dessa forma, sugere-se que os comportamentos sociais dos cavalos avaliados e de aceitar a presença do ser humano.

Perante o observado no comportamento social, novos estudos (maior número de animais avaliados), poderão indicar associação das características comportamentais com características de desempenho e resultados esportivos.

Conclusão

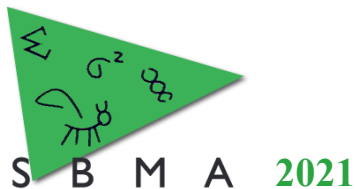
Os cavalos atletas de velocidade da raça QM no Brasil são animais sociáveis com o homem, apresentando conforto com a presença humana, sugerindo que a presença do homem é bem-vinda ao habitat que o homem disponibiliza ao cavalo.

Literatura citada

ABQM. 2021. **Associação Brasileira de Criadores de Quarto de Milha**. Disponível em: <<https://www.abqm.com.br/>>. Acesso em: 10 ago. 2021.

Diehl, N. D. 2016. **Equine Genetics Influence Behavior**. Disponível em: <<https://thehorse.com/148635/do-equine-genetics-influence-behavior/>>. Acesso em: 5 ago. 2021.

Konieczniak, P., Dias, I.F.T., Caleffo, T.; Sinhorini, W.A.; Guirro, E.C.B.P. 2014. Estereotípias Em Equinos. **Veterinária em Foco**, 11, 126–136.



Longevidade esportiva em cavalos atletas de velocidade da raça Quarto de Milha no Brasil

Carolina Zucatelle^{1*}, Ricardo António da Silva Faria^{2,3}, Larissa Yahagi Rodrigues¹,
Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva³

¹Graduanda de Zootecnia na Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Depto de Expressões, Escola Profissional Agrícola Quinta da Lageosa, Belmonte, Portugal.

³Depto de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: carolina.zuca.83@gmail.com

Resumo: O objetivo do estudo foi descrever por meio de estatísticas descritivas a longevidade esportiva (LE) dos cavalos atletas da raça Quarto de Milha (QM) no Brasil. As primeiras corridas foram realizadas em julho de 1978 e avaliadas até junho de 2016, considerando 38 anos hípicas completos (1978 a 2015). Os dados de 5.108 páreos apresentaram 23.452 registros de corridas, foram fornecidos pelo Jockey Clube de Sorocaba e pertenciam a 5.861 animais. As variáveis analisadas para indicar os níveis de significância ($p < 0,05$) entre os grupos foram sexo, reprodutores e classes de idade hípica. Os valores da característica LE, indicam reduzido tempo entre a primeira e última corrida ($7,5 \pm 8,9$), os animais ficam em média menos de um ano em competição. As estatísticas descritivas apresentadas auxiliaram na avaliação da performance dos cavalos de corridas, fornecendo informações precisas aos criadores, proprietários e treinadores, possibilitando direcionar os programas de seleção e treinamento para uma maior permanência esportiva dos cavalos de corridas da raça QM no Brasil.

Palavras-chave: equino, seleção, tempo

Sport longevity in speed athletes of the Quarter Horse breed in Brazil

Abstract: The aim of the study was to describe, through descriptive statistics, the Sport Longevity (SL) of the Quarter Horse (QM) athlete in Brazil. The first races were held in July 1978 and evaluated until June 2016, considering 38 complete riding years (1978 to 2015). Data from 5,108 races presented 23,452 race records, were provided by the Jockey Clube de Sorocaba and belonged to 5,861 animals. The variables analyzed to indicate the significance levels ($p < 0.05$) between the groups were sex, sires and riding age classes. The LE characteristic values indicate a reduced time between the first and last race (7.5 ± 8.9), the animals spend less than a year in competition on average. The descriptive statistics presented helped in the evaluation of the performance of racehorses, providing accurate information to breeders, owners and trainers, making it possible to direct the selection and training programs for a greater sporting durability of the QM racehorses in Brazil.

Keywords: equine, selection, time

Introdução

A origem da raça de cavalos Quarto de Milha (QM) é longínqua, iniciou no atual território dos EUA durante o século 17. A versatilidade dos animais QM foi investigada em estudo com dados genômicos (Petersen et al., 2014), os autores determinaram três distintas linhagens: stock horses, direcionado para o trabalho e provas com gado; halter and pleasure horses, para conformação e lazer; e racing horses, corridas de velocidade em curtas distâncias.

O tempo de vida esportiva dos cavalos atletas, indica quanto tempo o animal permaneceu a competir, ou seja, o tempo da primeira à última competição. Nos cavalos de corridas de velocidade da raça QM, este tempo é reduzido, dado que o número de animais competindo com mais de 4 anos de idade é reduzido (Faria et al., 2019). Outras modalidades equestres, como as ocorridas nos Jogos Olímpicos de Tokyo - Japão em 2021: saltos de obstáculos, dressage e concurso completo de equitação apresentam animais com idades mais elevadas. Os cavalos vencedores (medalhas de ouro) nessas modalidades olímpicas tinham 12, 14 e 11 anos, respectivamente, e estes cavalos ainda estão longe do fim das suas vidas esportivas.

O objetivo do estudo foi apresentar a longevidade esportiva de cavalos atletas de corridas de velocidade da raça Quarto de Milha no Brasil.

Material e Métodos

Os registros das corridas de velocidade da raça QM no Brasil foram fornecidos pelo Jockey Club de Sorocaba (JCS), compreendendo informações de 23.482 registros (Tabela 1), pertencentes a 5.861 animais (42,2% machos). Foram observados 5.138 páreos (corridas) realizadas entre julho de 1978 a junho de 2016, em cinco hipódromos (Avaré, Jaú, Ribeirão Preto, São Paulo e Sorocaba), com pistas em linha reta, sem inclinação e piso de terra macia. Os registros continham cinco diferentes distâncias, 275, 301, 320, 365 e 402 m. Nos dados avaliados somente foram incluídas informações de competições até ao ano 2012, tendo assim a certeza que os todos animais avaliados terminaram as suas carreiras esportivas.

A duração do tempo de vida (em meses) do cavalo competidor foi obtida pela diferença da primeira corrida e a última corrida do animal e denominado longevidade esportiva (LE).

As variáveis analisadas para indicar os níveis de significância foram: sexo (2.474 machos e 3.387 fêmeas), garanhão (154 garanhões e 2.320 machos não reprodutores), matriz (964 matrizes e 2.423 fêmeas não reprodutoras) e idade hípica (três classes de idades hípicas, com 2, 3 e 4 ou mais anos). As classes de idades hípicas foram determinadas quando o animal realizou a primeira corrida. O teste de hipóteses utilizados nas análises foi o Teste Bonferroni (Dunn), permitindo avaliar as diferenças dentro das variáveis, obtidas pelas médias dos mínimos quadrados (médias LS). O p-valor utilizado na avaliação das hipóteses (diferenças significativas entre os níveis de cada variável) foi de 5,0% ($p < 0,05$), logo os níveis de confiança foram de 95,0%. As análises foram realizadas nos programas SAS/STAT® (SAS, 2011).

Resultados e Discussão

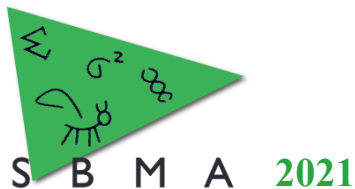
A média da característica LE foi de $7,5 \pm 8,9$, valor fenotípico considerado reduzido (Tabela 1). Por sexo, os machos permaneceram 1,4 meses a mais em competição, os animais que se tornaram garanhões e matrizes apresentaram maiores médias de LE. Os valores da LE da idade hípica da 1ª corrida indicaram que os animais que iniciaram aos 4 anos permaneceram em média mais 0,5 e 2,2 meses em competição em relação aos animais de 2 e 3 anos, respectivamente. As diferenças entre as médias da LE foram significativas nas variáveis analisadas (Tabela 1).

Tabela 1. Valores fenotípicos da característica Longevidade Esportivas (LE), pelas variáveis sexo, reprodutores e idade nos cavalos de corridas da raça QM no Brasil

Itens	Número de animais	Longevidade Esportiva (LE)		
		Média ^a ± DP	* $p < 0,05$	Máximo
Sexo	Machos	2.474	$8,3 \pm 10,3$	
	Fêmeas	3.387	$6,9 \pm 7,6$	*
Garanhão	Não	2.320	$7,5 \pm 9,4$	
	Sim	154	$20,6 \pm 15,0$	*
Matriz	Não	2.424	$5,7 \pm 6,7$	
	Sim	963	$9,9 \pm 8,7$	*
Idade hípica da 1ª corrida	Aos 2 anos	4.390	$7,8 \pm 8,8$	
	Aos 3 anos	1.259	$6,1 \pm 8,3$	*
	Aos 4 anos	212	$8,3 \pm 11,9$	
Total	5.861	$7,5 \pm 8,9$		

a, médias dos mínimos quadrados (médias LS) ajustadas para múltiplas comparações de Bonferroni; DP, desvio padrão; *, Diferenças significativas ($p < 0,05$) entre as médias dos grupos, intervalo de confiança de 95%.

Os valores médios observados na característica LE (Tabela 1) indicaram reduzida utilização esportiva dos 5.861 animais, e os elevados desvios padrão sugerem distintas utilizações entre os animais e



desorientação no tempo de utilização dos animais em competição, pelo elevado número de animais que competem durante tão curto tempo.

As causas dos diferentes valores de LE são desconhecidas, mas um indicador esclarecedor da LE em corridas de cavalo são os anos (ou meses no presente estudo) que o animal permaneceu correndo, porque enquanto o cavalo estiver saudável vai competir (Bokor et al., 2013). Quer isto dizer, que supostamente a maioria dos animais de corridas de velocidade, terminaram a carreira devido a lesões ou foram descartados logo nas primeiras competições.

Na raça QM, Buttram et al. (1988) sugerem que as melhores éguas das corridas de velocidade são retiradas para reprodução, embora ainda tenham capacidades físicas para se manterem em competição. Mas o referido estudo (Buttram et al., 1988) foi realizado em animais que no momento da avaliação (até ano de 1986), não se realizavam reproduções por meio de inseminação artificial de embriões (IA). Mas nada pode ser afirmado, até que os proprietários registrem os motivos que levaram ao término das carreiras esportivas dos cavalos, indicando se foi voluntário (para criação) ou involuntário (lesão ou outras causas) o término da carreira esportiva dos animais (Seierø et al., 2016).

Conclusão

Os cavalos atletas de velocidade da raça Quarto de Milha no Brasil apresentaram reduzido tempo de vida esportiva sendo considerado preocupante.

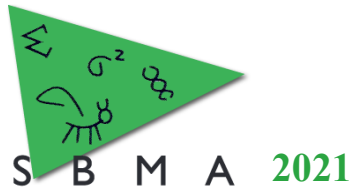
As informações fornecidas servem de alerta para os criadores e treinadores, possibilitando direcionar os programas de seleção e treinamento para maior permanência esportiva dos cavalos de corridas da raça QM no Brasil.

Agradecimentos

Agradecemos ao Jockey Clube de Sorocaba pela disponibilidade em ceder não só o espaço como os animais para o estudo. Agradeço também a Fapesp pela oportunidade de fornecer a bolsa que possibilitou este estudo.

Literatura citada

- Bokor, Á., Jónás, D., Ducro, B., Nagy, I., Bokor, J., Szabari, M., 2013. Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. *Livest. Sci.* 151, 1–10. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.10.010>
- Buttram, S.T., Willham, R.L., Wilson, D.E., 1988. Genetics of Racing Performance in the American Quarter Horse: II. Adjustment Factors and Contemporary Groups. *J. Anim Sci.* 66, 2800–2807.
- Faria, R.A.S., Maiorano, A.M., Correia, L.E.C. dos S., Santana Jr, M.L., Silva, J.A.I.V., 2019. Time class for racing performance of the Quarter Horse: Genetic parameters and trends using Bayesian and multivariate threshold models. *Livest. Sci.* 225, 116–122. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.05.013>
- Petersen, J.L., Mickelson, J.R., Cleary, K.D., McCue, M.E., 2014. The american quarter horse: Population structure and relationship to the thoroughbred. *J. Hered.* 105, 148–162. <https://doi.org/10.1093/jhered/est079>
- SAS, 2011. SAS/STAT 9.3. SAS Inst. Inc., Cary, NC.
- Seierø, T., Mark, T., Jönsson, L., 2016. Genetic parameters for longevity and informative value of early indicator traits in Danish show jumping horses. *Livest. Sci.* 184, 126–133. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2015.12.010>



Associação Genômica Ampla (GWAS) de característica morfométrica em equinos da raça Campolina: altura na garupa

Lisia Castro Krebs^{1*}, Marina Monteiro de Moraes Santos¹, Brennda Paula Gonçalves Araujo¹, Maria Claudia Siqueira¹, Fabiany Costa Feitosa¹, Leonardo Gonçalves Gomes¹, Iara Del Pilar Solar Diaz², Gregório Miguel Ferreira de Camargo², Raphael Bernal Costa², Chiara Albano de Araújo Oliveira², Marina Mortati Dias Barbero¹, Erica Beatriz Schultz¹, Fernanda Nascimento de Godoi¹

¹ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, Brasil.

² Universidade Federal da Bahia, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: lisiacastrokrebs@gmail.com

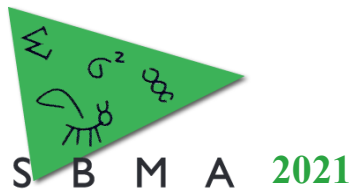
Resumo: A característica morfométrica altura na garupa pode alterar a qualidade do andamento já que está relacionada a angulação do membro pélvico, além de ser característica utilizada para o registro dos equinos da Raça Campolina. Objetivou-se realizar o estudo de associação genômica ampla (GWAS) para a altura na garupa de equinos da raça Campolina. Foram utilizados 48 equinos da raça Campolina para extração do DNA por bulbo capilar utilizando o kit Nucleospin Tissue e a genotipagem com o chip Illumina®Equine. Para estimar parâmetros genéticos e para realizar o GWAS foram usados 18.876 dados dos equinos dessa raça. Os efeitos dos SNPs foram estimados pelo método “single step” ponderado, utilizando o R®. Para a identificação das regiões cromossômicas foram utilizados a variância explicada pelas janelas de 100 SNPs adjacentes, e utilizada a ferramenta Map Viewer (NCBI). Observou-se que 44% da variação da altura na garupa foi explicada por 38 SNPs. O gene *LOC102148584*, que provavelmente possa estar em desequilíbrio de ligação com o SNP, foi responsável por explicar 9% desta variação. Os genes *FBLX2*, *UBP1*, *THRB*, *ZCWPW2* e *RBMS3* foram responsáveis por 8,7% dessa variação. Esses genes são responsáveis por mecanismos de desenvolvimento esquelético que promovem altura na garupa média do equino da raça Campolina, de 1,55m. Conclui-se que os genes candidatos para característica morfométrica altura na garupa para os equinos da raça Campolina são *LOC102148584*, *FBLX2*, *UBP1*, *THRB*, *ZCWPW2* e *RBMS3*.

Palavras-chave: cavalo, conformação, melhoramento genético, morfologia, seleção.

Genomic Wide Association (GWAS) of morphometric trait in Campolina breed horses: croup height

Abstract: The morphometric trait of the croup height can change the quality of the gait as it is related to the angulation of the pelvic limb, in addition to being a characteristic used for recording Campolina Breed horses. The aim of this study was to realize a genomic wide association study (GWAS) for the croup height of Campolina horses. Forty-eight Campolina horses were used. DNA extraction was performed with a hair bulb using the Nucleospin Tissue kit and genotyping with the Illumina®Equine chip. To estimate genetic parameters and to perform the GWAS, 18,876 data from horses of this breed were used. The effects of the SNPs were estimated by the weighted “single step” method, using the R®. To identify the chromosomal regions, the variance explained by the windows of 100 adjacent SNPs was used, and the Map Viewer tool (NCBI) was used. It was observed that 44% of the croup height variation was explained by 38 SNPs. The *LOC102148584* gene, which could probably be in linkage disequilibrium with the SNP, was responsible for explaining 9% of this variation. The *FBLX2*, *UBP1*, *THRB*, *ZCWPW2* and *RBMS3* genes were responsible for 8.7% of the variation. These genes are responsible for skeletal development mechanisms that promote the medium croup height in the Campolina breed of 1.55m. It is concluded that the candidate genes for the trait croup height for Campolina horses are *LOC102148584*, *FBLX2*, *UBP1*, *THRB*, *ZCWPW2* and *RBMS3*.

Keywords: conformation, equine, genetic improvement, morphometry, selection.



Introdução

A característica morfométrica altura na garupa está diretamente relacionada à aptidão dos equinos. Equinos pertencentes a raças marchadores possuem altura na garupa menor que a altura na cernelha. Quando ocorre o contrário, são considerados como “menso” e não conseguem registro definitivo. Mas em equinos, por exemplo, da raça Quarto de Milha a altura na garupa deve ser maior que a altura na cernelha. Dessa forma, a mensuração morfométrica é importante em todos os equinos, independe da raça. Porém com os avanços na área molecular, torna-se necessário realizar a análise genética das características morfométricas, principalmente as que estão relacionadas ao andamento, à função dos equinos.

O Estudo de Associação Genômica Ampla (GWAS) possibilita verificar quais genes estão relacionados a característica que se deseja estudar ou melhorar. E a partir destes conhecimentos, torna-se possível a aplicação da seleção genômica.

Na literatura atual, são poucos os estudos sobre os genes que atuam na característica da altura na garupa em equinos. Este trabalho tem como objetivo realizar o GWAS para a característica morfométrica de altura na garupa de equinos da raça Campolina.

Material e Métodos

Foram utilizados 48 equinos, de ambos os sexos, da raça Campolina, com idade acima de 36 meses, originados da Fazenda Oratório (Macaé/RJ), para extração de DNA de amostras do bulbo capilar utilizando o kit Nucleospin Tissue (50). Posteriormente, foi realizada a genotipagem utilizando o chip GGP Equine Illumina-24 Kit. O controle de qualidade de genotipagem (QC) foi realizado através do programa PREGS segundo Misztal et al. (2009).

Para realização do GWAS da característica de altura na cernelha, estimar os parâmetros genéticos e realização de estatística descritiva, foram utilizados banco de dados com o total de 18.876 observações, disponibilizados pela ABCCCampolina. No GWAS os efeitos dos SNPs foram estimados pelo método “single step” ponderado (ssGWAS) proposto por Wang et al. (2014) pelos programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2009). O processo de iteração foi repetido duas vezes para obter a ponderação do efeito da solução dos SNPs. Os resultados de GWAS foram relatados como a proporção de variância genética aditiva explicada por janelas de 100 SNPs adjacentes. A identificação dos genes mais próximos aos SNPs foi utilizada a ferramenta Map Viewer disponível no NCBI, EquCab 3.0 (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000002305.2/, acesso: 20 fev 2021).

Resultados e Discussão

No GWAS constatou-se que 38 SNPs foram responsáveis por explicar 44% da variação que ocorre na característica morfométrica da altura na garupa nos equinos da raça Campolina.

A ABCCCampolina preconiza que a altura na garupa deva ser até 2cm menor que altura na cernelha. Quando isso não ocorre, o equino é desclassificado para o registro na Associação de Criadores (ABCCCampolina, 2018).

Observou-se que o SNP BIEC2_339339, localizado no ECA 15, explica 9% da variação da característica morfométrica altura na garupa, e o gene candidato que provavelmente possa estar em desequilíbrio de ligação e relacionado ao SNP é o *LOC102148584*. No ECA 16 observou-se que os genes *FBXL2*, *UBP1*, *RBMS3*, *THRB* e *ZCWPW2* são responsáveis por explicar mais de 8% da variação da característica morfométrica altura na garupa (Tabela 1 e Gráfico 1). Esses genes são responsáveis por mecanismos fisiológicos que promovem a altura na garupa média do equino da raça Campolina, que foi de 1,55m, de acordo com a estatística descritiva.

Além de estar associado a variações na altura na garupa, o gene *FBXL2* é responsável por regular o influxo de cálcio mitocondrial, e assim como o gene *UBP1*, por codificar a ubiquitina, que é responsável pela regulação de outras proteínas (Chen et al., 2011), o gene *ZCWPW2* está envolvido com início do desenvolvimento embrionário, Liu et al. (2016). O *THRB* foi associado ao crescimento por Beck-Peccoz e Chatterjee (1994). E o *RBMS3* é um gene de renovação óssea (Kiel et al., 2007). Os genes que, no presente trabalho, explicam a maior variação da característica morfométrica altura na garupa dos equinos da raça Campolina, estão relacionados à estruturas responsáveis por mecanismos de desenvolvimento esquelético. Porém ainda há a necessidade da realização de mais estudos com cada gene observado, para determinar exatamente quais modificações da altura na garupa esses genes são responsáveis.

Tabela 1. Nome e posição dos SNPs no cromossomo e proporção da variância genética aditiva explicada associados a característica altura na garupa.

Nome SNP1	Nome SNP2	Chr ¹	P ² . SNP1	Gene	P ² . SNP2	Gene	V.g.a. ³ (%)
B ⁵ _339339	B ⁵ _325638	15	82706171	IR ⁴	88351163	IR ⁴	9,05109
B ⁵ _352129	TB ⁵ _371331	16	56723805	ZCWPW2	60260587	THRB	4,18134
B ⁵ _366533	B ⁵ _368740	16	52535118	FBXL2/UBP1	56074767	RBMS3	4,48483

¹Cromossomo, ²Posição, ³Variância genética aditiva, ⁴SNP na região intergênica, ⁵BIEC2, ⁶LOC.

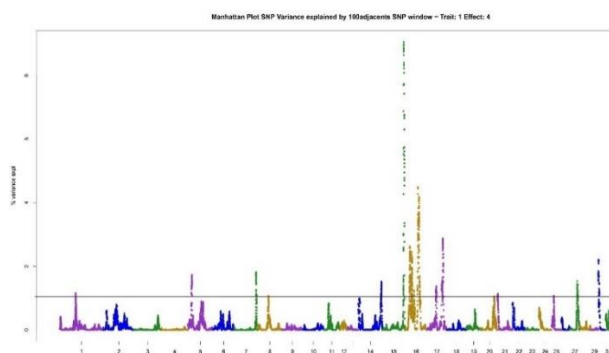


Gráfico 5. Gráfico Manhattan da proporção de variância genética aditiva explicada por janelas de 100 SNPs adjacentes para a característica morfométrica altura na garupa.

Conclusão

Os genes candidatos para a característica morfométrica de altura na garupa de equinos da raça Campolina são *LOC102148584*, *FBXL2*, *UBP1*, *RBMS3*, *THRB* e *ZCWPW2*.

Agradecimentos

Agradecemos ao CNPq, CAPES, FAPERJ, ABCCCampolina e Fazenda Oratório pelo financiamento, bolsas, dados e apoio para a realização deste trabalho.

Literatura citada

- ABCCCampolina-**Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Campolina**-Regulamento Do Serviço Do Registro Genealógico Do Cavalo Campolina. Disponível em: <http://www.campolina.org.br>. Acesso em: 07/02/2021.
- Beck-Peccoz, P.; Chatterjee, V.K.K. The variable clinical phenotype in thyroid hormone resistance syndrome. **Thyroid**, v.4, n.2, p.225-232, 1994.
- Chen, B.B.; Coon, T.A.; Glasser, J.R.; Mallampalli, R.K. Calmodulin antagonizes a calcium-activated SCF ubiquitin E3 ligase subunit, FBXL2, to regulate surfactant homeostasis. **Molecular and cellular biology**, v. 31, n. 9, p. 1905-1920, 2011.
- Kiel, D.P.; Demissie, S.; Dupuis, J.; Lunetta, K.L.; Murabito, J.M.; Karasik, D. Genome-wide association with bone mass and geometry in the Framingham Heart Study. **BMC Medical Genetics**, v.8,n.1,p.1-13, 2007.
- Liu, Y.; Tempel, W.; Zhang, Q.; Liang, X.; Loppnau, P.; Qin, S.; Min, J. Family-wide characterization of histone binding abilities of human CW domain-containing proteins. **Journal of Biological Chemistry**, v. 291, n. 17, p. 9000-9013, 2016.
- Misztal, I.; Legarra, A.; Aguilar, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**. v.92, n.9, p.4648-4655, 2009.
- Wang, H.; Misztal, I.; Aguilar, I.; Legarra, A.; Muir, W.M. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens. **Frontiers in Genetics**. v.5, n.134, 2014.



Análise de GWAS usando modelos de regressão aleatória ajustados com diferentes funções para produção de leite em búfalos Murrah

Alessandra Alves Silva^{1*}, Karina Rosa Silveira¹, Sirlene Fernandes Lázaro¹, Delvan Alves Silva¹,
Gabriela Stefani¹, Humberto Tonhati¹

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: silvaalexandrazb@gmail.com

Resumo: O leite de búfala é especialmente interessante para a indústria de queijo. Dada a crescente demanda por produtos lácteos de alta qualidade, compreender a arquitetura genética para as características de produção de leite é essencial para acelerar o ganho genético. No entanto, vários fatores, tal como o modelo estatístico podem afetar os resultados nas análises de GWAS. O objetivo com este estudo foi avaliar o impacto da ordem dos polinômios de Legendre e das funções B-splines nas análises de GWAS para produção de leite em bubalinos Murrah. Um total de 22 modelos foram comparados. A correlação entre os efeitos dos Top 1% SNPs nos diferentes dias em lactação (DIM) entre os diferentes modelos variam de 0,02 a 0,98 para DIM5, 0,49 a 0,99 para o DIM70, de 0,38 a 0,99 para o DIM200, e de -0,32 a 0,99 para o DIM305. Além disso, as regiões genômicas selecionadas com base na metodologia de SNPs outliers nem sempre foram as mesmas entre os modelos, indicando que ordem ou função utilizada afetou a análise de GWAS. Um total de 16 regiões QTL foram selecionadas em apenas um dos modelos. No entanto, um total de 11 regiões QTL foram compartilhadas entre todos os modelos, indicando ser potenciais regiões que afetam a característica. Portanto, modelos de regressão aleatória ajustados por meio de polinômios de Legendre ou linear B-splines afetaram os resultados de GWAS, implicando que preliminares testes podem ser necessários para o melhor ajuste polinomial dos efeitos SNP.

Palavras-chave: característica longitudinal, genes, modelos *test-day*, *mozzarella*, SNP.

GWAS analysis using random regression models fitted with different functions for milk yield in Murrah buffaloes

Abstract: Buffalo milk is especially interesting for the cheese industry. Given the growing demand for high-quality dairy products, understanding the genetic architecture for dairy traits is essential to accelerate genetic gain. However, several factors, such as the statistical model, can affect the results from GWAS analysis. The aim of this study was to evaluate the impact of the order of Legendre polynomials and the B-splines functions on GWAS analysis for milk yield in Murrah buffaloes. A total of 22 models were compared. The correlation between the Top 1% SNP effects on different days in milk (DIM) from different models ranged from 0.02 to 0.98 for DIM5, 0.49 to 0.99 for DIM70, from 0.38 to 0.99 for the DIM200, and from -0.32 to 0.99 for the DIM305. Furthermore, the genomic regions selected based on the SNPs outlier approach were not always the same between the models, indicating that the order or function used affected the GWAS analysis. A total of 16 QTL regions were selected in just one of the models. However, a total of 11 QTL regions were shared among all models, indicating potential regions that affect the trait. Therefore, random regression models fitted using Legendre polynomials or linear B-splines affected the GWAS results, implying that preliminary tests may be necessary for the best polynomial fit of the SNP effects.

Keywords: genes, longitudinal trait, *mozzarella*, SNP, test-day models.

Introdução

O búfalo doméstico (*Bubalus bubalis*) contribui com uma parcela significativa da produção global de leite. No Brasil, as raças Murrah e Mediterrâneo, incluindo seus mestiços, são as raças de búfalos mais difundidas para a atividade leiteira. O leite de búfala é especialmente interessante para a indústria de queijo, tal como a *mozzarella* (Lázaro et al., 2021).

Dada a crescente demanda por produtos lácteos de alta qualidade, compreender a arquitetura genética para as características de produção de leite é essencial para acelerar o ganho genético na

bubalinocultura. Diversos estudos têm reportado fortes associações para genes candidatos com efeito substancial nas características de produção de leite para búfalos leiteiros (Lazaro et al 2021). No entanto, vários fatores, tal como o modelo estatístico, estratégias de melhoramento, padrão de desequilíbrio de ligação e a definição das características são conhecidos por contribuir para diferentes resultados nas análises de GWAS. Portanto, os objetivos com este estudo foram 1) avaliar o impacto da ordem dos polinômios de Legendre e das funções B-splines nas análises de GWAS; 2) Descrever caracteres biológicos associados a produção de leite em bubalinos Murrah.

Material e Métodos

Um total de 65.705 registros de *test-day* da primeira lactação de 3.223 búfalas Murrah, com partos entre 1987 e 2017, provenientes da base de dados mantida pela Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (UNESP) foram analisados. O arquivo de pedigree incluiu 5.784 animais. Além disso, um total de 823 animais genotipados (Affymetrix / ThermoFisher Scientific, Santa Clara, CA) incluindo um total de 45.376 SNPs autossômicos também foram incluídos nas avaliações.

As curvas genéticas aditivas, ambiente permanente e sistemáticas foram ajustadas por meio de um modelo de regressão aleatória usando polinômios de Legendre (LEG) variando de 1 a 5 ordens ou funções B-splines (BSP) com quatro nós (DIM = 5, 105, 205 e 305) ou cinco nós (DIM = 5, 80, 155, 230 e 305), variando de 1 a 3 ordens. O impacto da suposição de variâncias residuais heterogêneas (HE) ou homogêneas (HO) também foi avaliado. Assim, um total de 22 modelos foram contrastados. Em notação matricial, este modelo pode ser descrito como:

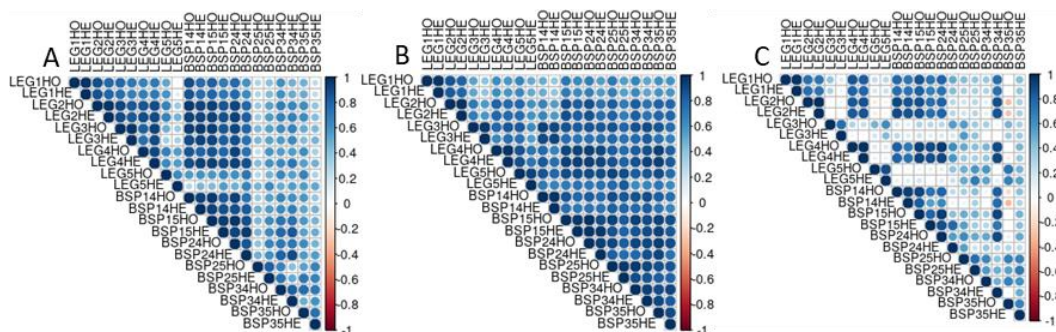
$$y = Xb + Za + Mc + Wp + e,$$

onde, **y** é o vetor de fenótipo. As matrizes de incidência para **b**, **a**, **c** e **p** são dadas por **X**, **Z**, **M** e **W**, respectivamente; **b** é o vetor de efeitos sistemáticos, incluindo ordenha, idade da búfala ao parto (linear e quadrática) como covariável; **a** é o vetor de coeficientes para o efeito genético aditivo; **c** refere-se ao efeito aleatório de grupo de contemporâneo (rebanho, ano e estação de parto); **p** é o vetor de coeficientes para o efeito de ambiente permanente; e **e** refere-se ao vetor de efeito aleatório residual. A avaliação genética foi realizada por meio do programa gibbs3F90, com um total de 500.000 iterações, burn-in de 200.000 e thin de 10 iterações.

Os efeitos de SNP para os coeficientes de regressão aleatória aditivos foram obtidos a partir do GEBV. Para avaliar o impacto da ordem e função (LEG ou BSP) na análise GWAS a correlação entre os efeitos dos Top 1% SNPs em diferentes DIM (5, 70, 200, e 305) foi avaliada. Além disso, para investigar o padrão de efeitos SNP entre os modelos, os SNP *outliers* foram identificados conforme proposto por Utsunomiya et al. (2014). Nesta abordagem, SNP *outliers* são mais facilmente detectados com base na faixa interquartil sobre a proporção da variância genética explicada.

Resultados e Discussão

A correlação entre os efeitos dos Top 1% SNPs nos DIM 5, 70, 200 e 305 (selecionados de acordo com o modelo BSP25HE, por apresentar melhor ajuste) está representada na Figura 1. As maiores diferenças entre os modelos foram observadas em DIM extremos. As correlações entre os efeitos dos SNPs entre os diferentes modelos variaram de 0,02 a 0,98 para DIM5, 0,49 a 0,99 para o DIM70, de 0,38 a 0,99 para o DIM200, e de -0,32 a 0,99 para o DIM305.



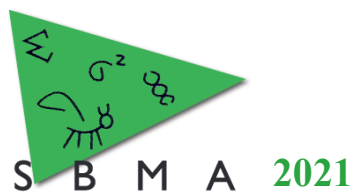


Figura 1. Correlação entre os TOP1% efeitos de SNPs entre diferentes modelos no DIM 5 (A), DIM 200 (B) e DIM305 (C). LEGiXX: onde i corresponde a ordem de LEG variando de 1 a 5 e XX corresponde a suposição de HE ou HO; BSPijXX: onde i = 1, 2 ou 3 representa a ordem linear, quadrática e cúbica, respectivamente, e j = 4 ou 5 para representar quatro (DIM = 5, 105, 205, e 305) ou cinco (DIM = 5, 80, 155, 230, e 305) equidistantes segmentos.

Além disso, as regiões genômicas selecionadas com base na metodologia de SNPs *outliers* nem sempre foram as mesmas entre os modelos, indicando que ordem ou função utilizada afetou a análise de GWAS. O número de SNPs selecionados entre os modelos variou de 25 a 43. O número de regiões genômicas compartilhadas entre os modelos variou de 17 a 41. Além disso as suposições de variância residual homogênea ou heterogênea também afetaram as regiões genômicas selecionadas.

Um total de 16 regiões QTL foram selecionadas em apenas um dos modelos. Em um similar estudo de Lu e Bovenhuis (2019), os autores observaram diferentes resultados ao compararem diferentes abordagens de GWAS. Por outro lado, um total de 11 regiões QTL foram compartilhadas entre todos os modelos, indicando ser potenciais regiões que afetam a característica. Essas regiões estavam localizadas no BBU 1, 3, 7, 10, 12, 14, 21 e 24 e foram associadas a importantes genes. Em resumo, podem se mencionar os genes *SETD4*, *CLDN14*, e *SIM2* no BBU 1, *MSI2*, *AKAP1*, e *GNRH1* no BBU 3, *PPA2* e *TET2* no BBU 7, *TBC1D32* no BBU 10, *PFN4*, *TP53I3* e *TRNAC-GCA* no BBU 12, *IL2RA*, *IL15RA*, *TRNAG-CCC* e *FBH1* no BBU 14, *IL17RE*, *JAGN1*, *TRNAG-UCC* e *THUMPD3* no BBU 21, e os genes *FBXL18*, *ACTB*, *C24H7orf26* e *USP42* no BBU 24. Esses genes podem ser usados em estudos genômicos funcionais para melhor compreender os aspectos genéticos relacionados a produção de leite em bubalinos.

Conclusão

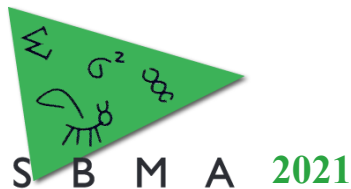
Modelos de regressão aleatória ajustados por meio de polinômios de Legendre ou funções B-splines afetaram os resultados de GWAS, implicando que preliminares testes podem ser necessários para o melhor ajuste polinomial dos efeitos SNP. Além disso, importantes genes foram associados a produção de leite em bubalinos.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP (Processo nº 2019/25642-1).

Literatura citada

- IBGE. 2016. Produção Da Pecuária Municipal. IBGE, ed. Rio de Janeiro, RJ - Brasil. ISBN 0101-4234.
- Lázaro, S.F., Tonhati H., Oliveira H.R., Silva A.A., Nascimento A.V., Santos D.J.A, Stefani G. & Brito L.F. 2021. Genomic studies of milk-related traits in water buffalo (*Bubalus bubalis*) based on single-step genomic best linear unbiased prediction and random regression models. **J. Dairy Sci**, 104:1–26.
- Lu H, Bovenhuis H. 2019. Genome-wide association studies for genetic effects that change during lactation in dairy cattle. **J Dairy Sci**, 102:1-14.
- Utsunomiya, Y.T., Carmo A.S., Neves H.H.R., Carvalheiro R., Matos M.C., Zavarez L.B., Ito P.K.R.K., O'Brien A.M.P., Solkner J., Porto-Neto L.R., Schenkel F.S., Mcewan J., Cole J.B., Silva M.V.G.B., Van Tassell C.P., Sonstegard T.S. & Garcia J.F. 2014. Genome-Wide Mapping of Loci Explaining Variance in Scrotal Circumference in Nellore Cattle. **PLoS One**, 9:1-9.



Meta-análise de estimativas de herdabilidade para peso vivo em bubalinos

Keyla Rocha Ribeiro¹, Bruno Delphino Medrado¹, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Zootecnia - UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Este estudo objetivou realizar uma meta-análise de estimativas de herdabilidades para peso vivo de búfalos ao nascimento, 3, 7, 12, 18, 24 e 36 meses de idade. Nas meta-análises aqui realizadas foram utilizados entre 5 (Peso aos 36 meses) e 25 (Peso ao nascimento) artigos. Para fins de ajustar a heterogeneidade entre artigos, foi utilizado o modelo aleatório na meta-análise. Os valores de erro-padrão relativo ficaram abaixo de 25% para todas as análises. Contudo, o índice de heterogeneidade foi bastante elevado para algumas características, o que reforça a importância de usar o modelo aleatório. As médias ponderadas das estimativas de herdabilidade variaram de 0,2344 (Peso aos 3 meses) a 0,3811 (Peso aos 18 meses), indicando que peso vivo em bubalinos apresenta moderada herdabilidade. As estimativas de herdabilidade aqui obtidas podem ser úteis para programas de melhoramento de bubalinos que ainda não conseguem estimar coeficientes de herdabilidade acurados.

Palavras-chave: parâmetros genéticos, peso vivo, variância aditiva, variância fenotípica

Meta-analysis of heritability estimates for body weight in buffalo

Abstract: This study aimed to carry out meta-analyses of heritability estimates for body weight of buffaloes at birth, 3, 7, 12, 18, 24, and 36 months of age. Meta-analyses from 5 (weight at 36 months) to 25 (weight at birth) articles were carried out. Due the heterogeneity between articles, the random model was used in the meta-analysis. For all traits, relative standard error was <25%. However, the heterogeneity index was quite high for some traits, which reinforces the importance of using a random model. The averages of heritability estimates ranged from 0.2344 (3-month weight) to 0.3811 (18-month weight), indicating that body weight in buffaloes has moderate heritability. The estimates of heritability obtained here can be useful for breeding programs of buffaloes that still cannot estimate reliable heritability coefficients.

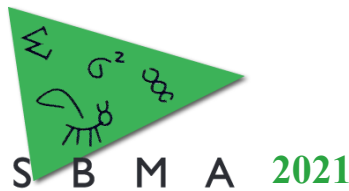
Keywords: genetic parameters, body weight, additive variance, phenotypic variance

Introdução

A herdabilidade é um parâmetro muito importante para a predição da resposta à seleção e o efetivo delineamento dos programas de avaliação genético (Oliveira et al., 2017). Entretanto, em bubalinos ainda são poucos os programas de avaliação genética que possuem grandes bancos de dados para obtenção de estimativas de herdabilidade com boa acurácia para características de crescimento. No entanto, na literatura foram reportadas várias estimativas de herdabilidade para peso vivo em bubalinos, as quais podem viabilizar um estudo de meta-análise. A heterogeneidade entre os artigos usados numa meta-análise pode ser modelada como efeito aleatório. Assim, a variação entre os artigos é isolada para obtenção da média ponderada (Dawson et al., 2016), resultando em estimativas que são boas referências para programas de avaliação genética em fase inicial de atividades. Portanto, objetivou-se com este estudo realizar uma meta-análise com modelo de efeito aleatório para estimar herdabilidade para peso vivo de bubalinos em diferentes díades.

Material e Métodos

Inicialmente foi realizada uma busca sistemática da literatura para identificar artigos que reportaram estimativa de herdabilidade para variáveis de crescimento em bubalinos, cujos detalhes foram descritos por Medrado *et al.* (2021). A presente meta-análise identificou 43 artigos publicados entre 1978



e 2020, os quais reportam herdabilidade para variáveis de crescimento de diversas raças bubalinas localizadas em diferentes países. Destacam-se nesses artigos as seguintes características de crescimento: peso vivo ao nascimento e aos 3, 7, 12, 18, 24 e 36 meses de idade. Para cada característica foi calculado o número total de registros somando-se a quantidade indicada em cada artigo. Além disso, o valor médio de cada artigo foi utilizado para determinar a média global da característica. Por fim, foi calculado o desvio-padrão e o coeficiente de variação para o conjunto das médias de cada característica (Tabela 1).

Tabela 1 – Resumo descritivo dos pesos corpóreos (kg) avaliadas em estudos que reportaram correlações genéticas em bubalinos no período de 1978 a 2020.

Características	Abreviação	Número de Artigos	N	Média	DP	CV %
Peso vivo ao nascimento	PVN	25	60601	36,68	2,94	8,72
Peso vivo aos 3 meses de idade	PV3	12	32339	80,23	16,08	20,05
Peso vivo aos 7 meses de idade	PV7	9	69871	199,36	25,83	12,96
Peso vivo aos 12 meses de idade	PV12	16	35352	209,77	57,19	27,26
Peso vivo aos 18 meses de idade	PV18	6	18148	278,61	37,60	13,49
Peso vivo aos 24 meses de idade	PV24	8	9045	327,21	55,10	16,84
Peso vivo aos 36 meses de idade	PV36	5	3154	398,90	64,83	16,25

N – tamanho da amostra; DP – desvio-padrão; CV% - Coeficiente de variação.

A meta-análise foi realizada para as estimativas de herdabilidade utilizando o pacote META do R (Schwarzer et al., 2015), o qual analisa um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa de herdabilidade publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da herdabilidade na população, u_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto e_j é o resíduo aleatório com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Características que resultaram em estimativas de parâmetros com RSE > 25% foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins et al. (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: IC 95% = $\bar{\theta} \pm (1,96 \times SE_{\bar{\theta}})$,

onde $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$ é o erro-padrão estimado para a média do parâmetro.

Resultados e Discussão

As estimativas utilizadas na meta-análise, por mais que apresentem algum grau de variabilidade, não demonstraram discrepância exacerbada, pois os valores de erro-padrão relativo (Tabela 2) está dentro do aceitável (RSE < 25%), com valor médio de 13,96%. Apesar disso, é recomendado utilizar o modelo aleatório na meta-análise (Oliveira et al., 2017), visto que o índice de heterogeneidade (I^2) para as estimativas de herdabilidade variou de baixo (0) a alto (87,2). Com exceção das análises de PV3, PV24 e PV36, todas as outras apresentaram elevado I^2 , o que reforça a necessidade de usar o modelo aleatório na meta-análise de coeficientes de herdabilidade para peso vivo em bubalinos.

Foi possível encontrar estimativas de herdabilidade para todas as pesagens aqui analisadas, com valores que variaram de 0,2344 (PV3) a 0,3811 (PV18). Essas estimativas indicam que uma parte moderada da variação fenotípica de peso vivo em bubalinos se deve a causas genético-aditivas e, portanto, a seleção para essas características pode resultar em ganhos genéticos a médio prazo. Observou-

se também uma tendência de aumento das estimativas de herdabilidade com o avançar da idade, o que é uma consequência do maior efeito materno nas fases iniciais e o contínuo declínio deste efeito com o avançar da idade nos bubalinos (El-bramony et al., 2008).

Tabela 2 – Estimativa de herdabilidade (h^2) e seu intervalo de confiança 95% (IC 95%), bem como o índice de heterogeneidade (I^2 %) e erros-padrão relativos (RSE %) obtidos na meta-análise.

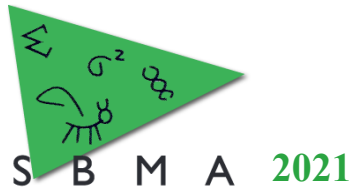
Características	Abreviação	h^2	IC 95%	I^2 %	RSE %
Peso vivo ao nascimento	PVN	0,2345	0,1726 – 0,2963	82,9	11,94
Peso vivo aos 3 meses de idade	PV3	0,2344	0,1833 – 0,2856	14,9	14,00
Peso vivo aos 7 meses de idade	PV7	0,3216	0,2490 – 0,3943	87,2	13,04
Peso vivo aos 12 meses de idade	PV12	0,3513	0,2657 - 0,4368	76,0	13,33
Peso vivo aos 18 meses de idade	PV18	0,3811	0,2293 – 0,5330	75,9	21,12
Peso vivo aos 24 meses de idade	PV24	0,2926	0,2276 – 0,3575	0	11,19
Peso vivo aos 36 meses de idade	PV36	0,3764	0,1407 – 0,6121	0	13,14

Conclusão

O uso de um modelo aleatório na meta-análise foi essencial pois existe grande heterogeneidade entre os estudos que reportaram estimativas de herdabilidade para peso vivo em bubalinos. As estimativas de herdabilidade aqui obtidas por meta-análise indicaram que o peso vivo em diferentes idades pode ser utilizado como critério de seleção em bubalinos, pois uma fração moderada da variância fenotípica se deve a causas genético-aditivas. Essas estimativas podem ser uma nova fonte de referência para programas de avaliação genética que ainda não possuem estimativas mais precisas.

Literatura citada

- Dawson, D.V., Pihlstrom, B.L., Blanchette, D.R., 2016. Understanding and evaluating meta-analysis. **The Journal of the American Dental Association** 147, 264–270.
- El-bramony, M.M., Foda, T.A., Gebreel, I.A. 2008. Estimation of Direct Genetic and Maternal Effects for Weaning Traits in Egyptian Buffalo. **Egyptian Journal of Animal Production**, v. 45, n. 1, p. 1–9.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G. 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. **British Medical Journal** 327, 557–560.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. 2021. Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in buffaloes. **Livestock Science** 251, 104614, 2021.
- Oliveira, H.R. de; Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Siqueira, O. H.G.B.D., Silva, F.F. 2017. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. **Animal Production Science** 58, 1575–1583.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rucker, G. 2015. Meta- Analysis with R. **Springer International Publishing Switzerland**, New York, London.
- Zarkovich, S. 1979. Stability of variance patterns. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics** 31, 23–48.



Meta-análise de correlações genéticas entre as medidas de peso vivo de búfalos em diferentes idades

Keyla Rocha Ribeiro¹, Bruno Delphino Medrado¹, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Departamento de Zootecnia - UEPG, Ponta Grossa, PR, Brasil.

*Autor correspondente: luisfbp@ufba.br

Resumo: Este estudo objetivou realizar uma meta-análise de estimativas de correlações genéticas entre peso vivo de bubalinos em diferentes idades. A revisão sistemática indicou os pesos ao nascimento e com 3, 7, 12, 18, 24 e 36 meses de idades como as pesagens mais avaliadas em estudos dessa natureza em bubalinos. Foi utilizado um modelo com efeito aleatório para ajustar a heterogeneidade entre os artigos, tendo sido observado elevado índice de heterogeneidade e erro-padrão relativo para alguns das estimativas obtidas por meta-análise. Assim, apenas quatro estimativas de correlações foram obtidas, as quais variaram de 0,3726 (Peso ao nascimento x peso aos 12 meses) a 0,7237 (peso aos 3 meses e peso aos 12 meses). Isso indica que os pesos vivos nessas idades compartilham parcialmente o mesmo controle genético. Estas estimativas são agora uma opção para programas de avaliação genética que ainda não possui um controle de dados que permita estimar de forma acurada esses parâmetros.

Palavras-chaves: búfalo, correlação genética, crescimento.

Meta-analysis of genetic correlations between body weights of Buffaloes in different ages

Abstract: This study aimed to carry out meta-analyses of estimates of genetic correlations between body weight of buffaloes at different ages. The review indicated the body weights at birth, 3, 7, 12, 18, 24, and 36 months of age as the most evaluated body weights in previous studies with buffaloes. A random-effect model was used to adjust the heterogeneity among articles. A high level for both the heterogeneity index and relative standard error in the meta-analysis of some correlations were found. Thus, only four estimates of genetic correlation were obtained, which ranged from 0.3726 (weight at birth x weight at 12 months) to 0.7237 (weight at 3 months and weight at 12 months). Therefore, body weights at different ages share partially the same genetic control. These estimates are now an option for breeding programs that do not yet have a dataset that allows accurate estimation of these parameters.

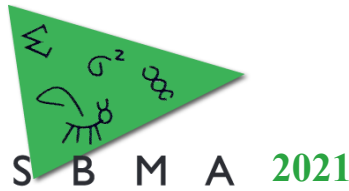
Keywords: buffalo, genetic correlation, growth.

Introdução

Percebe-se uma grande variabilidade nas estimativas de correlação genética entre variáveis de crescimento em bubalinos e essa heterogeneidade é resultante das variações entre estudos para fatores como: a raça e o número de animais utilizados, o nível de seleção dentro de cada população, os efeitos ambientais que estão sob controle em cada população e a qualidade do pedigree, dentre outros fatores (Oliveira *et al.*, 2017). Logo, os parâmetros genéticos reportados são estimativas específicas das populações de origem e o progresso genético esperado pode não se confirmar se essas estimativas forem utilizadas em outras populações (Akanno *et al.*, 2013). Contudo, uma meta-análise que ajuste a heterogeneidade entre artigos pode ajudar a obter estimativas ponderadas que sejam boas fontes de referência para programas de melhoramento de bubalinos que ainda estão em fase inicial. Assim, o presente estudo objetivou realizar uma meta-análise com modelo de efeito aleatório para obter estimativas ponderadas das correlações genética entre características de crescimento em bubalinos a partir das estimativas já publicadas na literatura.

Materiais e Métodos

Foi feita uma busca sistemática da literatura para identificar artigos que reportaram estimativa de correlação genética entre variáveis de crescimento em bubalinos, cujos detalhes foram descritos por



Medrado *et al.* (2021). A presente meta-análise identificou 43 artigos publicados entre 1978 e 2020, os quais reportam correlações genéticas entre variáveis de crescimento de diversas raças bubalinas localizadas em diferentes países. As características de crescimento são: peso vivo ao nascimento e aos 3, 7, 12, 18, 24 e 36 meses de idade. Para cada característica foi calculado o número total de registros somando-se a quantidade indicada em cada artigo. Além disso, o valor médio de cada artigo foi utilizado para determinar a média global da característica. Por fim, foi calculado o desvio-padrão e o coeficiente de variação para o conjunto das médias de cada característica (Tabela 1).

Tabela 1 – Resumo descritivo dos pesos corpóreos (kg) avaliadas em estudos que reportaram correlações genéticas em bubalinos no período de 1978 a 2020.

Características	Abreviação	Número de Artigos	N	Média	DP	CV %
Peso vivo ao nascimento	PVN	25	60601	36,68	2,94	8,72
Peso vivo aos 3 meses de idade	PV3	12	32339	80,23	16,08	20,05
Peso vivo aos 7 meses de idade	PV7	9	69871	199,36	25,83	12,96
Peso vivo aos 12 meses de idade	PV12	16	35352	209,77	57,19	27,26
Peso vivo aos 18 meses de idade	PV18	6	18148	278,61	37,60	13,49
Peso vivo aos 24 meses de idade	PV24	8	9045	327,21	55,10	16,84
Peso vivo aos 36 meses de idade	PV36	5	3154	398,90	64,83	16,25

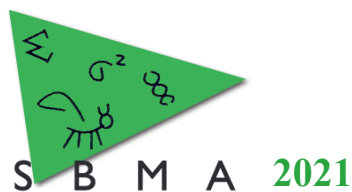
N – tamanho da amostra; DP – desvio-padrão; CV% - Coeficiente de variação.

A meta-análise foi realizada para as estimativas de correlações genéticas utilizando o pacote META do R (Schwarzer *et al.*, 2015), que analisa um modelo unicaracterística com efeito aleatório, que pode ser descrito como: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa de correlação genética publicada no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada da correlação genética na população, u_j é o efeito aleatório das diferenças entre estudos com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, em que a quantidade de heterogeneidade entre estudos é representada por τ^2 , enquanto e_j é o resíduo aleatório com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. A confiabilidade das estimativas de meta-análise foi avaliada através do erro padrão relativo (RSE) (Zarkovich, 1979). Características que resultaram em estimativas de parâmetros com $RSE > 25\%$ foram excluídas da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais. O índice de heterogeneidade (I^2) proposto por Higgins *et al.* (2003) também foi avaliado. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizado como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente. A normalidade da distribuição das estimativas foi avaliada pelo teste de Shapiro-Wilk e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada. O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: $IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm$

$(1,96 \times SE_{\bar{\theta}})$, onde $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^j w_j} \right]^{1/2}$ é o erro-padrão estimado para a média do parâmetro.

Resultados e Discussões

Foi possível obter quatro estimativas de correlação genética por meta-análise (Tabela 2) com $RSE < 25\%$, com valores variando de 9,87 % (PVN x IPP) a 19,88 % (PVN x PV3). Esses valores de RSE indicam que a variação entre os artigos para fins de meta-análise é aceitável e justificam a utilização de um modelo aleatório para ajustar heterogeneidade entre artigos (Oliveira *et al.*, 2017). Outras correlações entre os pesos avaliados não apresentaram $RSE < 25\%$ e foram descartadas, pois são pouco consistentes. Já o I^2 variou de 0 a 87,7 (Tabela 2), com valor médio de 48,12. Valores elevados de I^2 reforçam o uso do modelo aleatório para ajustar a heterogeneidade entre artigos quando se deseja obter estimativas de correlação genética entre variáveis de crescimento em bubalinos a partir de uma meta-análise.



As correlações genéticas estimadas entre medidas de peso vivo foram positivas (Tabela 2) e apresentaram valores variando de 0,3726 (PVN x PV12) a 0,7237 (PV3 x PV12). Elas indicam que essas características compartilham parte da variância genética e que a seleção para uma delas pode resultar em resposta correlacionada nas demais. Assim, é possível otimizar os processos seletivos identificando as características que podem responder melhor ao processo de seleção com vistas a se atingir os objetivos definidos pelo programa de avaliação genética, não significa o descarte de algumas características. Por exemplo, a seleção para atingir maiores pesos aos 12 meses terá como consequência o aumento do peso ao nascimento, o que pode resultar em aumento na frequência de partos distócicos. Logo, apesar da correlação entre essas duas variáveis ser positiva, ambas precisaram ser monitoradas para evitar respostas indesejáveis.

Tabela 2 - Estimativas de correlações genéticas (r_g) e seus intervalos de confiança a 95% (IC 95%), além do índice de heterogeneidade ($I^2\%$) e erro-padrão relativo (RSE%) encontrados na meta-análise.

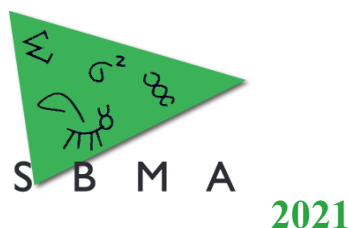
Características	Número de artigos	r_g	IC 95%	$I^2\%$	RSE %
PVN x PV3	11	0,4317	0,1862 – 0,6771	66,6	19,88
PVN x PV12	9	0,3726	0,2144 – 0,5307	45,6	17,19
PV3 x PV12	6	0,7237	0,5267 – 0,9207	82,8	9,87
PV12 x PV24	5	0,6577	0,5291 - 0,7862	54,8	11,36

Conclusão

O modelo aleatório usado foi essencial devido variabilidade existente entre os estudos que reportaram correlações genética para variáveis de crescimento em búfalas. Porém, não foi possível estimar todas as correlações genéticas possíveis entre as variáveis estudadas devido ao elevado erro-padrão relativo encontrado em algumas análises. As quatro estimativas positivas de correlação genética, que envolveram os pesos ao nascimento, 3, 12 e 24 meses de idade indicam que há um compartilhamento parcial do controle genético dessas características em bubalinos. Logo, a seleção para uma delas pode resultar em resposta correlacionada nas demais e isso deve ser monitorado em especial para evitar elevados pesos ao nascimento. Além, dos parâmetros aqui obtidos por meta-análise poderem ser usados sob diferentes condições de manejo, clima, raças e modelos, programas de melhoramento que estão em fase inicial de desenvolvimento ou por motivo de ainda não possuírem estimativas mais acuradas dessas correlações.

Literatura citada

- Akanno, E.C., Schenkel, F.S., Quinton, V.M., Friendship, R.M., Robinson, J.A.B. 2013. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics. **Livestock Science** 152, 101–113.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G. 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. **British Medical Journal** 327, 557–560.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B. 2021. Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in buffaloes. **Livestock Science** 251, 104614, 2021.
- Oliveira, H.R. de; Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Siqueira, O. H.G.B.D., Silva, F.F. 2017. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. **Animal Production Science** 58, 1575–1583.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rucker, G. 2015. Meta- Analysis with R. **Springer International Publishing Switzerland**, New York, London.
- Zarkovich, S. 1979. Stability of variance patterns. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics** 31, 23–48.



Correlação para características de redemoinho em equinos

R.A.C Cerqueira¹, V.A.R. Cruz¹, D.F.P de A. Lima¹, R.A. Curi², G.L. Pereira², R.B. Costa¹, G.M.F. de Camargo^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador - BA, Brasil.

²Universidade Estadual Paulista (Unesp), Botucatu-SP, Brasil

*Autor correspondente: Rafacastor11@gmail.com

Resumo: Características de redemoinhos podem ser indicadoras de comportamento em equinos. Todavia, pouco se sabe sobre a associação genética entre as características desse grupo. O objetivo do trabalho foi estimar correlação genéticas para características de redemoinhos em equinos da raça Quarto de Milha. Os parâmetros genéticos foram estimados para as características posição vertical e número de redemoinhos na cabeça e número de redemoinhos em ambos os lados do pescoço. As herdabilidades variaram de 0,69 a 0,92. As correlações estimadas variaram de 0,88 a 0,96. Caso uma característica seja selecionada, as outras serão também, pois as correlações genéticas são altas e positivas.

Palavras-chave: comportamento, correlação, Quarto de Milha, temperamento.

Correlation for whorl traits in horses

Abstract: Whorl traits can be indicators of behavior in horses. However, little is known about the genetic association for this group of traits. The aim of this study was to estimate genetic correlation for whorl traits in Quarter Horses. The genetic parameters were estimated for vertical position and number of whorls on the head and number of whorls on both sides of the neck. The heritabilities varied from 0.69 to 0.92. The estimated correlation ranged from 0.88 to 0.96. If one trait is selected, the other will also be, since genetic correlation are high and positive.

Keywords: behavior, correlation, Quarter Horse, temperament.

Introdução

O comportamento de equinos é composto por um grande grupo de caracteres quantitativos e qualitativos, que podem ser mensurados ao longo da vida do animal (Wickens e Brooks, 2020), sendo um processo de difícil análise. Isso pode acarretar atraso no estudo e, conseqüentemente, um atraso no ganho genético no processo de seleção. Uma marca morfológica que é associada ao temperamento dos animais são a presença de redemoinhos, sejam eles em qualquer posição do corpo, quantidade, forma e direção de crescimento. Os verticilos (redemoinhos) são pelos em forma de espiral que se diferem por conta das mudanças de direção no crescimento (Broucek et al., 2007).

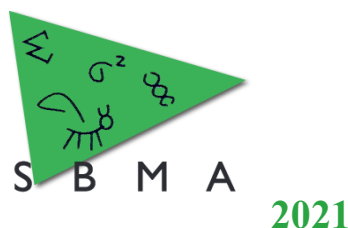
Em equinos, a posição vertical do redemoinho na cabeça (abaixo, entre ou acima da linha dos olhos) já foi associada ao temperamento. Górecka et al. (2007) observaram maior dificuldade de manejo em equinos cujo redemoinho se encontra acima da linha dos olhos em comparação com equinos cujos redemoinhos estão na linha dos olhos ou abaixo. Os mesmos autores também observaram que equinos com dois redemoinhos demoram mais tempo para se aproximar de um objeto novo que animais com um redemoinho.

Pouco se sabe sobre a relação existente entre essas diversas características de redemoinhos (número e posição) em diferentes partes do corpo (cabeça e pescoço). Assim, o objetivo desse trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para características de posição vertical e número de redemoinhos na cabeça e número de redemoinhos em diferentes lados do pescoço de equinos. Pretende-se estimar as correlações genéticas entre as características a fim verificar a possibilidade de eleger critérios de seleção.

Material e Métodos

A base de dados utilizada no estudo foi fornecida pela Associação Brasileira de Criadores de Quarto de Milha (ABQM). Não foi necessário passar o estudo pelo comitê de ética, pois usou-se informações do

XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021



banco de dados e resenhas. Foram utilizados fenótipos de 403 animais, sendo 303 fêmeas e 100 machos e pedigree com aproximadamente 1390 animais. Os animais pertenciam a duas linhagens: corrida (n=342) e trabalho (n=61).

Foram estudadas as características posição vertical (POS) e número (NUM) de redemoinhos na cabeça e número de redemoinhos do lado esquerdo (NUMLE) e do lado direito (NUMLD) do pescoço. Para a mensuração da característica POS foi adotado o sistema baseado nas classificações para bovino descrita por Grandin et al. (1995). Os animais foram classificados em três grupos com base na posição do redemoinho na frente: (i) acima da linha dos olhos (1); (ii) entre as linhas dos olhos (2); (iii) abaixo da linha dos olhos (3). Foi observado uma quantidade proporcional de machos com escore 1 (43) e 2 (44), e menor para escore 3 (5), assim como para fêmeas 1 (127), 2 (126) e 3 (19). Para as características números de verticilo, foram contabilizados os verticilos dispostos na cabeça e em cada lado do pescoço do animal. Considerando cabeça até a inserção das orelhas. Em ambos os sexos há uma maior proporção de animais com 1 verticilo no pescoço.

As análises preliminares de consistência dos dados e estatística descritiva foram realizadas pelo pacote R. Os efeitos fixos de sexo e pelagem foram testados no modelo e não foram significativos ($P > 0.5$).

Tabela 1. Estatística descritiva para características de redemoinhos em 403 animais da raça Quarto de Milhas

Característica	Número de redemoinhos
POS*	1(170), 2(170),3(24)
NUM	1(364), 2(38), 3(1)
NUMLE	1(312), 2(71), 3(18), 5(2)
NUMLD	1(305), 2(79), 3(17), 4(1), 7(1)

* animais com redemoinhos múltiplos de posição não coincidente foram retirados da análise dessa característica

POS: posição; NUM: número de verticilos na cabeça; NUMLE: número de verticilos dos lado esquerdo do pescoço; NUMLD número de verticilos do lado direito do pescoço

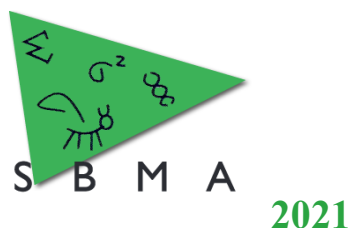
Foram estimados parâmetros genéticos para as características estudadas em análises multicaracterística, considerando o modelo animal de característica de limiar.

As análises foram conduzidas utilizando pacotes da família BLUPF90. Os componentes de variâncias foram estimados por meio THRGIBBS1F90 (Tsuruta e Misztal, 2006) e as médias posteriores obtidas pelo POSTGIBBSF90 (Tsuruta e Misztal, 2006). O total de 3000000 Gibbs samplings e burn in de 100000 foram utilizados para a estimação dos componentes de variâncias.

Resultados e Discussão

As herdabilidades variaram de 0,69 a 0,92 (Tabela 2), sendo levemente inferiores as análises unicaracterística, mas igualmente passíveis de seleção. As característica de redemoinho apresentaram correlações genéticas altas e positivas entre si superiores a 0,88 (Tabela 2). Esses são os primeiros resultados de estimativas de correlações genéticas para redemoinhos no pescoço em cavalo na literatura.

Tabela 2. Herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) para características de redemoinhos em equinos.



Trait	POS	NUM	NUMLE	NUMLD
POS	0,71 (0,64 – 0,79)	0,96 (0,92 – 1,00)	0,88 (0,78 – 0,98)	0,93 (0,84 – 0,99)
NUM		0,92 (0,89 – 0,96)	0,89 (0,80 – 0,99)	0,96 (0,91 - 0,99)
NUML			0,80 (0,73 – 0,87)	0,96 (0,92 – 0,99)
NUMR				0,69 (0,64 – 0,75)

Posição (POS) e número (NUM) de verticilos na cabeça; número de verticilos dos lado esquerdo (NUMLE) e direito (NUMLD).

Os resultados das correlações genéticas, indicam que o mesmo conjunto de genes coordena as características de posição vertical do redemoinho na cabeça, número de redemoinhos na cabeça e em ambos os lados do pescoço. Isso, também indica que se a seleção for aplicada em alguma característica, consequentemente será alcançada resposta correlacionada em outras. Ressalta-se que estas características devem ser melhor estudadas para entenderem a relação entre redemoinhos e características como temperamento e lateralidade que podem auxiliar na doma e trabalho.

Conclusão

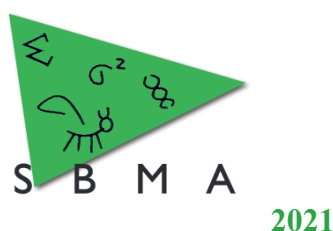
Características de redemoinho em equinos possuem são correlacionadas entre si. Esse estudo contribui para a elucidação e entedimento genético da distribuição e formação de redemoinhos, bem como sucita estudos futuros que os relacionanem com características comportamentais.

Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer a Associação Brasileira de Criadores de Cavalo Quarto de Milha pela concessão dos dados.

Literatura Citada

- Broucek, J., Kisac, P., Mihina, S., Hanus, A., Uhrincat, M., Tancin, V., 2007. Hair whorls of Holstein Friesian heifers and affects on growth and behaviour. *Archiv. Fur. Tierzucht.* 50, 374-380.
- Górecka, A., Golonka, M., Chruszczewski, M., Jezierski, T., 2007. A note on behaviour and heart rate in horses differing in facial hair whorl. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 105, 244-248.
- Grandin, T., Deesing, M.J., Struthers, J.J., Swinker, A.M., 1995. Cattle with hair whorl patterns above the eyes are more behaviorally agitated during restraint. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 46, 117-123.
- Tsuruta, S., Misztal, I., 2006. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. *J. Dairy Sci.* 89, Suppl. 1, 15.
- Wickens, C., Brooks, S.A., 2020. Genetics of Equine Behavioral Traits. *Vet. Clin. North Am. Equine Pract.* 36, 411-424. <https://doi.org/10.1016/j.cveq.2020.03.014>.



Herdabilidade para características de redemoinho em equinos

R.A.C Cerqueira¹, V.A.R. Cruz¹, D.F.P de A. Lima¹, R.A. Curi², G.L. Pereira², R.B. Costa¹, G.M.F. de Camargo^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador - BA, Brasil.

²Universidade Estadual Paulista (Unesp), Botucatu-SP, Brasil

*Autor correspondente: Rafacastor11@gmail.com

Resumo: O objetivo do trabalho foi estimar componentes de herdabilidade para características de redemoinhos em equinos da raça Quarto de Milha. A herdabilidade foi estimada para as características posição vertical e número de redemoinhos na cabeça e número de redemoinhos em ambos os lados do pescoço. As herdabilidades estimadas variaram de 0,79 a 0,99. Essas estimativas mostram que as características de redemoinho possuem grande influência genética e que fenótipo é um bom indicador do genótipo. Características de redemoinhos são indicadoras comportamentais e seleção fenotípica pode ser aplicada com êxito.

Palavras-chave: comportamento, parâmetros genéticos, Quarto de Milha, temperamento.

Heritability for whorl traits in horses

Abstract: The aim of this study was to estimate heritability for whorls traits in Quarter Horses. Heritability was estimated for vertical position and number of whorls on the head and number of whorls on both sides of the neck. The estimated heritability ranged from 0.79 to 0.99. This estimate shows that whorl traits have great genetic influence, and that phenotype is a good indicator of genotype. Whorl traits are associated to behavior and phenotypic selection may be used successfully.

Keywords: behavior, genetic parameter, Quarto de Milha, temperament.

Introdução

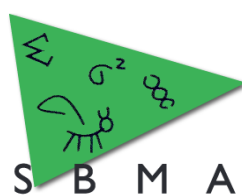
O comportamento de equinos é mensurado ao longo da vida do animal (Wickens e Brooks, 2020), sendo um fenótipo de difícil observação. Isso pode acarretar atraso no estudo das características e, conseqüentemente, um atraso no ganho genético no processo de seleção. Uma marca morfológica que é associada ao temperamento dos animais são os redemoinhos. Os verticilos (redemoinhos) são pelos em forma de espiral que se diferem por conta das mudanças de direção no crescimento (Broucek et al., 2007).

Pouco se sabe sobre a influência genética nas diversas características de redemoinhos (número e posição) em diferentes partes do corpo (cabeça e pescoço). Assim, o objetivo desse trabalho foi estimar de herdabilidades para características de posição vertical e número de redemoinhos na cabeça e número de redemoinhos em diferentes lados do pescoço de equinos. Pretende-se estimar as herdabilidades entre as características a fim verificar a possibilidade de eleger critérios de seleção e incitar novos estudos de associação de redemoinhos com características comportamentais e produtivas.

Material e Métodos

A base de dados utilizada no estudo foi fornecida pela Associação Brasileira de Criadores de Quarto de Milha (ABQM). Não foi necessário passar o estudo pelo comitê de ética, pois usou-se informações do banco de dados e resenhas. Foram utilizados fenótipos de 403 animais, sendo 303 fêmeas e 100 machos e pedigree com aproximadamente 1390 animais. Os animais pertenciam a duas linhagens: corrida (n=342) e trabalho (n=61).

Foram estudadas as características posição vertical (POS) e número (NUM) de redemoinhos na cabeça e número de redemoinhos do lado esquerdo (NUMLE) e do lado direito (NUMLD) do pescoço. Para a mensuração da característica POS foi adotado o sistema baseado nas classificações para bovino



2021

descrita por Grandin et al. (1995). Os animais foram classificados em três grupos com base na posição do redemoinho na cabeça: (i) acima da linha dos olhos (1); (ii) entre as linhas dos olhos (2); (iii) abaixo da linha dos olhos (3). Para as características números de verticilo, foram contabilizados os verticilos dispostos na cabeça e em cada lado do pescoço do animal. Considerando cabeça até a inserção das orelhas. Em ambos os sexos há uma maior proporção de animais com 1 verticilo no pescoço.

As análises preliminares de consistência dos dados e estatística descritiva foram realizadas pelo pacote R. Os efeitos fixos de sexo e pelagem foram testados no modelo e não foram significativos ($P > 0.5$).

Tabela 1. Estatística descritiva para características de redemoinhos em 403 animais da raça Quarto de Milhas

Trait	Número de redemoinhos
POS*	1(170), 2(170),3(24)
NUM	1(364), 2(38), 3(1)
NUMLE	1(312), 2(71), 3(18), 5(2)
NUMLD	1(305), 2(79), 3(17), 4(1), 7(1)

* animais com redemoinhos múltiplos de posição não coincidente foram retirados da análise dessa característica

POS: posição; NUM: número de verticilos na cabeça; NUMLE: número de verticilos dos lados esquerdo do pescoço; NUMLD número de verticilos do lado direito do pescoço

Foram estimados herdabilidades para as características estudadas em análises uni-característica, considerando o modelo animal de característica de limiar.

As análises foram conduzidas utilizando pacotes da família BLUPF90. Os componentes de variâncias foram estimados por meio THRGIBBS1F90 (Tsuruta e Misztal, 2006) e as médias posteriores obtidas pelo POSTGIBBSF90 (Tsuruta e Misztal, 2006). O total de 3000000 Gibbs samplings e burn in de 100000 foram utilizados para a estimação dos componentes de variâncias.

Resultados e Discussão

As estimativas foram de magnitude alta para todas as características: 0,79 (NUMLD), 0,88 (POS), 0,99 (NUM e NUMLE). Os resultados indicam que as características respondem à seleção e que o fenótipo é um bom indicativo do valor genético aditivo. Os valores de POS estão de acordo com a literatura (Gorecka et al 2007 e Yokomori et al 2019), mas as estimativas para NUM são maiores no presente trabalho (Yokomori et al 2019). Esses são os primeiros resultados para estimativas de herdabilidade para número de redemoinhos no pescoço.

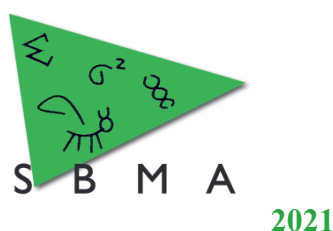
Características de comportamento e temperamento em equinos apresentam herdabilidade de baixa a moderada (Wickens e Brooks, 2020). Assim, há uma potencialidade no uso de seleção indireta para temperamento por características de redemoinho.

Conclusão

Características de redemoinho em equinos possuem alta influência genética e potencialidade de seleção fenotípica visto que são indicadoras de comportamento.

Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer a Associação Brasileira de Criadores de Cavalos Quarto de Milha pela concessão dos dados.



Literatura Citada

- Broucek, J., Kisac, P., Mihina, S., Hanus, A., Uhrincat, M., Tancin, V., 2007. Hair whorls of Holstein Friesian heifers and affects on growth and behaviour. *Archiv. Fur. Tierzucht.* 50, 374-380.
- Górecka, A., Słoniewski, K., Golonka, M., Jaworski, Z., Jezierski, T., 2006. Heritability of hair whorl position on the forehead in Konik horses. *J. Anim. Breed. Genet.* 123, 396-398. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2006.00619.x>.
- Grandin, T., Deesing, M.J., Struthers, J.J., Swinker, A.M., 1995. Cattle with hair whorl patterns above the eyes are more behaviorally agitated during restraint. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 46, 117–123.
- Tsuruta, S., Misztal, I., 2006. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. *J. Dairy Sci.* 89, Suppl. 1, 15.
- Wickens, C., Brooks, S.A., 2020. Genetics of Equine Behavioral Traits. *Vet. Clin. North Am. Equine Pract.* 36, 411-424. <https://doi.org/10.1016/j.cveq.2020.03.014>.
- Yokomori, T., Tozaki, T., Mita, H., Miyake, T., Kakoi, H., Kobayashi, Y., Kusano, K., Itou, T., 2019. Heritability estimates of the position and number of facial hair whorls in Thoroughbred horses. *BMC Res. Notes* 12, 346. <https://doi.org/10.1186/s13104-019-4386-x>.



Estimativa de parâmetros genéticos para medidas morfométricas em equinos

Silel Vinicius Simões Andrade Maciel^{1*}, Beatriz Bastos Senes¹, Chiara Albano Araújo de Oliveira¹, Gleb Strauss Borges Junqueira¹, Ingrid Pereira Pinto Oliveira¹, Ivana Louise Santos Silva¹, Valdecy Aparecida Rocha da Cruz¹, Iara Del Pilar Solar Diaz¹, Raphael Bernal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹ Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: silel2009@hotmail.com

Resumo: Muitas características morfológicas e funcionais são medidas no Campolina com o objetivo de caracterização e seleção de padrão racial e de marcha. Um índice de componentes principais foi estimado para quinze características morfométricas na raça. O primeiro componente era composto por altura da cernelha, altura da garupa, comprimento do corpo, altura do dorso e perímetro do tórax e explicava 97% da variação. Dessa forma, buscou-se estimar parâmetros genéticos para altura da cernelha e o primeiro componente principal. Foram utilizados dados de 91.483 animais da raça Campolina para altura da cernelha (AC) e o componente principal (PC1). Os parâmetros genéticos foram obtidos via inferência Bayesiana, em um modelo bicaracterística por amostrador de Gibbs. As herdabilidades encontradas foram altas: 0,39 (AC) e 0,72 (PC1). A seleção para o PC1 tende a uma resposta mais rápida do que apenas para altura da cernelha. A correlação genética entre AC e PC1 foi alta e positiva (0,78) e demonstra que a seleção para a PC1 também aumentará a altura da cernelha. Assim, a seleção para PC1 torna-se interessante por apresentar maior herdabilidade, agrupar diferentes características e ocasionar maior harmonia morfológica durante a seleção dos animais.

Palavras-chave: altura da cernelha, campolina, componentes principais.

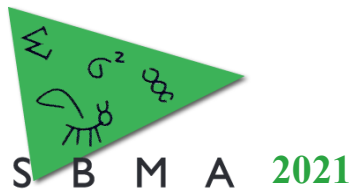
Estimation of genetic parameters for morphometric traits in horses

Abstract: Many morphological and functional traits are measured in Campolina horses for breed qualification and gait. A principal component index was estimated for fifteen morphometric traits for Campolina horse. The first component was composed of withers height, croup height, body length, height back and chest width and explained 97% of the variation. So, the aim was to estimate genetic parameters for withers height and the first principal component. Data from 91,483 Campolina horse were used for withers height (WH) and the first principal component (PC1). The genetic parameters were obtained by Bayesian inference, in a bi-trait model by Gibbs sampler. The heritabilities were high: 0.39 (WH) and 0.72 (PC1). The selection for PC1 has faster response than for withers height. The genetic correlation between WH and PC1 was high and positive (0.78). It demonstrates that selection for PC1 will also increase withers height. Thus, the selection for PC1 becomes interesting because it presents greater heritability, it groups different traits and it promotes harmony among morphological traits during the selection.

Keywords: campolina, principal components, wither height.

Introdução

Equinos da raça Campolina possuem aptidão de sela, são marchadores e possuem altura da cernelha elevada, sendo a principal característica morfológica. Muitas características morfométricas são medidas na raça para efeito de registro. Contudo, elas são controladas por conjuntos gênicos diferentes, impondo ao criador uma busca por um ponto de equilíbrio na seleção. A avaliação de um elevado número de características não é de fácil aplicação, além do que algumas características podem ser redundantes por serem altamente correlacionadas. Devido a isso, Diaz et al (2020) propuseram um índice de componentes principais composto por 15 características. As principais características (que compunham o primeiro componente principal – PC1) foram: altura da cernelha, altura da garupa, comprimento do corpo, altura do dorso, perímetro do tórax, explicando 97% da variação. Assim, buscou-se avaliar as herdabilidades e correlação genética do PC1 com a altura da cernelha que é uma característica importante para a raça e sob efeito de seleção fenotípica a fim de avaliar a relação existente entre elas.



Material e Métodos

Foram utilizados dados de 91.483 animais da raça Campolina para altura de cernelha (AC) e para cálculo do PCA1 proposto por Diaz et al. (2020). Os parâmetros genéticos foram obtidos via inferência Bayesiana, em um modelo bi-característica por amostrador de Gibbs utilizando os softwares desenvolvidos por Misztal, et al. (2020). O modelo animal considerado incluiu o grupo de contemporâneo e efeito do proprietário como efeito fixo e a idade do animal ao registro como covariável. Para formação dos grupos de contemporâneo, foram utilizados os efeitos de ano de nascimento, estação de nascimento, mesorregião, sexo e pelagem.

O modelo pode ser descrito como:

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

Onde: y é o vetor das observações; β é o vetor dos efeitos fixos; a é o vetor de efeitos genéticos aleatórios; e é o vetor de efeitos residuais; X e Z são as matrizes de incidência que relacionam os efeitos fixos e genéticos diretos as observações, respectivamente;

As seguintes pressuposições foram assumidas:

$$\text{Var} \begin{pmatrix} a \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G_a \otimes A & 0 \\ 0 & R \otimes I_n \end{pmatrix}$$

$$E \begin{pmatrix} a \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$A_T(G_a) = \begin{pmatrix} \sigma_{ai}^2 & \sigma_{aij} \\ \sigma_{aji} & \sigma_{aj}^2 \end{pmatrix}$$

Onde, G_a é a matriz de variância-(co)variância dos efeitos genéticos aditivos aleatórios dentro e entre as características, R é a matriz de variância-(co)variância dos efeitos residuais aleatórios dentro e entre as características, A é a matriz de parentesco genético aditivo, I_e é a matriz de identidade de ordem igual ao número de animais com registro fenotípico, \otimes é o produto Kronecker, 0 é o vetor de zeros, σ_{ai}^2 é a variância genética aditiva da característica i ; σ_{aij} é a covariância genética aditiva entre a característica i e j e σ_{aj}^2 é a variância genética da característica j . Foram geradas cadeias únicas de 1.000.000 ciclos com um período de burn-in de 50.000 ciclos e intervalos de amostras de 50 iterações. No total, 24.000 amostras foram efetivamente utilizadas para estimar os parâmetros. Em função dos resultados da média dos componentes de (co)variância obtidos pelo modelo multicaracterística por meio de inferência bayesiana, foram obtidos os valores genéticos através da metodologia BLUP, por meio do programa blupf90 desenvolvido por (Misztal, 2020).

Resultados e Discussão

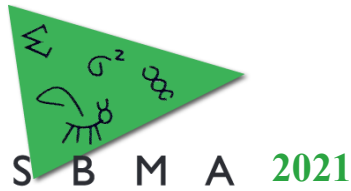
As herdabilidades obtidas para altura da cernelha (AC) e para o primeiro componente principal (PC1) foram de 0,39 e 0,72, respectivamente. Características morfométricas apresentam de média a alta herdabilidade, estando de acordo com a literatura (Pereira et al 2014). A estimativa da correlação genética a posteriori entre a AC e PC1 foi 0,78, sendo alta e positiva.

Os resultados demonstram que o PC1 responde melhor à seleção do que AC, por possuir maiores valores de herdabilidade. A seleção para PC1 é também mais harmônica por agrupar várias características, inclusive a AC. Além disso, ao se selecionar para PC1, automaticamente se seleciona para AC dada a correlação genética positiva e alta existente entre as elas.

Entretanto, dependendo do objetivo de seleção, outras características precisam ser consideradas, visto que Sousa et al. (2018), indicaram que equinos campeões de marcha na raça possuem altura da cernelha menores.

Conclusão

A seleção para o primeiro componente principal de características morfométricas é interessante por apresentar maior herdabilidade, agrupar diferentes características e estar correlacionada geneticamente com altura da cernelha. Estudos futuros considerando também características de marcha são interessantes de serem conduzidos.



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

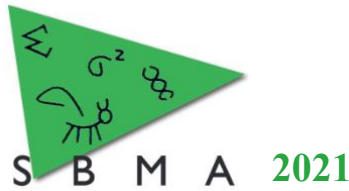
Literatura citada

Diaz, I. D. P.S., Junqueira, G. S. B., Cruz, V. A. R., Oliveira, C. A. A., Oliveira, H. N., Camargo, G. M. F., Costa, R. B. (2020). Principal componentes for morphometric traits in Campolina Horse. **Journal of animal breeding and genetics**. 00, 1-9.

Misztal, I. 2020. **BLUPF90 - A Flexible Mixed Model Program in Fortran 90. University of Georgia Retrieved**. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90.pdf>. Acesso em: fevereiro de 2020.

Pereira, G. L., Meira, C. T., Silva, J. A. II. V., Charludo, L. A. L., Curi, R.A. (2014). Estimativas de parâmetros genéticos para características morfométricas em cavalos Quarto de Milha de corrida. *Ciência & tecnologia: Fatec-JB, Jaboticabal*, 6.

Sousa, A. S., Jesus, I.I.C., Oliveira, C.A.A., Costa, R.B. Godoi, F. N. (2018). How is the morphometry of stallions and mares show-winning and nonwinning Campolina Brazilian breed with batida and picada gaits?. **Journal of equine veterinary science**, 64, 34-40.



Avaliação do peso ao nascimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro com base em índice de seleção fenotípico para características produtivas

Ryan Gomes de Almeida^{1*}, Claudianny Souto Maior de Moraes Vilar², Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia¹, Matheus Vargas de Oliveira³, Pablo Dominguez Castaño³, Felipe Ferreira dos Santos¹, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva¹

¹Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: ryan.gomes@unesp.br

Resumo: A perdiz brasileira (*Rhynchotus rufescens*) apresenta boas características para exploração zootécnica devido ao bom rendimento de carcaça e teor de proteínas, e a característica peso ao nascimento (PN) indica vigor e desenvolvimento pré-natal do filhote. O objetivo deste estudo foi realizar comparativo do peso ao nascimento de perdizes com pais selecionados por índice de seleção fenotípico para características produtivas com progênies de pais não-selecionados, durante quatro estações reprodutivas. Foram utilizados registros de peso ao nascimento das progênies de perdizes de grupo selecionado pelos maiores índices de seleção fenotípico composto por características produtivas aos 365 dias (PerdizS), e de grupo sem processo de seleção (PerdizC). A análise estatística foi elaborada pelo método dos quadrados mínimos, considerando no modelo os efeitos fixos de estação reprodutiva, grupo e a interação estação reprodutiva e grupo. Houve aumento significativo do PN de todos os animais das estações de 2017 e 2018 para 2019 e 2020. As médias ajustadas de PN dos grupos PerdizS e PerdizC foram $44,4 \pm 0,3$ g e $43,3 \pm 0,3$ g, respectivamente. A seleção de perdizes por índice de seleção fenotípico contribuiu positivamente no aumento da característica peso ao nascimento das progênies.

Palavras-chave: carne nobre, progênies, silvestre, tinamiformes.

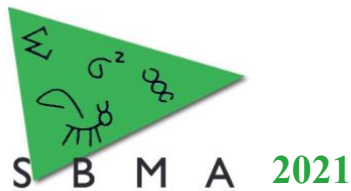
Birth weight evaluation of red-winged tinamous (*Rhynchotus rufescens*) reared in captivity based on phenotypic selection index for productive traits

Abstract: The red-winged tinamou (*Rhynchotus rufescens*) has good traits for zootechnical exploration due to good carcass yield and protein content. Birth weight (BW) indicates vigor and prenatal development of the bird. The aim of this study was to compare the birth weight of red-winged tinamous with parents selected by phenotypic selection index for production traits with unselected parents, during four breeding seasons. Records of birth weight of progenies from a group selected by the highest phenotypic selection index composed of productive traits at 365 days (PerdizS) and from a group without selection process (PerdizC) were used. Statistical analysis was performed by the method of least squares, considering in the model the fixed effects of breeding season, group and the breeding season and group interaction. There was a significant increase in the BW of all birds from the 2017 and 2018 to 2019 and 2020 breeding seasons. The BW adjusted means of the PerdizS and PerdizC groups were 44.4 ± 0.3 g and 43.3 ± 0.3 g, respectively. The selection of red-winged tinamous by phenotypic selection index contributed positively in the birth weight increase of the progenies evaluated.

Keywords: prime meat, progenies, tinamiformes, wild.

Introdução

A perdiz brasileira (*Rhynchotus rufescens*), maior ave terrícola da América Latina, pertence à ordem Tinamiformes, e encontra-se em regiões campestres, cerrados, buritizais e planaltos descampados, próximas a fontes de água para frequente hidratação (Sick, 1997). Estudos realizados com essas aves para a criação em cativeiro buscam não apenas conservação da espécie devido a caça ilegais, mas também a demanda de carnes exóticas no país e no mundo. A perdiz apresenta boas características para exploração zootécnica, possui carne com alto teor de proteínas, com cortes de perna-coxa e peito apresentando



respectivamente 25,2% e 29,1% de proteína, com significantes porcentagem de rendimento médio carcaça (Moro et al., 2006).

A mensuração de características de desempenho é considerada fundamental para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético com objetivo de aumentar a produtividade da criação. O peso ao nascimento, mensuração realizada nas primeiras 24 horas após a eclosão, indica vigor e desenvolvimento pré-natal do filhote. O objetivo deste estudo foi realizar comparativo do peso ao nascimento de perdizes com pais selecionados por índice de seleção fenotípico para características de produção com progênies de pais não-selecionados.

Material e Métodos

Foram utilizados registros de peso ao nascimento (PN) de perdizes nascidas no Setor de Animais Silvestres da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, localizado na Fazenda Experimental Lageado, Unesp, campus Botucatu, durante quatro estações reprodutivas (2017, 2018, 2019 e 2020), nos meses de agosto a março. O banco de dados consistia em fenótipos de progênies de dois grupos experimentais: PerdizS e PerdizC. O grupo PerdizS foi composto por animais selecionados pelos maiores índices de seleção fenotípico composto pelas características peso corporal, perímetro de peito e de coxa aos 365 dias. O grupo PerdizC era composto por animais sem processo de seleção. Todos os animais foram submetidos ao mesmo sistema de manejo alimentar e sanitário.

A análise estatística do PN foi elaborada pelo método dos quadrados mínimos realizada pelo procedimento GLM do software *Statistical Analysis System* versão 9.3 (Sas, 2011). Foi considerado no modelo os efeitos fixos de estação reprodutiva, grupo e a interação estação reprodutiva e grupo, considerando efeito significativo com valor inferior a 5% ($p < 0,05$), aplicando-se o teste de comparação múltipla de médias de Tukey quando necessário.

Resultados e Discussão

O efeito estação reprodutiva e grupo foram significativos ($p < 0,05$) no modelo estatístico utilizado para característica PN (Tabela 1). O efeito de sexo não foi considerado para as análises, visto que Correia (2017) verificou que a diferenciação do peso corporal médio entre perdizes machos e fêmeas tem início aos 84 dias de vida. Houve aumento significativo do PN de todos os animais das estações de 2017 e 2018 para 2019 e 2020. Considerando todas as estações reprodutivas, as médias ajustadas de PN dos grupos PerdizS e PerdizC foram $44,4 \pm 0,3$ g e $43,3 \pm 0,3$ g, respectivamente.

Com exceção da estação de 2017, o grupo PerdizS apresentou média de PN superior que o PerdizC (Figura 1). Tholon et al. (2008) estimaram herdabilidade alta para característica PN em perdizes (*R. rufescens*), o que indica alta contribuição dos genes aditivos para mudança na média da característica. De acordo com os resultados do presente estudo, o tempo necessário para gerar mudança correlacionada no fenótipo devido a aplicação do índice de seleção foi de duas estações reprodutivas. O aumento na média de PerdizC da estação 2018 para 2019 pode ter relação em uma possível seleção acidental de indivíduos com genes favoráveis para PN, visto que o grupo foi gerado por reprodutores e matrizes aleatórias.

Tabela 1. Resumo da análise de variância para os efeitos do modelo para peso ao nascimento de perdizes (*R. rufescens*).

Fonte de variação	¹ GL	² QM	<i>p</i> -value
Estação reprodutiva	3	655,8	<0,01
Grupo	1	101,4	<0,05
Interação Estação reprodutiva x Grupo	3	25,9	0,27
Erro	600	-	

¹GL: Graus de liberdade; ²QM: Quadrado médio.

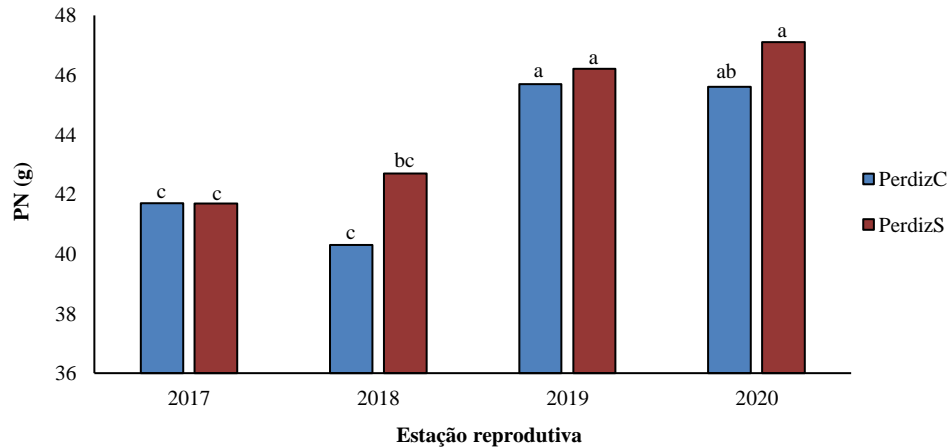


Figura 1. Médias ajustadas do peso ao nascimento de perdizes dos grupos PerdizC (azul) e PerdizS (vermelho) durante as estações reprodutivas avaliadas. Letras diferentes indicam diferença significativa ($p < 0,05$) pelo teste de Tukey.

Conclusão

A seleção de perdizes por índice de seleção fenotípico contribuiu positivamente no aumento da característica peso ao nascimento das progênes, o que possibilita a geração de filhotes desenvolvidos para a fase de crescimento e terminação para sistemas de produção de carnes nobres.

Literatura citada

Correia, L.E.C.S. 2017. **Avaliação do pedigree, características reprodutivas e de crescimento em perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro**. Jaboticabal: UNESP, 64 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2017.

Moro, E.G., Ariki, J., Souza, P.A., Souza, H.B.A. & Vargas, F.C. 2006. Rendimento de carcaça e composição química da carne de perdiz nativa. **Ciência Rural**, 36, 258-262.

Sas Institute. 2011. **SAS/IML 9.3 user's guide**. Sas Institute.

Sick, H. 1997. **Ornitologia Brasileira**. Rio de Janeiro: Nova Fronteira.

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



Modelos de reprodutores múltiplos em avaliação genética de escargots *gros gris* (*Cornu aspersum maximum*) para idade à primeira oviposição

Claudiana de Fátima Miranda¹, Eula Regina Carrara², Gerson Barreto Mourão³, Vinícius Silva Junqueira⁴, Felipe André Oliveira Freitas³, Arícia Chaves Zanetti Reis², Fernanda Larissa César Santos², Iris Assis Aganete⁵, Thamires Aparecida Leôncio¹, Matheus Aparecido Salviano Lourenço¹, Kelvin Rodrigues Kelles¹, Leila de Genova Gaya^{1*}

¹Universidade Federal de São João del-Rei, São João del-Rei, MG, Brasil

²Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil

³Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brasil

⁴Pesquisa e Desenvolvimento, Bayer Crop Science, Uberlândia, MG, Brasil

⁵Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil

*Autor correspondente: genova@ufsj.edu.br

Resumo: Objetivou-se prever os valores genéticos dos animais de uma população de escargots *Cornu aspersum maximum* para a característica idade à primeira oviposição, e recomendar o método mais adequado para realização da avaliação genética desses animais, considerando um modelo de paternidade desconhecida e duas diferentes abordagens de modelos de reprodutores múltiplos. Foram realizadas análises uni-características sob modelo animal, por meio de inferência Bayesiana, sendo avaliados os fenótipos de 112 matrizes de escargots, oriundos de uma matriz de parentesco contendo 3955 indivíduos. Conduziram-se três avaliações genéticas: considerando paternidade desconhecida; atribuindo possíveis pais à última geração de seleção; e atribuindo como possíveis pais o número máximo de dez reprodutores por caixa de acasalamento, sendo os dois últimos via modelos de reprodutores múltiplos. As correlações de Spearman dos valores genéticos dos animais sugeriram alterações de ordenamento quando utilizados reprodutores múltiplos nas análises. O modelo em que foram atribuídos possíveis pais à última geração de seleção apresentou menor valor de DIC, ou seja, com o melhor ajuste e, por isso, o mais recomendado para a predição do mérito genético dos animais sob incerteza de paternidade, para a população avaliada.

Palavras-chave: helicicultura, inferência bayesiana, paternidade desconhecida, valor genético.

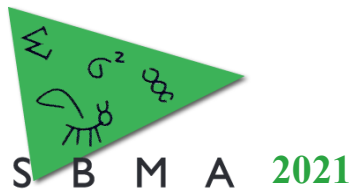
Multiple sire models in genetic evaluation of *gros gris* snails (*Cornu aspersum maximum*) for age at first oviposition

Abstract: The aims were to predict the breeding values of animals from a population of *Cornu aspersum maximum* snails for the trait age at first oviposition, and to recommend the most appropriate method for carrying out the genetic evaluation of these animals, considering an unknown paternity model and two different multiple sire model approaches. Single-trait analyses were performed under animal model, by Bayesian inference, and the phenotypes of 112 escargots dams were evaluated, coming from a relationship matrix containing 3,955 individuals. Three genetic evaluations were conducted: considering unknown paternity; assigning possible parents to the last generation of selection; and assigning as possible parents the maximum number of ten sires per mating box, the last two by the multiple sire method. Spearman's correlations of the breeding values of animals under such circumstances suggested reranking when multiple sires were used in the analyses. The model in which possible parents were assigned to the last generation of selection presented the lowest DIC value, that is, it was the model with the best fit and, therefore, the most recommended for predicting the genetic merit of animals under paternity uncertainty, for the population evaluated.

Keywords: bayesian inference, breeding value, heliciculture, unknown paternity.

Introdução

A subespécie de caracóis terrestres *Cornu aspersum maximum*, conhecida popularmente como *gros gris* (“grande cinza”), possui hábito noturno e de aglomeração, o que limita a identificação de cópulas nos criatórios. Se mantidos sob acasalamento monogâmico, frequentemente não copulam ou não sobrevivem, sendo os descendentes, muito possivelmente, de múltiplos reprodutores (Diaz et al., 2007). Com isso, a



execução de um programa de melhoramento para esses animais torna-se complexa, uma vez que o controle genealógico é de extrema importância para definir o grau de parentesco entre os indivíduos (Falcão, 2009), no qual fundamentam-se as avaliações genéticas.

Existem métodos que podem ser utilizados para aprimorar os modelos de avaliação genética onde se tem paternidade desconhecida, dentre eles, o Modelo Hierárquico Bayesiano, proposto por Cardoso & Tempelman (2003). Sendo assim, esse trabalho visou estimar os valores genéticos para a variável idade à primeira oviposição em uma população de escargots *Cornu aspersum maximum*, mantida sob confinamento total, sob modelo de paternidade desconhecida e duas diferentes abordagens de reprodutores múltiplos. Pode-se, assim, recomendar o método estatístico mais apropriado para a realização da avaliação genética sob a incerteza de paternidade nessa população.

Material e Métodos

A pesquisa foi desenvolvida no Laboratório de Ensino e Pesquisa em Helicicultura da Universidade Federal de São João del-Rei, MG, onde eram mantidos escargots da subespécie *Cornu aspersum maximum*, sob o sistema de confinamento total. Os animais eram acondicionados em caixas de acasalamento, oriundos de três matrizes diferentes, com lotação aproximada de 30 animais, e compostas por indivíduos de no mínimo, 60 dias de idade, momento em que ocorria seleção fenotípica para peso corporal. Havia entrada de luz natural, sistema de umidificação e registro diário de temperatura ambiente e umidade relativa do ar. Disponibilizavam-se volumosos (folhas de *Sechium edule*), ração balanceada e água à vontade, além de ninhos para as matrizes a partir de 100 dias de idade.

A característica analisada foi a idade à primeira oviposição, por matriz, dada em dias (ID), cujos registros ocorreram de 2018 a 2020, por meio da observação da presença e identificação da matriz no ninho e subsequente visualização dos ovos. Foram avaliados fenótipos de 112 indivíduos, oriundos de uma matriz de parentesco contendo 3955 indivíduos, distribuídos em cinco gerações.

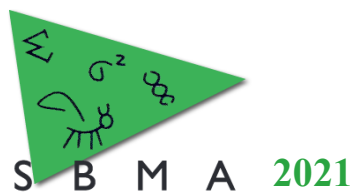
A identificação de efeitos fixos e covariáveis de efeito linear e quadrático foi realizada por meio do método dos modelos lineares gerais, pelo programa SAS[®]. As análises uni-características foram conduzidas sob modelo animal e enfoque bayesiano, utilizando método de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) e algoritmo amostrador de Gibbs, por meio do programa INTERGEN, versão 1.3. Conduziram-se três avaliações genéticas: considerando a paternidade desconhecida, ou seja, sem utilização de modelo de reprodutores múltiplos (n = 3955) (A); abordagem com uso de reprodutores múltiplos, considerando-se um grupo de possíveis pais da última geração de seleção (n = 925), representado por todos os animais presentes na caixa de acasalamento em que a matriz estava localizada (B); abordagem com uso de reprodutores múltiplos, atribuindo-se aos animais que apresentavam registro de mãe (n = 3377) um grupo de possíveis pais representados pelo número máximo de dez reprodutores presentes na caixa de acasalamento da matriz (C), escolhidos aleatoriamente. Nas duas abordagens de reprodutores múltiplos, assumiram-se probabilidades iguais dos reprodutores serem os pais dos indivíduos.

Foram conduzidas 1.500.000 cadeias, com descarte das 700.000 primeiras amostras e amostragem de 20, totalizando 40.000 amostras. A convergência foi verificada por meio dos critérios de Geweke e de Heidelberger e Welch, utilizando-se o programa R. Considerou-se o critério de informação do desvio (DIC) para verificação do modelo de melhor ajuste. As correlações de Spearman foram calculadas entre os valores genéticos obtidos por cada modelo, a fim de se verificar o grau de semelhança entre a classificação dos animais. O nível de significância estatística assumido para as análises deste estudo foi de 5%.

Resultados e Discussão

A característica ID apresentou um valor médio de $189,65 \pm 50,81$ dias, variando de 114 a 302 dias. Para as três avaliações genéticas propostas, assumiu-se como efeito fixo geração de seleção ($p < 0,05$), e como aleatório o efeito genético aditivo direto. Consideraram-se os efeitos lineares das covariáveis ($p < 0,05$): peso ajustado da matriz aos 60 dias, umidade relativa do ar média mínima dos sete dias anteriores à oviposição e umidade relativa do ar média máxima dos 15 dias anteriores à oviposição.

O critério de Heidelberger e Welch indicou convergência em todas as cadeias para os três modelos, porém, pelo critério Geweke, as cadeias das análises em que se consideraram os modelos A e C não convergiram. A análise conduzida pelo modelo B obteve menor valor de DIC (1685,24) em comparação aos valores obtidos para os modelos A (2105,01) e C (1777,91), o que indica seu melhor ajuste.



Os coeficientes de correlação de Spearman entre os modelos de paternidade foram significativos ($p < 0,05$), altos e positivos, variando de 0,75 a 0,97 (Tabela 1). Esses valores indicam que há grande semelhança entre a classificação dos animais segundo seus valores genéticos, porém, com alterações mais importantes entre A e C, e entre B e C, visto que correlações abaixo de 0,90 podem resultar em significativa reclassificação dos animais em avaliação genética (Crews & Franke, 1998).

Tabela 1. Correlações de Spearman dos valores genéticos aditivos diretos obtidos por meio das análises de modelo de paternidade desconhecida e com o uso de reprodutores múltiplos

	A	B	C
A	1	-	-
B	0,97	1	-
C	0,75	0,79	1

A = considera paternidade desconhecida; B = atribui possíveis pais à última geração de seleção; C = atribui como possíveis pais o número máximo de dez reprodutores por caixa.

Recomenda-se a aplicação do modelo B, o qual atribui possíveis pais à última geração de seleção, para condução da avaliação genética nesta população, devido ao fato de suas cadeias terem atingido convergência por meio dos dois critérios considerados, e a seu melhor ajuste, em comparação aos outros modelos avaliados. O modelo B incorpora mais informações na matriz de parentesco, o que, potencialmente, torna as estimativas de valores genéticos mais acuradas em relação ao modelo A, visto que a falta de parentesco ou erros na genealogia reduz a correlação entre valor genético verdadeiro e o valor genético predito (Van Vleck, 1970). Ademais, a natureza não aleatória da formação dos grupos de reprodutores, em comparação à aleatoriedade da escolha dos animais no modelo C, é capaz de diminuir erros provenientes da possibilidade de os verdadeiros pais não serem escolhidos para fazer parte dos grupos de reprodutores, pois o Modelo Hierárquico combina dados e informações anteriores para prever probabilidades posteriores de atribuições de reprodutores (Cardoso & Tempelman, 2003).

Conclusão

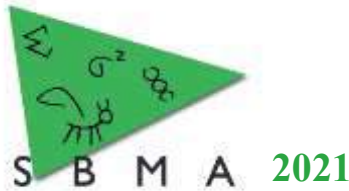
A inclusão de um grupo de possíveis pais da última geração de seleção mostrou-se mais adequado para a predição de mérito genético sob incerteza de paternidade para a população de escargots avaliada, recomendando-se sua aplicação para classificação e seleção.

Agradecimentos

À Universidade Federal de São João del-Rei e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de estudos concedida.

Literatura citada

- Cardoso, F.F. & Tempelman, R.J. 2003. Bayesian inference on genetic merit under uncertain paternity. **Genetics Selection Evolution**, v. 35, p. 469-487.
- Crews Jr., D.H. & Franke, D.E. 1998. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage brahman inheritance. **Journal of Animal Science**, v.76, n.7, p.1803-1809.
- Diaz, J.L.; Aguirre, J.C.; Mejia, G. & Martínez, E. 2007. Reproducción y genética del caracol terrestre “*Helix aspersa*”. **Revista CES Medicina Veterinaria y Zootecnia**, v. 2, n. 2, p. 78-88.
- Falcão, A.J.S.; Martins, E.N.; Costa, C.N. & Mazucheli, J. 2009. Efeitos do número de animais na matriz de parentesco sobre as estimativas de componentes de variância para produção de leite usando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Bayesiano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 8, p. 1478-1487.
- Van Vleck, L. D. Misidentification in estimating the paternal sib correlation. 1970. **Journal of Dairy Science**, v. 53, n. 10, p. 1469-1474.



Diversidade genética de raças equinas de tração

Ivana Louise Santos Silva^{1*}, Silel Vinicius Simões Andrade Maciel¹, Louise Sarmento Martins de Oliveira¹, Marisa Silva Bastos¹, Jackeline Santos Alves¹, Raphael Bermal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo¹

¹ Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: ivana_12santos@hotmail.com

Resumo: Na Europa, desenvolveram-se raças equinas destinadas ao trabalho de tração. Dentre as raças, estão a Bretão, Gypsy, Percheron e Friesian. Essas são raças de mesma aptidão e possuem características morfológicas e funcionais semelhantes, entretanto pouco se sabe sobre a origem e relações entre elas. O objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade e distância genética entre as raças, analisando a região D-loop do DNA mitocondrial. Foram utilizados 41 animais, das raças Bretão, Gypsy, Percheron e Friesian. Foi extraído DNA e região D-loop analisada por PCR-sequenciamento. Posteriormente, foram calculadas as distâncias genéticas e rede de haplótipos. Observou-se que a raça Friesian é a mais distante geneticamente e a que apresenta mais haplótipos exclusivos. Os resultados de distância genética indicaram todas as estimativas próximas de 0, ou seja, são raças próximas geneticamente. Ao se analisar a rede de haplótipos, observam-se tanto haplótipos em comum entre as raças (indicando origem materna comum), como específicos de raças. Pode-se observar que a raça Bretão, apresenta uma maior porcentagem de haplótipos compartilhados entre as raças estudadas, de cinco haplótipos três são compartilhados (60%). A raça Friesian possui mais haplótipos exclusivos, sendo quatro. Entender a distância genética das raças ajuda a identificar suas possíveis origens e mecanismos de conservação futuros. O uso de outras raças e outras regiões genômicas ajuda a melhor elucidar essas características.

Palavras-chave: distância genética, filogenética, polimorfismo.

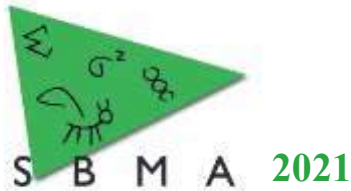
Genetic diversity of draught horses

Abstract: In Europe, there was the development of draught horses. Among the breeds are Breton, Gypsy, Percheron and Friesian. These are breeds of the same qualifications and have similar morphological and functional traits. However little is known about their origin and relationships among them. The aim of this study was to evaluate the genetic diversity and distance across breeds, analyzing the D-loop region of mitochondrial DNA. A total of forty-one animals were used: Breton, Gypsy, Percheron and Friesian breeds. DNA was extracted and D-loop region analyzed by PCR-sequencing. Subsequently, genetic distances and haplotype network were calculated. It was observed that the Friesian breed is the most distant genetically and the one with the most exclusive haplotypes. The results of genetic distance of the breeds indicated that all estimates are close to 0, meaning that they are genetically close. When analyzing the haplotype network, common haplotypes were found across breeds (indicating common maternal origin) and breed-specific haplotypes were also observed. It can also be noted that Breton is the one with the highest percentage of shared haplotypes with other breeds. Out of the five haplotypes, three are shared (60%). Friesian has more unique haplotypes: four. Understanding the genetic distance of breeds helps to identify their possible origins and future conservation programs. The use of other breeds and other genomic regions can help to better elucidate these characteristics.

Keywords: genetic distance, phylogenetic, polymorphism.

Introdução

As raças de equinos Percheron, Bretão, Friesian e Gypsy são de origens distintas, apesar de pertencerem ao continente europeu e possuírem a mesma aptidão: o trabalho de tração. Essas raças possuem semelhanças fenotípicas, mas desconhece-se sua relação genética. O DNA mitocondrial é uma região indicada para estudos de filogenia de formação de grupos recentes como raças. Esse DNA extranuclear recebe mais mutações do que o DNA nuclear, por estar mais em contato com radicais livres (provenientes do metabolismo da organela). Portanto, maiores diferenças são encontradas no DNA mitocondrial, em especial na região D-loop por não ser codificante. Luís et al. (2006) relataram uma alta variabilidade genética entre as raças de origem ibérica, apresentando maior diversidade genética que as



raças nativas da América do Sul e América do Norte. Sild et al. (2019), estudando raças da região dos Bálcãs, constataram que todos os grupos, exceto a raça *Estonian Heavy Draft*, apresentavam uma maior variabilidade na linha materna quando comparado a raças eurásianas mais distantes. Observa-se também, que os haplogrupos D e A possuem uma alta frequência nas raças equinas presentes na América e Europa, sendo o haplogrupo D representativo para populações ancestrais de cavalos ibéricos (Luís et al., 2006; Csizmár et al. 2018). Além disso, encontraram-se também, semelhanças nas frequências dos haplogrupos entre raças italianas e do Oriente Médio (Bigi et al., 2014). Portanto, pode-se supor que ocorria um intenso intercâmbio de equinos dentro da Europa e para as regiões exploradas por eles através dos canais marítimos. Apesar de alguns estudos de variabilidade genética locais, pouco se sabe sobre variabilidade e distância de raças equinas cosmopolitas. Logo, objetiva-se estudar as raças com aptidão de tração para a região D-loop do DNA mitocondrial, calculando a distância genética que existe entre elas e a configuração da rede de haplótipos formada.

Material e Métodos

Foram coletados pelos de 10 animais de cada raça, Percheron, Bretão e Gypsy, e 11 animais da raça Friesian. Cortou-se, em média, 25 mg, do bulbo folicular e foram armazenados em tubos de microcentrífuga de 1,5 µL. A extração do DNA seguiu o manual do kit de extração comercial *NucleoSpin® Tissue*. Analisou-se um segmento do DNA mitocondrial, que compreende parte da região D-loop, não-codificante e com abundantes polimorfismos. Os *primers* (F: ATCATTTCAGTCAACACGC e R: TTTTGGGGTTTGGCAAGATT) foram utilizados para amplificar sequências parciais da região controle do DNA mitocondrial (D-loop). A PCR foi realizada nas seguintes condições: 9 a 15 ng de DNA, 0,5 µL de cada iniciador, 6,6 µL de *GoTaq Colorless master mix* (Promega) em um volume final de 20 µL. As amplificações começaram com um passo de desnaturação inicial de 94°C durante 5 min, seguido de 35 ciclos de 1 min a 94°C, 54°C durante 1 min, 72°C durante 1 min e uma extensão final de 5 min a 72°C. O amplicon foi submetido à eletroforese em gel de agarose 1,5% e submetido à luz ultravioleta. Os produtos de PCR foram purificados com solução de PEG 20% e sequenciados usando o kit de sequenciamento *BibDyeV3.1* (*Applied Biosystems*, Foster City, CA, EUA) e um sequenciador de DNA ABI 3130 (*Applied Biosystems*), seguindo o manual do fabricante. O sequenciamento foi editado e alinhado no software *BioEdit V 7.0.5*, utilizando o algoritmo *ClustalW Multiple alignment* para edição e alinhamento das sequências nucleotídicas da região analisada. As sequências foram utilizadas nas análises de distâncias genéticas utilizando o MEGA X.

Resultados e Discussão

Fragmentos de DNA alvo foram amplificados por PCR com sucesso no tamanho desejado e eletroferogramas de qualidade foram obtidos em sequenciamento para edição e análises. Após edição das sequências de DNA, o fragmento resultante continha de 428 pares de base. Para distância genética entre as raças, calcula-se um parâmetro cuja variação é de 0 a 1. Quanto mais próximo de 1 é o valor calculado, mais distantes são as populações. Os resultados de distância genética entre as raças foram: Friesian e Percheron (0.016), Friesian e Bretão (0.015), Friesian e Gypsy (0.015), Percheron e Bretão (0.014), Percheron e Gypsy (0.013) e Gypsy e Bretão (0.011). Através desses resultados, gerou-se também uma rede de haplótipos para ser analisada a distribuição dos haplótipos nas raças estudadas. Cada círculo corresponde a um haplótipo, o tamanho é proporcional à frequência, os traços indicam os passos mutacionais entre haplótipos e as cores representam as raças. Para as raças utilizadas foram observados 15 haplótipos, sendo um haplótipo compartilhado entre todas as raças e alguns específicos de determinadas raças. A raça Bretão apresentou cinco haplótipos, sendo três compartilhados, a Friesian apresentou seis haplótipos, sendo dois desses compartilhados, a Gypsy apresentou seis haplótipos, sendo três desses compartilhados e o Percheron quatro haplótipos, sendo dois compartilhados. Os resultados de distância genética das raças, indicaram todas as estimativas próximas de 0, ou seja, são raças próximas geneticamente. Isso é completamente condizente, pois os animais apresentam características morfológicas e funcionais semelhantes.

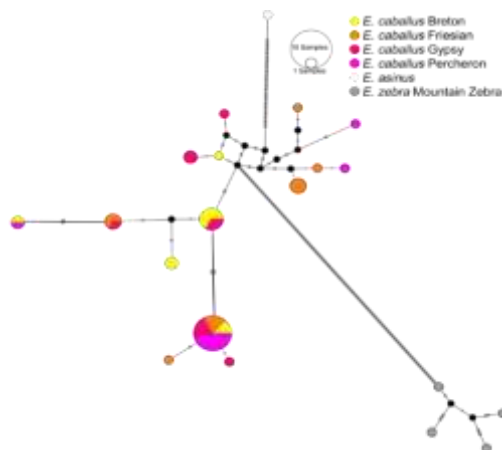


Figura 1- Rede de haplótipos de quatro raças de tração e dois *outgroups* de *E. asinus* e *E. zebra*.

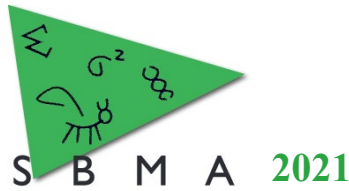
Apesar de todas as raças pertencerem ao continente europeu, elas são de regiões diferentes, e a proximidade genética existente entre elas pode ser devido ao intenso intercâmbio realizado na Europa entre as regiões quando as raças estavam em processo de formação. Ao se analisar a rede de haplótipos, observam-se haplótipos em comum entre as raças (indicando origem materna comum) e haplótipos específicos de raças (Figura 1). Pode-se observar também que a raça Bretão é a que apresenta uma maior porcentagem de haplótipos compartilhados entre as raças estudadas, de cinco haplótipos três são compartilhados (60%). A raça Friesian possui mais haplótipos exclusivos, sendo quatro (Figura 1). Ao associar a quantidade de haplótipos exclusivos e as distâncias genéticas fica evidente que esse é o motivo da raça ser mais distante dos demais grupos genéticos. A rede de haplótipos ajuda a explicar os resultados anteriores de distância genética. Além disso, haplótipos de equinos ancestrais apresentam uma alta frequência entre os equinos de origem europeia (Luís et al., 2006; Csizsár et al. 2018), Esse fato pode estar associado a proximidade genética das raças estudadas. Também, pode-se supor que o haplótipo compartilhado por todas as raças do presente estudo seja um dos haplótipos de equinos ancestrais.

Conclusão

Ressalta-se que esses são os primeiros resultados de distância genética e rede de haplótipos feitos exclusivamente com equinos de raças de tração, ajudando assim, a trilhar a condição genética das raças bem como o seu processo de formação. Também, torna-se interessante estudar a distância genética existente entre as raças formadoras das raças estudadas para melhor entender o tronco de formação dos equinos destinados ao trabalho de tração a fim de se identificar suas possíveis origens e mecanismos de conservação futuros.

Literatura citada

- Bigi, D., Perrotta, G., & Zambonelli, P. 2014. Genetic analysis of seven Italian horse breeds based on mitochondrial DNA D-loop variation. **Animal genetics**, 45(4), 593-595.
- Csizsár, N., Mihók, S., Jávora, A., & Kusza, S. 2018. Genetic analysis of the Hungarian draft horse population using partial mitochondrial DNA D-loop sequencing. **PeerJ**, 6, 1-17.
- Luís, C., Bastos-Silveira, C., Cothran, E. G., & Oom, M. D. M. 2006. Iberian origins of new world horse breeds. **Journal of Heredity**, 97(2), 107-113.
- Sild, E., Värv, S., Kaart, T., Kantanen, J., Popov, R., & Viinalass, H. 2019. Maternal and paternal genetic variation in Estonian local horse breeds in the context of geographically adjacent and distant Eurasian breeds. **Animal genetics**, 50(6), 757-760.



Predição de valores genéticos para displasia coxofemoral em cães da raça Golden Retriever

Luíza Pinto Coelho Ribeiro Jardim¹, Fabiana Michelsen de Andrade^{1*}, Letícia Weber Barbeiro², Thaís Ferreira Machado², Jaime Araújo Cobuci¹

¹Departamento de Zootecnia, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil.

*Autor correspondente: Fabiana.michelsen@hotmail.com

Resumo: Objetivou-se com este estudo estimar parâmetros genéticos e realizar a predição de valores genéticos (EBVs) para a displasia coxofemoral (DCF) em uma amostra de cães da raça Golden Retriever. A amostra consistiu em 362 cães com fenótipos (laudos de raio X) conhecidos, além de seus genitores. A avaliação genética foi realizada por meio de um modelo animal via metodologia das Equações de Modelos Mistos utilizando-se programas da família BLUPF90 (REMLF90). A estimativa de herdabilidade para DCF foi de 0,168. Os valores genéticos foram preditos para 631 exemplares, e variaram de -0,191 a 0,522, dos quais 238 indivíduos apresentaram EBVs positivos, os quais possivelmente contribuem para o aumento da expressão dos fenótipos desfavoráveis na população, no caso, a displasia coxofemoral. Entretanto, 393 reprodutores apresentaram valores genéticos negativos, sendo os indicados como aqueles de melhor escolha para criadores que visam a redução da prevalência da doença na raça. Dessa forma, a predição dos EBVs para os cães pode proporcionar uma seleção mais acurada de reprodutores visando a redução da prevalência da doença ao longo das gerações subsequentes.

Palavras-chave: Bem-estar animal, cinofilia, seleção genética de cães.

Prediction of genetic values for hip dysplasia in Golden Retriever dog breed

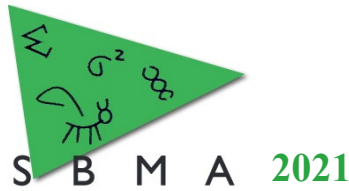
Abstract: The aim of this study was to estimate genetic parameters and to predict genetic values (EBVs) for hip dysplasia (HD), in a sample of Golden Retriever dogs. The sample was composed by 362 dogs with known phenotypes (X-ray scores), together their ancestors. Genetic evaluation was performed through animal model via mixed models equations using software of BLUPF90 family (REMLF90). Heritability estimation for HD was of 0,168. Breeding values were estimated for 631 individuals, and ranged from -0.191 to 0.522, with 238 dogs with values above 0, who possible contribute for the the increase of the unfavorable phenotype expression, in this case the hip dysplasia. By the other side, 393 sires and dams had negative values, thus being the better choice for breeders who seek the decrease of the joint condition in the breed. Therefore, EBVs prediction for dogs can lead to a more accurate animal selection for the aim of prevalence reduction of the disease over the next generations.

Keywords: animal welfare, cynophilia, dog genetic selection

Introdução

A displasia coxofemoral canina (DCF) é uma das doenças ortopédicas não-traumáticas mais comuns em cães de raças de porte grande e gigante. O processo patogênico envolve a instabilidade da articulação coxofemoral, sinovite, progressão anormal da ossificação endocondral e desenvolvimento de osteoartrite, sendo manifestada como mobilidade restrita, dor e claudicação. Acredita-se que a condição tenha origem multifatorial, com influência de fatores genéticos e ambientais de caráter cumulativo ao longo da vida do animal afetado (Merca et al., 2020).

A raça Golden Retriever possui grande popularidade no Brasil, tendo sido a 2ª raça de grande porte mais registrada no ano de 2020. Segundo estatísticas da *Orthopedic Foundation for Animals* (OFA), a prevalência de DCF na raça é de 19,8% com algum grau de displasia (OFA, 2021). Estes dados demonstram a importância da doença como um problema comum que, além de diminuir o bem-estar animal, impacta também financeiramente e emocionalmente proprietários de cães afetados.



No Brasil, a seleção de reprodutores da raça ocorre por meio da avaliação de laudo radiográfico, seguindo a escala da Federação Cinológica Internacional para classificar a articulação com laudos de “A” a “E”, sendo “A” o animal hígido, sem sinais de displasia e “B” com sinais mínimos de displasia. Cães com laudos “C”, “D” e “E” possuem displasia leve, grave e severa, respectivamente. Animais com laudos radiológicos “A” e “B” são liberados para reprodução, enquanto cães com laudos “C” só podem ser acasalados com cães que possuam laudos do tipo “A”. Esse tipo de direcionamento dos acasalamentos, baseado exclusivamente no fenótipo dos reprodutores, têm contribuído para uma diminuição da prevalência da doença, porém não de forma significativa (de Andrade *et al.*, 2020). Um método que vem sendo aplicado em países desenvolvidos é a seleção com base no valor genético predito, comumente conhecido como *estimated breeding value* (EBV) para DCF. Entretanto, esta é uma área inexplorada para populações brasileiras. Desse modo, objetivou-se com o presente trabalho estimar parâmetros genéticos e realizar a predição de EBVs para a displasia coxofemoral em uma amostra de cães da raça Golden Retriever.

Material e Métodos

Dados coletados a partir de 98 cães provenientes de quatro canis brasileiros voluntários foram organizados em planilha *Microsoft Excel*®. A partir das informações do pedigree de cada cão e de seus ascendentes até a quinta geração foi construído um banco de dados com 362 indivíduos, para os quais o fenótipo para displasia esteve disponível, juntamente com seus genitores. Os itens pesquisados foram obtidos a partir do contato com os criadores, *sites* dos canis e de um *site* de registro de cães do grupo Retriever (K9data.com). Os fenótipos de displasia foram convertidos em escores, de 1 (para ausência de displasia, ou laudo “A”) a 3 (para laudo “C”). Na presente amostra, nenhum animal apresentou laudos D ou E.

A avaliação genética foi realizada utilizando um modelo animal via metodologia das Equações de Modelos Mistos, utilizando-se programas da família BLUF90 (REMLF90):

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

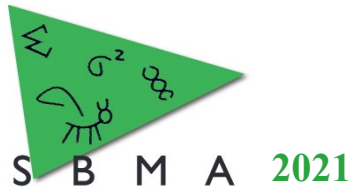
em que y é o vetor de observações para DCF; β , a e e são os vetores de efeitos fixos, efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos e residual, respectivamente; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios. Assumiu-se que $a \sim N(0; A\sigma_a^2)$ com matriz de relacionamento A e a variância genética aditiva σ_a^2 ; e $e \sim N(0; I\sigma_e^2)$ com matriz de identidade I e variância genética residual σ_e^2 . O modelo animal incluiu o ano de nascimento (efeito linear) como covariáveis e sexo e país de nascimento do animal como efeito fixo, além dos efeitos genéticos direto e resíduo como aleatórios.

Resultados e Discussão

As estimativas das variâncias genética e residual foram de 0,0574 e 0,284, respectivamente. O valor de herdabilidade estimado para DCF foi de 0,168. Este valor está dentro da amplitude de variação de valores de herdabilidade estimados para diversas outras raças, conforme revisado por de Andrade *et al.* (2020), e inferior ao valor de 0,30, detectado por Soo *et al.* (2015) em Goldens na Nova Zelândia.

Os valores genéticos variaram entre 0,521 e -0,19. Como a DCF foi codificada com valores de 1 a 3, sendo 3 o pior laudo coxofemoral (raio X “C”) e 1, o laudo de normalidade (raio X “A”), os indivíduos com valor acima de 0 contribuiriam para a piora no fenótipo. Assim, animais com valores positivos seriam reprodutores indesejados para melhoria da DCF. Por outro lado, dentre os indivíduos avaliados, 62,3% (393 exemplares) apresentaram valores negativos, indicando haver boa disponibilidade de reprodutores para uso na seleção (a fim de terem uma reprodução diferenciada) com a meta de redução da prevalência da doença na população em geral.

Como a literatura científica tem demonstrado limitação da seleção por meio do fenótipo dos reprodutores para o melhoramento genético da DCF (Hou *et al.*, 2013; James *et al.*, 2020), estudos que determinem valores genéticos de populações caninas podem ser utilizados para seleção mais acurada dos reprodutores. Assim, ressalta-se que cães com valores positivos, em especial os valores mais distantes de zero, deveriam ser excluídos de programas de reprodução.



Conclusão

Frente à multitude de fatores conhecidos que influenciam no desenvolvimento da DCF, a predição dos EBVs para os cães pode proporcionar uma seleção mais acurada de reprodutores em relação ao uso de laudos de raio X, visando a redução da prevalência da doença ao longo das gerações subsequentes.

Agradecimentos

Os autores agradecem aos criadores participantes do projeto, e ao Instituto Premier Pet e às agências CAPES, FATEC e FAPERGS pela concessão de bolsas de estudo.

Literatura citada

de Andrade, F. M., Ferreira, V. A., Cobuci, J. A. 2020. A influência da genética sobre a displasia coxofemoral canina: uma revisão sobre os métodos de controle e de melhoramento genético. **Brazilian Journal of Animal and Environmental Research**, 3:43(4):3206-3224.

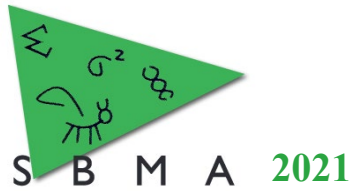
Hou Y., Wang Y., Lu X., Zhang X., Zhao Q., Todhunter R.J. & Zhang Z. 2013. Monitoring Hip and Elbow Dysplasia Achieved Modest Genetic Improvement of 74 Dog Breeds over 40 Years in USA. **PLoS ONE** 8(10): e76390.

James H.K., McDonnell F. & Lewis T.W. 2020. Effectiveness of Canine Hip Dysplasia and Elbow Dysplasia Improvement Programs in Six UK Pedigree Breeds. **Frontiers in Veterinary Science**. 6:490.

Merca R., Bockstahler B., Vezzoni A., Tichy A., Boano S. & Vidoni B. 2020. Canine hip dysplasia screening: Comparison of early evaluation to final grading in 231 dogs with Federation Cynologique Internationale A and B. **PLoS ONE** 15(5): e0233257.

Orthopedic Foundation for Animals. 2021. **Breed statistics**. Columbia. Disponível em: <https://www.ofa.org/diseases/breed-statistics#detail>. Acesso em: 14 de agosto de 2021.

Soo M., Sneddon N.W, Lopez-Villalobos N., Worth A.J. 2015. Genetic evaluation of the total hip score of four populous breeds of dog, as recorded by the New Zealand Veterinary Association Hip Dysplasia Scheme (1991-2011). **New Zealand Veterinary Journal**, 63, 2, 79-85.



Predição de valores genéticos para displasia coxofemoral em caninos da raça Boiadeiro Bernês

Fabiana Michelsen de Andrade^{1*}, Rodrigo Leivas Nunes¹, Giovani Luis Feltes¹, Jaime Araújo Cobuci¹

¹Departamento de Zootecnia da UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

*Autor correspondente: Fabiana.michelsen@hotmail.com

Resumo: A displasia coxofemoral (DCF) é uma doença ortopédica multifatorial com alta prevalência, especialmente em cães de raças grandes. Esse trabalho teve como objetivo comparar o uso de dois tipos de escores do grau de displasia na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos para DCF, em uma população da raça Boiadeiro Bernês. Os escores de DCF foram analisados considerando uma escala binária (presença x ausência) e escores dos fenótipos distribuídos numa escala de 1 a 5 (conforme a classificação original do laudo do raio X). Foi utilizado um banco de dados de 1.124 animais oriundos de 34 países com informações de raio X (rX) coxofemoral, juntamente com informações sobre seus genitores. As análises foram realizadas através de modelo do limiar via metodologia Bayesiana, utilizando os softwares THRGIBBS1F90 e POSTGIBBSF90. O modelo que considerou a DCF com cinco categorias apresentou o melhor ajuste pelo DIC. A estimativa de herdabilidade da DCF obtida para esse modelo foi de 25,2% ($\pm 8,0\%$). Os valores genéticos variaram de a -0,431 a 0,848, indicando boa disponibilidade de cães reprodutores para seleção voltada a melhoria da DCF.

Palavras-chave: bem-estar animal, cinofilia, estatística Bayesiana.

Prediction of genetic values for hip dysplasia in Bernese Mountain Dog breed

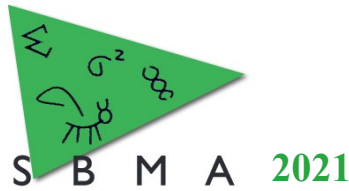
Abstract: Hip dysplasia (HD) is an orthopedic multifactorial disease with high prevalence, especially in big dog breeds. This work had as the aim the comparison of different ways of HD evaluation for prediction models of genetic values, in a sample of Bernese Mountain Dog breed. It was used a database with 1,124 animals with hip X-ray (X-r) information, born in 34 countries, together with their parents. HD was analyzed through two ways: first as binary variable (presence vs absence), and second as a phenotype with five categories, according to X-r result. Analyses were done through threshold model with Bayesian methodology, using THRGIBBS1F90 and POSTGIBBSF90 software's. The five categories HD variable corresponding to X-r results yielded the best model, in which the heritability value for HD was 25,2% ($\pm 8,0\%$). Genetic values ranged from -0,4306 to 0,848, indicating a good animal availability for selection driven to HD improvement.

Keywords: animal welfare, cynophilia, Bayesian statistic.

Introdução

A displasia coxofemoral é uma enfermidade ortopédica de etiologia multifatorial, com alta prevalência em diversas raças. No Boiadeiro Bernês, estatísticas norte americanas demonstram que 16,4% possuem o diagnóstico radiológico da doença (OFA, 2021), podendo chegar à claudicação, dor e diminuição da qualidade de vida (Merca et al., 2020). Ao longo das últimas décadas, a seleção de reprodutores vem sendo feita exclusivamente com base no fenótipo do rX coxofemoral, prática que não tem sido satisfatória para a diminuição significativa da prevalência.

Na literatura internacional, diversos grupos de pesquisadores têm publicado dados de predições de valores genéticos para displasia coxofemoral, e em alguns países estes dados já estão sendo utilizados para a seleção de reprodutores e direcionamento de acasalamentos. No Brasil, um único trabalho foi publicado neste sentido para a raça Pastor Alemão por Babá et al. (2019).



Desta forma, o objetivo do presente trabalho é o de comparar diferentes maneiras de expressar e analisar o fenótipo da doença utilizando modelo de limiar para a predição de valores genéticos para DCF, utilizando análise bayesiana, em uma população da raça Boiadeiro Bernês.

Material e Métodos

Foram obtidos dados de 196 cães nascidos no Brasil, de 14 diferentes canis. Dados de pedigree de cinco gerações de cada cão foram cadastrados, juntamente com seus fenótipos (laudo de rX), originando um banco de dados com informações de 1.124 animais e seus genitores, oriundos de 34 países. Os registros de rX dos atuais reprodutores foram coletados diretamente com os criadores do Clube Brasileiro do Boiadeiro Bernês. Além disto, é comum nesta raça a divulgação de informações de pedigree e do rX (laudo indicando o grau de displasia) em banco de dados online de acesso público, o que possibilitou a presente investigação. Do total de animais, 832 apresentaram laudo A; 234 animais apresentaram laudo B; 46 laudo C; 10 laudo D e somente 2 animais apresentaram laudo E. Estas classificações foram transformadas em escores de 1 (para laudo A) a 5 (para laudo E) (denominada de DCF2) ou em escores de 0 (ausência de DCF, representado por laudo A) a 1 (presença de DCF, representado por laudos de B a E) de displasia, caracterizando o formato binário (denominado de DCF1).

Os valores genéticos (ou EBVs – *estimated breeding values*) foram preditos através de um modelo animal limiar via metodologia Bayesiana por meio do uso do *software* THRGIBBS1F90. Para ambos os tipos escalas de escores os modelos incluíram efeitos aleatórios (aditivo de animal e resíduo) e fixos (sexo do animal, país de nascimento, e ano de nascimento, como covariável com termo linear). Um total de 700 mil ciclos foram gerados no amostrador Gibbs, considerando um período de *burn-in* de 300 mil ciclos (ou iterações) e um intervalo de amostragem a cada 50 ciclos. As médias posteriores de EBVs para DCF foram obtidas através do *software* POSTGIBBSF90 utilizando as 7.980 amostras geradas pelo THRGIBBS1F90. O diagnóstico de convergência foi realizado a partir do teste de intervalo de Halfwidth e do critério de Raftery and Lewis, ambos gerados pelo pacote BOA do *software* R. A qualidade do ajuste dos modelos foi avaliada pelo teste *Deviance Information Criterion* (DIC).

Resultados e Discussão

De acordo com os valores de DIC o modelo que apresentou a melhor qualidade de ajuste foi aquele no qual a característica DCF foi analisada contendo escores distribuídos em cinco categorias (ou seja, DCF2) (Tabela 1). O valor da média posterior para herdabilidade para DCF2 foi de 25,2% ($\pm 8,0\%$), o que está dentro da variação já determinada em outras raças (Oberbauer et al., 2017) e inferior aos valores de 42% e 31% estimados para a raça em populações da Suécia (Malm et al., 2008) e da Holanda (Lavrijsen et al., 2014), respectivamente. Ainda que nossos valores sejam ligeiramente inferiores, indicam considerável influência genética sobre a DCF. Portanto, a utilização de valores genéticos para DCF2 como ferramenta de seleção de reprodutores na população nacional constitui uma excelente alternativa.

Tabela 1 – Estimativas dos componentes de variância e herdabilidade obtidas para duas maneiras de expressar os fenótipos da displasia coxofemoral em cães.

	DCF1	DCF2
σ^a	0,4538 (0,1745)	0,2156 (0,0757)
σ^c	1,0071 (0,0606)	0,6376 (0,1063)
h^2	0,30 (0,08)	0,25 (0,08)
3º limiar	-	1,2933 (0,2044)
4º limiar	-	1,7773 (0,3778)
DIC	-582,66	-3.427,73

DCF1, fenótipo formado por escore binário (ausência de displasia x presença de qualquer grau de displasia); DCF2, fenótipo formado por escore de 1 a 5, correspondente as cinco classificações originais dos laudos coxofemorais. σ^a = variância genética aditiva. h^2 =herdabilidade; DIC = *Deviance Information Criterion* (valor menor indica o melhor modelo).

Os valores genéticos para DCF2 variaram de -0,4306 a 0,848, sendo que 707 cães (40,75%) apresentaram valores acima de zero. Ressalta-se que valores positivos indicam que esses animais não são adequados para serem utilizados como reprodutores, pois valores maiores estão relacionados aos laudos

com piores graus de DCF. Por outro lado, 1.028 cães apresentaram valores genéticos negativos, indicando serem bons reprodutores para o objetivo de diminuição de prevalência da DCF na população.

Diante da amplitude dos EBVs dos cães (Figura 1) foi possível verificar ainda a relação entre valor genético predito e fenótipo mensurado, demonstrando como o possível uso dos valores genéticos pelos criadores em detrimento do fenótipo (laudo do rX), possui maior poder de diferenciação entre melhores e piores reprodutores para DCF (Figura 2).

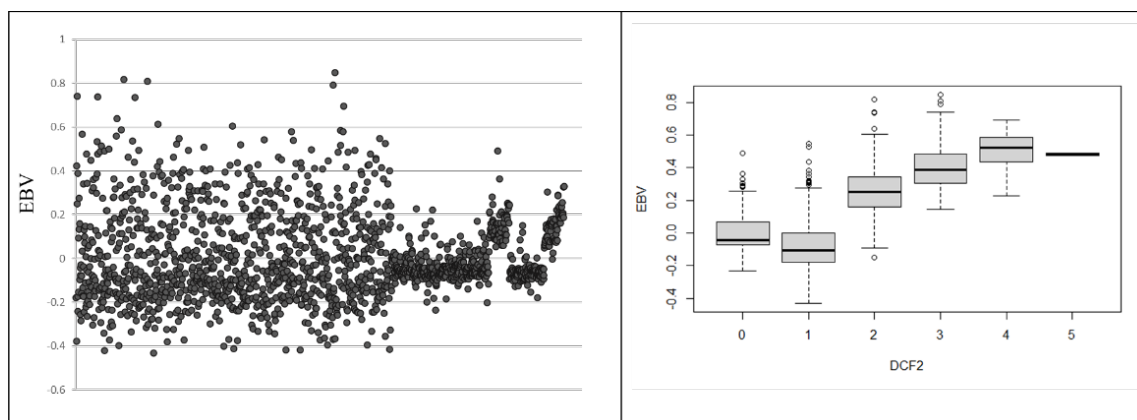


Figura 1. Distribuição dos valores genéticos (EBVs) para DCF2

Figura 2. Relação entre valor genético (EBVs) e fenótipos para DCF2. (“0” = fenótipo desconhecido)

Conclusão

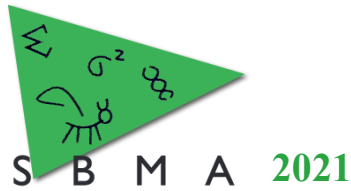
O moderado valor de herdabilidade estimado para DCF em conjunto com a boa variabilidade observada nos valores genéticos dos cães permitem inferir que a seleção de cães reprodutores apresenta uma alternativa em potencial para o melhoramento genético da doença na raça considerando as condições brasileiras de criação.

Agradecimentos

Os autores agradecem o Clube Brasileiro do Boiadeiro Bernês e seus criadores por disponibilizar dos dados e, a CAPES e ao CNPq, pela concessão de bolsas de estudo.

Literatura citada

- Babá A.Y., de Oliveira C.A.L., Yoshida G.M., Costa M.T.C., Ribeiro L.B. & Vasconcellos R.S. 2019. Heritability of hip dysplasia: Preliminary results for German Shepherd dogs in Brazil. **Preventive Veterinary Medicine**, 171: 104745.
- Lavrijsen I.C.M., Heuven H.C.M., Meij B.P., Theyse L.F.H., Nap R.C., Leegwater P.A.J. & Hazewinkel H.A.W. 2014. Prevalence and co-occurrence of hip dysplasia and elbow dysplasia in Dutch pure-bred dogs. **Preventive Veterinary Medicine**, 114, 114– 22.
- Malm S., Fikse W.F., Danell B. & Strandberg E. 2008. Genetic variation and genetic trends in hip and elbow dysplasia in Swedish Rottweiler and Bernese Mountain Dog. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 124 (6):403–412.
- Merca R., Bockstahler B., Vezzoni A., Tichy A., Boano S. & Vidoni B. 2020. Canine hip dysplasia screening: Comparison of early evaluation to final grading in 231 dogs with Federation Cynologique Internationale A and B. **PLoS ONE** 15(5): e0233257.
- Oberbauer A.M., Keller G.G. & T. R. Famula. 2017. Long-term genetic selection reduced prevalence of hip and elbow dysplasia in 60 dog breeds. **PLoS ONE**, 12(2):e0172918.
- OFA 2019. - **Orthopedic Foundation for Animals (Statistics by Breed)**. Disponível em <https://www.ofa.org/diseases/breed-statistics/> Acesso em 05 de dez. de 2019.



Análise comparativa entre ssGWAS e WssGWAS para produção de leite em uma população de búfalas leiteiras da raça Murrah

Diego Ortunio Rosa Gobo*¹, Pamela Itajara Otto², Willian Bruno Fernandes de Andrade¹, Baltasar Fernandes Garcia Neto¹, Sirlene Fernandes Lázaro¹, Humberto Tonhati¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil.

*Autor correspondente: *diegoorgobo@gmail.com*

Resumo: Objetivou-se com este estudo avaliar a diferença entre as análises ssGWAS e WssGWAS para a característica de produção de leite até 305 dias em búfalas leiteiras. As análises foram conduzidas com dados do programa de controle leiteiro, coordenado pelo Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual Paulista, campus de Jaboticabal, São Paulo, por meio de um modelo animal unicaracterística. O percentual de variância genética aditiva explicada pelas top 10 janelas selecionadas foi de 0,45 e 7,84% para ssGWAS e WssGWAS, respectivamente. Comparando as janelas selecionadas, 2 SNPs (AX-85096998 e AX-85048987) foram identificados em ambas as análises. Os resultados indicam que a metodologia WssGWAS permite melhor visualização da variância explicada e a identificação dos SNP associados à característica de produção de leite até os 305 dias em búfalas leiteiras da raça Murrah.

Palavras-chave: búfalas, genômica, ssGWAS, WssGWAS.

Comparative analysis between ssGWAS and WssGWAS for milk production in a Murrah dairy buffalo population

Abstract: The aim of this study was to evaluate the difference between the ssGWAS and WssGWAS analyzes for the characteristic of milk production up to 305 days in dairy buffaloes. The analyzes were performed with data from the dairy control program, coordinated by the Animal Science Department of Universidade Estadual Paulista, campus de Jaboticabal, São Paulo, using an animal single-trait model. The percentage of genetic variance explained by top 10 selected windows were 0.45 and 7.84% for ssGWAS and WssGWAS, respectively. Comparing the selected windows, 2 SNPs (AX-85096998 and AX-85048987) were identified in both analyses. The results indicate that the WssGWAS methodology allows better visualization of the explained variance and the identification of SNPs associated with the milk production trait in Murrah dairy buffaloes.

Keywords: buffaloes, genomics, ssGWAS, WssGWASs.

Introdução

Dentre os principais leites produzidos no mundo, o leite de búfala se encontra em segundo lugar em produção, representando 12,5% de toda a produção de leite mundial. Além da grande fama de seus derivados, como por exemplo a mozzarella, o leite de búfala se destaca em qualidade, como seu baixo teor de células somáticas, pela maior rusticidade do rebanho e resistência a mastite, alto teor de proteína (entre 3,7 e 5,9%) e de gordura (6,0 – 8,6%) (ABCB, 2019). Com o aumento da demanda do leite de búfala e seus derivados, a bubalinocultura no Brasil vem se desenvolvendo cada vez mais, com um aumento no rebanho de 2013 a 2021 de aproximadamente 8%, passando de 1.330 para 1.434 milhão de cabeças (MAPA, 2021).

Dada sua importância econômica, torna-se primordial o aprimoramento e compreensão da arquitetura genética das populações de bubalinos, para uma adequada utilização das ferramentas provenientes dos programas de melhoramento genético animal, buscando atingir resultados superiores de desempenho e produção. Avanços na biologia molecular e bioinformática possibilitaram a incorporação de marcadores moleculares em diversas ferramentas, como a seleção genômica, estudos de associação genômica ampla (GWAS), testes de paternidade, entre outros. Dentre estas, diversas metodologias para GWAS foram propostas ao longo dos anos, permitindo a identificação de regiões no genoma associados às características de interesse econômico. Desta forma, objetivou-se com este estudo avaliar a diferença entre as análises de *single-step genome-wide association study* (ssGWAS) e *Weighted single-step genome-*

wide association study (WssGWAS), para a característica de produção de leite até 305 dias (PL305) em búfalas leiteiras.

Material e Métodos

Os dados fenotípicos utilizados são provenientes de 12 rebanhos brasileiros de búfalos leiteiros da raça Murrah, localizados nos estados do Ceará, Rio Grande do Norte e São Paulo, participantes do programa de controle leiteiro, coordenado pelo Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual Paulista, campus de Jaboticabal, São Paulo. O banco de dados conta com 10.159 registros de produção de leite até 305 dias, de 4.544 búfalas. Os indivíduos foram separados em grupos contemporâneos com base no rebanho, ano e estação de parto. Após a eliminação de marcadores com *call rate* < 95%, frequência do menor alelo (MAF) < 3% e desvios significativos ($p < 10^{-6}$) do equilíbrio de Hardy-Weinberg, o banco de dados genotípico totalizou registros de 950 animais genotipados para 45.690 marcadores. O pedigree conta com a informação de 93.673 animais: 27.388 touros, 66.253 matrizes.

As análises de ssGWAS e WssGWAS, foram realizadas utilizando os programas da família BLUPF90 (Miszta et al., 2002) com o seguinte modelo:

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

em que y é o vetor de observações (PL305); β é o vetor de efeitos fixos (grupo contemporâneo, estação de parto e composição racial) e covariáveis (idade ao parto, efeito linear e quadrático); a é o vetor de efeitos genéticos aditivos aleatórios; p é o vetor de efeitos ambientais permanentes; e é o vetor de efeitos residuais; e X , Z e W são as matrizes de incidência de β , a e p , respectivamente.

Para mapear os marcadores que explicam as diferenças genéticas, a variância genética aditiva explicada foi estimada em janelas de 1 SNP, usando o programa PostGSf90. Para realizar as iterações no WssGWAS, os GEBV foram convertidos para efeitos dos SNPs e normalizado para manter a variância genética constante e então, recalculados os GEBVs duas vezes, atualizando a cada iteração os efeitos dos SNPs, recalculando e atualizando-os para a próxima etapa.

Resultados e Discussão

Para comparação das duas metodologias testadas, foram selecionadas as top 10 janelas com maior variância genética explicada (VGE) de cada análise (Tabela 1). O percentual de VGE por todas as janelas selecionadas foi de 0,45% e 7,84% para ssGWAS e WssGWAS, respectivamente. Comparando as janelas selecionadas, 2 SNPs (AX-85096998 e AX-85048987) foram identificados em ambas as análises.

Quando comparamos os manhattan plots (Figura 1), podemos observar uma grande alteração no padrão de distribuição das janelas de SNP. Isso se dá pela ponderação das variâncias de cada SNP, como reavaliamos as variâncias 2 vezes, ponderamos as mesmas duas vezes, permitindo uma melhor diferenciação dos marcadores mais expressivos para esta característica (Tabela 1), e, conseqüentemente, reduzir a variância dos SNPs de baixa variância. Resultados semelhantes foram encontrados por Marques et al. (2018), onde os autores mencionam que para populações menores, a utilização da metodologia WssGWAS permite calcular com maior precisão as estimativas dos SNPs, tendo melhor performance que as análises de ssGWAS. Por outro lado, Guarini et al. (2019) concluíram que há uma maior confiabilidade no uso da análise de uma única etapa, além de descrever que os ganhos genéticos utilizando a genômica é de longo prazo, sendo necessário uma aplicação contínua da seleção genômica.

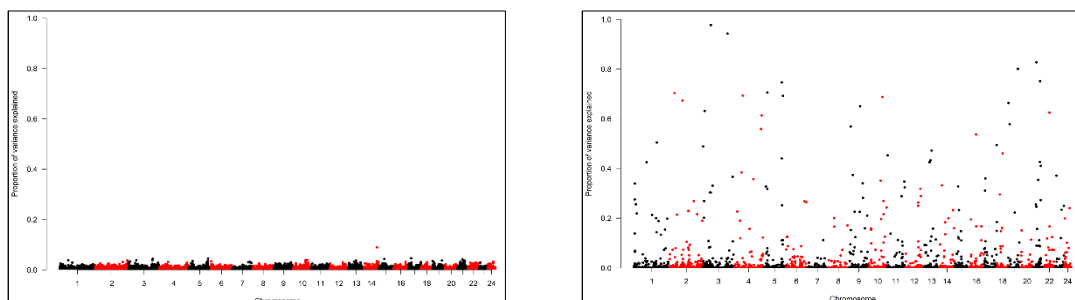


Figura 1. Manhattan plot da variância genética aditiva explicada por janelas de 1 SNP em uma população de búfalas avaliada para produção de leite.

Tabela 1. Top 10 janelas de 1 SNP com maior porcentagem de variância genética aditiva explicada (%) para a produção de leite até os 305 dias em búfalas, utilizando-se o ssGWAS (Interação 1) e WssGWAS (Interação 3).

Janelas	Interação 1				Interação 3			
	Chr	Pos	SNP	Var Exp	Chr	Pos	SNP	Var Exp
1	14	72293891	AX-85083505	0.089	3	44174567	AX-85078541	0.976
2	17	17883840	AX-85063206	0.046	3	137421200	AX-85048987	0.942
3	5	111492204	AX-85096998	0.045	21	17866055	AX-85073017	0.827
4	3	137421200	AX-85048987	0.043	19	53509338	AX-85078108	0.800
5	15	31709859	AX-85065722	0.043	21	38539919	AX-85082231	0.751
6	21	28566280	AX-85056361	0.040	5	104208858	AX-85097539	0.746
7	10	71098677	AX-85063775	0.039	5	22949030	AX-85053372	0.705
8	10	79648408	AX-85109852	0.038	2	28324859	AX-85062469	0.703
9	1	48980402	AX-85121819	0.038	4	49466799	AX-85117026	0.693
10	3	135339271	AX-85111536	0.038	5	111492204	AX-85096998	0.692

Chr = Cromossomo; Pos = posição em pares de base; SNP = Nome do SNP; Var Exp = porcentagem de variância genética aditiva explicada.

Conclusão

Os resultados obtidos neste estudo indicam que a metodologia WssGWAS permite melhor visualização da variância explicada e a identificação dos SNP associados à característica de produção de leite até os 305 dias em búfalas leiteiras da raça Murrah.

Agradecimentos

Agradecemos às fazendas que forneceram os dados. Agradecemos à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), ao Ministério da Ciência Tecnologia e Inovação (MCTI) e ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Ciência Animal (INCT-CA) pelo apoio financeiro.

Literatura citada

- ABCB. Boletim do Búfalo - Associação Brasileira de Criadores de Búfalos. [S. l.], 2019. Disponível em: <https://www.bufalo.com.br/home/wp-content/uploads/2021/01/boletim-bufalo-2019-no1.pdf>. Acesso at: 11 Aug. 2021.
- GUARINI, A. R. et al. Genetics and genomics of reproductive disorders in Canadian Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, [s. l.], v. 102, n. 2, p. 1341–1353, 2019.
- MAPA. Rebanho Nacional de Bovinos e Bubalinos. [S. l.], 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/saude-animal-e-vegetal/saude-animal/programas-de-saude-animal/febre-aftosa/educacao-e-comunicacao-febre-aftosa/material-de-divulgacao/rebanho-nacional-de-bovinos-e-bubalinos>. Acesso at: 11 Aug. 2021.
- MARQUES, Daniele B.D. et al. Weighted single-step GWAS and gene network analysis reveal new candidate genes for semen traits in pigs. *Genetics Selection Evolution*, [s. l.], v. 50, n. 1, 2018.



Quais espécies domésticas produzem leite A2? Uma análise *in silico*

Louise Sarmento Martins de Oliveira¹, Jackeline Santos Alves¹, Marisa Silva Bastos¹, Maria Luiza Bertani¹, Raphael Bermal Costa¹, Gregório Miguel Ferreira de Camargo^{1*}

¹Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

*Autor correspondente: louise.sarmiento@ufba.br

Resumo: O leite A2, assim chamado devido a presença da beta caseína do tipo A2 na sua composição, se diferencia do leite A1 por apenas uma mutação do tipo SNP no gene da proteína e é produzido por bovinos de genótipo A2A2 e por bubalinos. Entretanto, pouco se sabe sobre os genótipos de outras espécies domésticas leiteiras. Esse trabalho teve como objetivo analisar a região do gene da beta caseína de animais domésticos para avaliar a presença do SNP responsável pela expressão do fenótipo A2. Foram utilizadas sequências de DNA e mRNA de animais de raças puras, obtidas no banco de dados NCBI, sendo essas pertencentes a 877 caprinos de 9 raças, 216 ovinos de 3 raças, 297 cavalos de 12 raças + a subespécie *E. prewalski*, 2 asininos, 185 camelídeos de 3 espécies, 2 lhamas, 2 alpacas e 77 yaks. O *software* utilizado para investigação das sequências foi o *CodonCode Aligner*. Todas as sequências obtidas foram alinhadas e detectou-se que todos os animais analisados possuíam exclusivamente o alelo A2. Pelo número de animais genotipados da espécie caprina, conclui-se que essa espécie produza leite A2 naturalmente. Esse fato é útil para produtores e laticínios agregarem valor aos produtos lácteos.

Palavras-chave: alelo A1, caprinos, espécies leiteiras, SNP

Which domestic species produce A2 milk? An *in silico* analysis

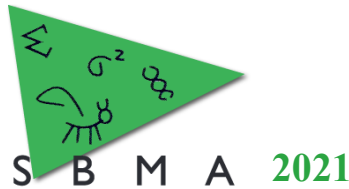
Abstract: The A2 milk, named after the type A2 beta casein protein present in its composition, differs from A1 milk only by one SNP mutation in protein gene, it is produced by A2A2 bovines and by all buffaloes, however, little is known about other domestic dairy species genotypes. The aim of this study is to evaluate the SNP presence responsible for A2 phenotype in beta casein gene. DNA and mRNA sequences of purebred animals from NCBI database were used, which belong to 877 goats of 9 breeds, 216 sheep of 3 breeds, 297 horses of 12 breeds (plus the subspecies *E. prewalski*), 2 donkeys, 185 camelids of 3 species, 2 llamas, 2 alpacas and 77 yaks. The CodonCode Aligner software was used to investigate those sequences. The results indicated that all sequences were aligned, and all animals had A2 allele only. Based on the number of genotyped goats, it is concluded that this species produces A2 milk naturally. This fact is useful for producers and dairy products to add value to dairy products since this type of milk is known for its hypoallergenic properties.

Keywords: A1 allele, goats, dairy species, SNP

Introdução

O leite A2 tem se tornado popular como objeto de estudo em diversas áreas do conhecimento graças às propriedades nutracêuticas observadas. Ele é assim chamado devido à presença da proteína beta caseína do tipo A2, que por sua vez é expressa pelo gene *CSN2*. Em bovinos, esse gene possui dois alelos majoritários: o A1 e o A2. A diferença entre os alelos é apenas uma mutação do tipo SNP encontrado no éxon 7. No primeiro alelo existe uma adenina (A1) enquanto no segundo existe uma citosina (A2). Essa mutação não sinônima causa uma alteração de aminoácido na posição 67 da cadeia proteica, de histidina (A1) para prolina (A2) (Caroli *et al*, 2009).

Esta modificação de estrutura traz consequências na absorção dos nutrientes para aqueles que consomem. A beta caseína A1, após digestão, se degrada em um peptídeo bioativo chamado betacasomorfina-7, com propriedades opioides que provocam desconfortos gastrointestinais semelhantes à intolerância à lactose em pessoas susceptíveis. Este fenômeno não foi observado na presença da beta caseína A2 (Jianqin *et al*, 2016; Mei *et al*, 2017).



Sabe-se que as frequências desses alelos variam entre as raças de bovinos, sendo os zebuínos aqueles com maiores frequências de A2. Também já é conhecido que a espécie bubalina possui apenas o alelo A2 em sua composição genética (Oliveira *et al.*, 2021), porém, pouco se sabe acerca das outras espécies domésticas. Essa é uma questão recorrente entre os produtores leiteiros visto que é uma forma de agregar valor aos produtos para conquistar no novo nicho de mercado, além de orientar possíveis estratégias de seleção futuras. O objetivo desse trabalho foi avaliar a região do gene da beta caseína que abriga o SNP responsável pela mutação em espécies domésticas leiteiras.

Material e Métodos

Para a realização desse estudo foram utilizadas sequências de DNA e mRNA de animais de produção obtidas no banco de dados do NCBI e foram considerados apenas aqueles definidos como raça pura. Foram analisados 877 caprinos de 9 raças, 216 ovinos de 3 raças, 297 cavalos de 12 raças + a subespécie *E. przewalski*, 2 asininos, 185 camélídeos de 3 espécies, 2 lhamas, 2 alpacas e 77 yaks. Para esse estudo também foram utilizadas sequências de outros mamíferos selvagens e de humanos para dar suporte à hipótese do leite A2 ser a prevalente entre espécies e a mutação apenas ocorrer em bovinos (Formaggioni, 1994).

O *software* utilizado para organização e alinhamento das sequências foi o *CodonCode Aligner* e, observou-se que todos os animais possuem o nucleotídeo, a citosina, que por sua vez é traduzida para o aminoácido prolina na posição 67 da cadeia proteica, caracterizando o alelo beta caseína presente como A2.

Resultados e Discussão

Todas as sequências utilizadas nesse estudo foram alinhadas e os mesmos resultados foram obtidos em relação à presença exclusiva do alelo A2. Diante do observado, é possível afirmar que existem fortes evidências sobre a mutação que dá origem ao leite A1 apenas existir em bovinos. Tendo em vista a quantidade utilizada de caprinos nesse estudo, é possível atestar que a espécie produza leite A2 naturalmente como bubalinos. Para as outras espécies, seria interessante a realização de estudos com maior quantidade de animais para realizarmos tal afirmação. Aumentar número de animais genotipados e depositar sequências em bancos de DNA são fundamentais para definição de estratégias de produção.

Conclusão

O gene da beta caseína se mostrou bastante conservado entre as espécies. Existem fortes evidências que as espécies domésticas não bovinas carregam apenas o alelo A2. Os dados reportados para caprinos confirmam que a espécie produz naturalmente leite A2 pela exclusividade da presença do alelo causador. Estratégias de valorização de produtos lácteos da espécie podem ser lançadas.

Agradecimentos

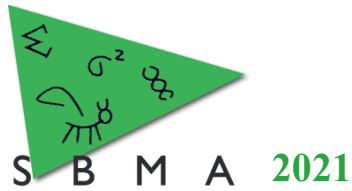
Agradecemos à "Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (Fapesb)" pela concessão da bolsa de pesquisa que permitiu a realização desse estudo.

Literatura citada

Caroli A. M., Chessa S., Erhardt G. J. 2009. Invited review: milk protein polymorphisms in cattle: effect on animal breeding and human nutrition. **Journal of Dairy Science**, 92(11), 5335–5352.

Formaggioni, P., Summer, A., Malacarne, M. and Mariani, P., 1999. Invited review: Milk protein polymorphism: detection and diffusion of the genetic variants in Bos genus. *Annali della Facoltà di Medicina Veterinaria Università di Parma* 19, 127-165.

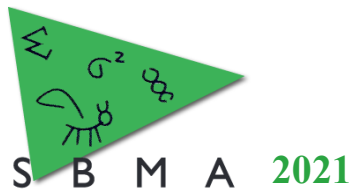
Jianqin S, Leiming X, Yelland GW, Ni J, Clarke JA. Effects of milk containing only A2 beta casein versus milk containing both A1 and A2 beta casein proteins on gastrointestinal physiology, symptoms of discomfort, and cognitive behavior of people with self-reported intolerance to traditional cows' milk. 2016. **Nutrition Journal**, 15(35),1–16.



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil -18 a 19 de Outubro de 2021

Mei H., Sun J., Jiang Z. Q., Yang Y. X. 2017. Effects of cow's milk beta-casein variants on symptoms of milk intolerance in Chinese adults: a multicentre, randomised controlled study. **Nutrition Journal**, 16(1),1-12.

Oliveira L. S. M., Alves J. S., Bastos M. S., Cruz V. A. R., Pinto L. F. B., Tonhati H., Costa R. B., Camargo G. M. F. Water buffaloes (*Bubalus bubalis*) only have A2A2 genotype for beta-casein. 2021. **Tropical Animal Health and Production**, 53(1), 145.



Ganhos genéticos esperados e realizados para peso corporal em *escargots* (*Cornu aspersum maximum*)

Thamires Aparecida Leôncio¹, Rui Macieira Figueiredo Silva¹, Felipe André Oliveira Freitas², Matheus Aparecido Salviano Lourenço¹, Claudiana de Fátima Miranda¹, Iris Assis Aganete³, Arícia Zanetti Reis⁴, Fernanda Larissa César Santos⁴, Kelvin Rodrigues Kelles¹, Leila de Genova Gaya^{1*}

¹Universidade Federal de São João del-Rei, São João del-Rei, MG, Brasil.

²Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brasil.

³Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil.

⁴Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil

*Autor correspondente: genova@ufsj.edu.br

Resumo: Objetivou-se avaliar os ganhos genéticos esperados e realizados para peso corporal aos 60, 90 e 120 dias de idade, em duas gerações de seleção de uma população de *escargots* da subespécie *Cornu aspersum maximum*, sob seleção fenotípica em confinamento total. Os ganhos genéticos esperados foram calculados por meio da equação do progresso genético e os ganhos realizados pela diferença entre a média fenotípica da população dos pais selecionados e a média fenotípica das progênes. Para ambas as gerações de seleção, os ganhos realizados estiveram abaixo dos ganhos esperados para as três características. A partir dos valores de ganho genético esperado e observado para os pesos corporais aos 60, 90 e 120 dias de idade, conclui-se que o protocolo de seleção foi eficiente para proporcionar ganhos genéticos aos 120 dias de idade em ambas as gerações de seleção. A permanência do protocolo de seleção fenotípica aplicado na população é indicada, desde que continue sendo avaliado o progresso genético ao longo das gerações.

Palavras-chave: caracóis, *gros gris*, helicicultura, melhoramento genético animal, progresso genético.

Expected and observed genetic gains for body weight in *escargots* (*Cornu aspersum maximum*)

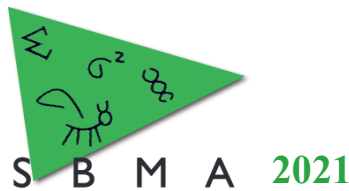
Abstract: The aim was to evaluate the expected and observed genetic gains for body weight at 60, 90 and 120 days of age, in two generations of selection of a *Cornu aspersum maximum escargots* population, under phenotypic selection and total confinement. Expected genetic gains were calculated using the genetic progress equation and the gains were realized by the difference between the phenotypic mean of the population of selected parents and the phenotypic mean of the progenies. For both generations of selection, the gains realized were below the expected gains for the three traits. The selection protocol was efficient to provide genetic gains at 120 days of age in both generations of selection, in view of the values of expected and observed genetic gains for body weight at 60, 90, and 120 days of age. The permanence of the phenotypic selection protocol applied to the population is indicated, as long as the genetic progress over generations keep being evaluated.

Keywords: animal breeding, genetic progress, *gros gris*, heliciculture, snails.

Introdução

A helicicultura consiste na cultura de caracóis (*escargots*), dentre os mais comuns, a subespécie *Cornu aspersum maximum*, para a qual o conhecimento sobre aspectos zootécnicos é escasso. As criações comerciais normalmente praticam a seleção empírica das matrizes, de acordo com o tamanho dos animais e a conformação da concha (Guidolin & Ferrari, 2013; Nicolai & Ansart, 2017).

Para que a helicicultura se torne mais viável, é essencial a infusão de tecnologias, uma vez que a eficiência da atividade desta subespécie ainda é baixa, além do fato de serem animais muito suscetíveis a alterações do meio (Duyar et al., 2018). Assim, usar a seleção fenotípica a favor dos objetivos da atividade, baseando-se na escolha dos indivíduos superiores à sua população, pode ocasionar o aumento da média da característica desejada, devido à frequência dos genes favoráveis ser potencializada (Eler, 2017). O ganho genético consiste na diferença observada entre a média da população dos descendentes e a dos pais selecionados, após a condução da seleção. Por sua vez, torna-se uma ferramenta para orientar o produtor quanto à elaboração e utilização dos protocolos de seleção (Eler, 2017).



Buscando-se orientar a realização de ajustes nos protocolos de manejo e seleção para peso corporal na população, objetivou-se avaliar os ganhos genéticos realizado e esperado para peso corporal aos 60, 90 e 120 dias de idade, em duas gerações de uma população de *escargots* da subespécie *Cornu aspersum maximum*, mantidos em confinamento total sob seleção fenotípica para peso corporal aos 60 dias de idade.

Material e Métodos

Os dados foram coletados no Laboratório de Ensino e Pesquisa em Helicicultura do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de São João del-Rei, em São João del-Rei, MG, entre 2018 e 2019, onde era mantida uma população da subespécie *Cornu aspersum maximum* sob sistema de criação de confinamento total. Os animais dispunham de ciclo de luz natural, controle de densidade, sistema de umidificação e oferta de volumoso (folhas de *Sechium edule*), além de oferta de água e ração balanceada à vontade. Entre 2018 e 2019, o protocolo de manejo dos caracóis sofreu ajustes quanto à densidade de criação, limitando-se o número de caracóis juvenis por caixa, visando-se, com isso, uniformização das condições ambientais de criação. Nesse período deu-se início, também, à manipulação dos ovos (contagem, pesagem e incubação artificial), para futuros estudos envolvendo o desempenho reprodutivo da população.

A seleção fenotípica era aplicada sobre os animais aos 60 dias de idade, quando eram identificados individualmente, utilizando-se como critérios maiores pesos corporais e melhores conformações de concha, sendo alocados, após pesagem e seleção, em uma caixa de polipropileno com animais de outras duas ninhadas de animais selecionados, provenientes de mães diferentes. As características avaliadas foram peso corporal individual dos *escargots* aos 60, 90 e 120 dias de idade, em gramas (P60, P90 e P120, respectivamente), sendo utilizadas, após o descarte de dados inconsistentes, duas gerações de seleção. A característica P120 corresponde à pesagem à idade de abate dos animais, para fins de comercialização.

O ganho genético esperado foi calculado a partir da equação do progresso genético, dada por: $\Delta G = (\sigma_p \cdot i \cdot h^2) / L$, em que: ΔG = ganho genético por geração de seleção; σ_p = desvio padrão fenotípico; i = intensidade de seleção; h^2 = herdabilidade; L = intervalo de gerações (Eler, 2017). As frações selecionadas aplicadas foram de 40% a cada geração de seleção, o que corresponde a 0,97 de intensidade de seleção. As herdabilidades foram previamente estimadas sob modelo animal e método de máxima verossimilhança restrita, assumindo-se paternidade desconhecida, com uma matriz de parentesco contendo 3199 indivíduos. O intervalo de gerações foi calculado por meio da diferença entre as datas de nascimento das matrizes em reprodução e as datas de nascimento das suas progênes, em dias. O ganho genético realizado foi calculado pela diferença entre a média fenotípica da população dos pais selecionados e a média fenotípica das progênes, para cada uma das variáveis de peso corporal, por geração de seleção.

Resultados e Discussão

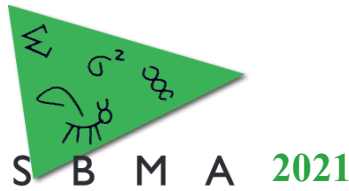
As herdabilidades estimadas para P60, P90 e P120 na população foram de moderadas a altas (0,43; 0,59 e 0,75, respectivamente). Os intervalos de gerações obtidos foram de 181,88 e 188 dias, para as gerações de seleção 1 e 2, respectivamente. Na Tabela 1 podem ser observados os ganhos genéticos esperados e realizados para as variáveis estudadas na população de *escargots*.

Tabela 1. Ganhos genéticos esperado e realizado para as gerações de seleção avaliadas

Geração de seleção	¹ Variável (g)	² N	³ M (g)	⁴ DP (g)	⁵ ΔG_e (g/dia)	⁶ ΔG_r (g/dia)
1	P60	614	1,709	0,884	0,0020	0,0002
	P90	596	4,519	2,311	0,0073	-0,0012
	P120	561	7,414	3,664	0,0147	0,0060
2	P60	139	2,602	1,058	0,0023	-0,0005
	P90	134	7,261	2,457	0,0075	0,0006
	P120	132	9,614	3,214	0,0124	0,0046

¹P60, P90 e P120: peso corporal individual dos *escargots*, aos 60, 90 e 120 dias de idade respectivamente; ²N: número de observações; ³M: média; ⁴DP: desvio padrão fenotípico; ⁵ ΔG_e : ganho genético esperado; ⁶ ΔG_r : ganho genético realizado.

Os ganhos genéticos realizados para as duas gerações de seleção estiveram abaixo do esperado, para as três variáveis estudadas. No entanto, a utilização do mesmo protocolo de seleção nas duas gerações,



mostra que a seleção aos 60 dias promove ganhos aos 120 dias de idade, ou seja, favorece a melhoria do desempenho dos caracóis para o peso na idade de abate (Duyar et al., 2018). Além disso, os protocolos de manejo e seleção aplicados para a segunda geração de seleção não só foram favoráveis para o P120, como também conseguiram compensar as perdas de desempenho do P90 da geração anterior, diferença que pode ter sido ocasionada em decorrência dos ajustes realizados no protocolo de manejo dos animais, ocorridos no momento da transição entre as gerações, conforme descrito anteriormente. Isso pode ter proporcionado condições de meio mais favoráveis para a expressão do potencial dos animais da segunda geração de seleção (Nicolai & Ansart, 2017). Adicionalmente, o protocolo de seleção realizado na primeira geração de seleção pode ter alterado a estrutura genética da população, provocando variações nos ganhos genéticos realizados na segunda geração de seleção (Eler, 2017).

Sugere-se a realização de estudos semelhantes com a padronização dos protocolos de manejo, além de um maior número de gerações de seleção avaliadas, bem como o aumento da intensidade de seleção, para que se possa obter maiores respostas de desempenho dos caracóis sob seleção em confinamento. O monitoramento dos coeficientes de herdabilidade para as características avaliadas também é indicado, já que os componentes de variância das características podem sofrer alterações ao longo das gerações de seleção. Recomendam-se, também, estudos adicionais envolvendo marcadores genéticos visando aumento da acurácia do modelo de predição genética.

Conclusão

A partir dos valores de ganho genético esperado e observado para os pesos corporais aos 60, 90 e 120 dias de idade, conclui-se que o protocolo de seleção foi eficiente para proporcionar ganhos genéticos aos 120 dias de idade em ambas as gerações de seleção, o que pode ser economicamente vantajoso para a população.

A permanência do protocolo de seleção fenotípica aplicado na população é indicada, desde que continue sendo monitorado o progresso genético das características de interesse ao longo das gerações.

Agradecimentos

Agradeço à Universidade Federal de São João del-Rei e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de estudos concedidas.

Literatura Citada

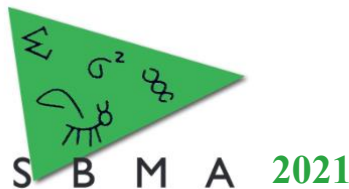
Duyar H.A., Bilgin O., Bilgin S. 2018. Weight and Length Relationships (WLRs) and Meat Yield of Brown Garden Snail, *Helix aspersum Müller*, 1774 and Turkish Snail, *Helix lucorum Linnaeus*, 1758 (Mollusca: Gastropoda: *Helicidae*) in the Sinop Province, Turkey. **Alinteri Journal of Agriculture Sciences**, 33, 183 - 192.

Eler J.P. 2017. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: Seleção**. Pirassununga: FZEA/USP. Disponível em: <<http://www.livrosabertos.sibi.usp.br/portaldelivrosUSP/catalog/view/163/148/717-1>>. Acesso em: 15 de agosto de 2021.

Guidolin F.R., Ferrari A.F. 2013. **Serviço Brasileiro de Respostas Técnicas: Criação de Escargots**. Porto Alegre: Serviço Nacional de Aprendizagem Industrial – SENAI/RS. Disponível em: <<http://www.sbrt.ibict.br/ acessoRT/304>>. Acesso em: 16 de agosto de 2021.

Nicolai A., Ansart A. 2017. Conservation at a slow pace: terrestrial gastropods facing fast-changing climate. **Conservation Physiology**, 5, 1-17.

Rosa A.D.N., Menezes G.D.O., Silva L.O.C. 2013. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa**. (1 edição). Brasília: Embrapa Gado de Corte-Livro científico.



**Influência no desempenho de diferentes formas físicas da ração em perdizes da espécie
*Rhynchotus rufescens***

Thaís Ferreira dos Santos Zullo^{1*}, Ricardo António Silva Faria^{2,3}, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia³, Claudianny Souto Maior de Moraes Vilar⁴, Beatriz Nicoletti Ferreira Amoras¹, Larissa Yahagi Rodrigues¹, Carolina Zucatelle¹, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva³

¹Graduanda de Zootecnia na Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Depto de Expressões, Escola Profissional Agrícola Quinta da Lageosa, Belmonte, Portugal.

³Depto de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

⁴Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil.

*Autor correspondente: thaiszullo@hotmail.com

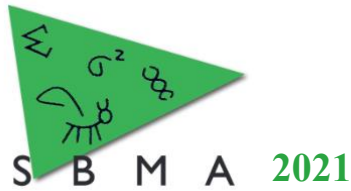
Resumo: O objetivo do estudo foi avaliar a influência de distintas formas físicas da mesma ração em animais da espécie *Rhynchotus rufescens* (perdiz brasileira) selecionadas por índice que inclui as características de peso aos 180 dias, perímetro de peito e coxa. Avaliou-se 45 animais, divididos em três tratamentos (T), com relação a forma física da ração, farelada, peletizada e triturada (TF, TP e TT, respectivamente). Os animais foram divididos em 9 baias (três por T), em cada continha animais selecionados e comerciais, acompanhando as particularidades da espécie silvestre e seu bem-estar. Os animais foram mensurados quanto ao peso corporal (PES), perímetro da coxa (PC) e do peito (PP), no início e fim do experimento (35 dias). O PES dos animais aumentou da primeira para a última avaliação em média 168,0 g (TF), 251,0 g (TP) e 248,0 g (TT) e os PC e PP apresentaram crescimento positivo em 1,34 e 4,03 cm (TF), 1,65 e 4,89 cm (TP) e 1,64 e 5,04 cm (TT). As médias ajustadas indicaram diferenças significativas ($p < 0,05$) no PES, entre os animais alimentados com TP e TF comparado aos alimentados por TF, não observando diferenças significativas entre TP e TF. Os valores do PC não indicaram diferenças significativas, e para PP houve diferenças significativas entre TP e TF. As diferentes formas físicas de ração, influenciam o ganho de peso da espécie *Rhynchotus rufescens*, sugerindo que a ração peletizada é a indicada no fornecimento da dieta aos animais. Por sua vez, ainda não existem diferenças importantes entre os grupos de animais comercial e seleção, apesar de este último apresentar maiores pesos, a seleção recente ainda não indica diferenças significativas.

Palavras-chave: alimento, aves, farelo, peletizada e triturada

Influence on the performance of different physical forms of feed in specie *Rhynchotus rufescens*

Abstract: The aim of the study was to evaluate the influence of different physical forms of the same feed on animals of the species *Rhynchotus rufescens* (Brazilian partridge) selected by an index that includes the characteristics of weight at 180 days, breast and thigh perimeter. Forty-five animals were evaluated, divided into three treatments (T), regarding the physical form of the feed, bran, pelleted and crushed (TF, TP and TT, respectively). The animals were divided into 9 pens (three by T), each containing selected and commercial animals, following the particularities of the wild species and its well-being. The animals were measured for body weight (PES), thigh (CP) and breast (PP) perimeter, at the beginning and end of the experiment (35 days). The PES of the animals increased from the first to the last evaluation on average 168.0 g (TF), 251.0 g (TP) and 248.0 g (TT) and the PC and PP showed positive growth in 1.34 and 4.03 cm (TF), 1.65 and 4.89 cm (TP) and 1.64 and 5.04 cm (TT). The adjusted means indicated significant differences ($p < 0.05$) in PES between animals fed with TP and TF compared to those fed with TF, not observing significant differences between TP and TF. PC values did not indicate significant differences, and for PP there were significant differences between TP and TF. The different physical forms of feed influence the weight gain of the species *Rhynchotus rufescens*, suggesting that the pelleted feed is indicated to supply the diet to the animals. In turn, there are still no important differences between the groups of commercial and selection animals, although the latter has higher weights, recent selection still does not indicate significant differences.

Keywords: food, poultry, bran, pelleted and crushed



Introdução

A produção de alimentos com origem de aves vem crescendo nas últimas três décadas no Brasil, tornando o país em primeiro e terceiro lugar em exportação e produção mundial, respectivamente. A carne legalizada de animais silvestres apresenta alto valor de mercado, e estes animais silvestres possuem carne com características distinguível em textura e sabor dos animais domesticados (Soriano et al., 2006), despertando o interesse dos consumidores.

A espécie *Rhynchotus rufescens*, conhecida popularmente como perdiz brasileira, possui valor expressivo para rendimento de carcaça, a carne de perdiz demonstra elevado potencial produtivo, comercial e com perspectiva para exploração no intuito de atender a demanda do mercado de carnes nobres.

Pesquisas envolvendo alimentação em perdizes são escassos na literatura, dificultando o desenvolvimento de sistema produtivo mais eficiente, tendo em vista as perdizes apresentam diferenças em relação as aves comerciais (*Gallus gallus domesticus*) com relação ao hábito alimentar.

O mercado oferece aos criadores de aves diferentes maneiras de apresentação do produto ração. As rações peletizadas (ou triturada, se moída posteriormente) proporcionam vantagens como maior uniformidade do tamanho das partículas da ração, redução da segregação dos ingredientes, transporte e estocagem, além de redução ou eliminação de microorganismos (Nilipour, 1993), menor tempo gasto com alimentação (Jensen et al., 1962) e melhora na digestibilidade dos nutrientes. Este último item, segundo Moran (1987), ocorre pela combinação de umidade, calor e pressão durante o processo de peletização, melhorando a utilização dos carboidratos pelas aves.

O objetivo do estudo foi avaliar o desempenho de diferentes formas físicas da mesma ração em animais da espécie *Rhynchotus rufescens* (Perdiz brasileira).

Material e Métodos

Todos os procedimentos experimentais foram conduzidos de acordo com as normas de bem-estar animal e foram aprovados pelo Comitê de Ética em Experimentação Animal da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Unesp, Botucatu, São Paulo (Protocolo nº 0083/2020). Os animais participantes do presente estão registrados no Sistema Integrado de Gestão de Fauna Silvestre (GEFAU) sob número 35.744, da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia e localizado na Fazenda Experimental do Lageado, Unesp, Botucatu, SP.

No estudo foram utilizados 45 animais com idades aproximadas de 30 ± 5 dias, foram divididos aleatoriamente em três tratamentos com 15 animais cada (envolvendo animais selecionados e comercial – sem seleção). Os animais foram distribuídos em 9 baias. Os três tratamentos (T) foram determinados para cada baia aleatoriamente, sendo oferecido distintas formas físicas da ração, sendo distribuída duas vezes ao dia e água em *ad libitum*, com comedouros e bebedouros específicos para aves, os quais eram limpos e abastecidos diariamente. A ração, a base de milho e farelo de amendoim, era fornecida nas formas físicas, farelada (TF), peletizada (TP) e triturada (TT). O experimento teve a duração de 35 dias.

O modelo geral utilizado pode ser representado por:

$$y_{ijk} = \mu + T_i + \beta X_k + e_{ijk}$$

em que:

y_{ijk} = valor observado do animal k ;

μ = média geral da característica;

T_i = efeito do tratamento j no valor observado y_{ijk} ;

β = efeito das covariáveis mensuradas ao início do projeto (linear);

X_k = idade do animal

e_{ijk} = erro aleatório associado ao valor observado y_{ijk} .

Os resultados foram obtidos pelo método dos quadrados mínimos, pelo procedimento GLM do *Statistical Analysis System* (SAS, Institute, Cary, NC, USA, 2011). O modelo estatístico incluiu os efeitos de tratamento; animal seleção e comercial, e as covariáveis de peso, PC e PP.

Os testes de comparações múltiplas de médias foram realizados pelo método Tukey-Kramer e, o valor considerado para determinar a significância entre os tratamentos foi de $p < 0,05$.

Resultados e Discussão

As diferentes formas físicas de ração, influenciaram o ganho do PES, PC e PP da espécie *Rhynchotus rufescens*. Foram observados aumentos do início para o fim do experimento iguais a 168,0 g (TF), 251,0 g (TP) e 248,0 g (TT) e os PC e PP apresentaram crescimento positivo em 1,34 e 4,03 cm (TF), 1,65 e 4,89 cm (TP) e 1,64 e 5,04 cm (TT). Os animais foram mensurados no início do experimento, apresentando médias do PES iguais a $236,0 \pm 67,0$ g (TF), $259,0 \pm 91,0$ g (TP) e $270,0 \pm 73,0$ g (TT). As médias para (PC) foram iguais a $5,76 \pm 0,80$ e $15,23 \pm 1,82$ cm (TF), $5,94 \pm 0,88$ e $15,56 \pm 2,44$ cm para TP e $5,75 \pm 0,79$ e $16,01 \pm 1,92$ cm para TT, respectivamente.

Os valores observados por LSMEANS (Tabela 1), indicaram diferenças significativas ($p < 0,05$) no PES entre os animais alimentados com TF comparativamente aos alimentados por TP e TT, não sendo observadas diferenças significativas entre as rações peletizadas. Os valores do PC indicaram diferenças não significativas ($p > 0,05$) entre as três distintas formas de rações (Tabela 1), para PP foram observadas diferenças significativas entre TF e TT, mas não significativas entre TP e as demais.

Tabela 1. Medidas finais do peso corporal (PES), perímetro de coxa (PC) e peito (PP), pelos diferentes grupos contemporâneos (distintas formas físicas de ração) com diferenças estatísticas em animais da espécie *Rhynchotus rufescens* (perdiz brasileira)

Itens	Diferentes formas físicas de ração (Tratamentos)									Animal			
	Farelada (TF)			Peletizada (TP)			Triturado (TT)			Comercial	a	Seleção	a
	N	Média	a	N	Média	a	N	Média	a				
PES (g)	14	408,0 $\pm 0,2$	B	13	501,0 $\pm 0,2$	A	14	502,0 $\pm 0,2$	A	459,0 $\pm 0,2$	A	482,0 $\pm 0,1$	A
PC (cm)	14	7,05 $\pm 0,13$	A	14	7,45 $\pm 0,13$	A	14	7,20 $\pm 0,13$	A	7,43 $\pm 0,08$	B	7,04 $\pm 0,15$	A
PP (cm)	14	19,09 $\pm 0,38$	B	14	20,07 $\pm 0,37$	A,B	14	20,73 $\pm 0,36$	A	19,69 $\pm 0,42$	A	20,29 $\pm 0,22$	A

PES, peso do corpo em gramas; PC, perímetro da coxa em cm; perímetro do peito em cm; N, número de animais avaliados; a, nível de significância por LSMEANS $p < 0,05$.

Os animais seleção apresentaram aumento de PES, mas não foram observadas diferenças significativas em PES e PP a final do projeto (Tabela 1), quando comparado aos animais do tipo comercial, por sua vez, o PC indicou diferenças significativas entre os animais. Sugerindo que os animais estão a respondendo positivamente a seleção genética (recente), mas ainda sem apresentar diferenças consideráveis comparativamente aos animais comerciais (sem seleção aplicado).

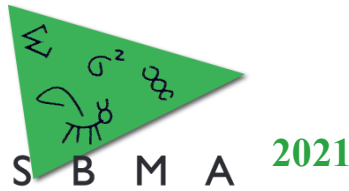
Conclusão

As diferentes formas físicas de ração, influenciam o ganho de peso da espécie *Rhynchotus rufescens*, sugerindo que a ração peletizada é a indicada para fornecer como alimento aos animais.

Por sua vez, ainda não existem diferenças entre grupo comercial e seleção, apesar de este último apresentar maiores pesos, a seleção recente vai evoluindo no tempo de cada geração.

Literatura citada

- Jensen, L.S., Merrill, L.H., Reddy, C.V. 1962. Observation on eating patterns and rate of food passage of birds fed pelleted and unpelleted diets. **Poultry Science**, 41, 1414-1419.
- Moran, E.T. 1987. Pelleting affects feed and its consumption. **World Poultry**, 5, 30-31.
- Nilipour, A. 1993. La peletización meroja el desempeño **Industria Avícola**, 39, 42-46, 1993.
- SAS, 2011. SAS/STAT 9.3. **SAS Inst. Inc., Cary, NC**.



Avaliação do peso do ovo e peso ao nascimento como possíveis causas relacionadas à taxa de mortalidade de filhotes de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro

Ryan Gomes de Almeida^{1*}, Claudianny Souto Maior de Moraes Vilar², Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia¹, Paula Mamani Mamani¹, Felipe Ferreira dos Santos¹, Matheus Vargas de Oliveira³, Pablo Dominguez Castaño³, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva¹

¹Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: ryangomes11@hotmail.com

Resumo: A taxa de mortalidade em filhotes é considerada um dos principais fatores que prejudicam o sucesso na produção de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) em cativeiro. O objetivo do presente estudo foi avaliar a relação entre o peso do ovo e peso ao nascimento com a taxa de mortalidade de perdizes criadas em cativeiro. Foram obtidos registros de peso do ovo (PO) e peso ao nascimento (PN) de perdizes. Foi aplicado teste “t” de Student para comparação das médias de PO e PN do grupo de perdigotos que sobreviveram com os que morreram antes de completar 16 semanas de vida. Foi considerado efeito significativo valor inferior a 5% ($p < 0,05$). A taxa de mortalidade de perdigotos em duas estações reprodutivas foi 30,0%, sendo 21,4% a ocorrência de óbitos em perdigotos durante a primeira semana de vida. Não houve diferença significativa ($p < 0,05$) de PO e PN entre perdigotos vivos e mortos nas estações reprodutivas avaliadas. O peso do ovo e peso de nascimento não apresentou relação com óbito de perdigotos criados em cativeiro, o que indica presença de outros efeitos ambientais responsáveis pela alta taxa de mortalidade.

Palavras-chave: carne nobre, fase inicial, perdigotos, silvestre, tinamiformes

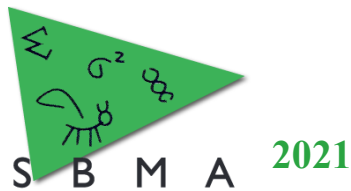
Evaluation of egg weight and birth weight as possible causes related to the mortality rate of red-winged tinamous (*Rhynchotus rufescens*) reared in captivity

Abstract: The mortality rate in chicks is considered one of the main factors that hinder the success in the production of red-winged tinamous (*Rhynchotus rufescens*) in captivity. The aim of the present study was to evaluate the relationship between egg weight and birth weight with the mortality rate of partridges reared in captivity. Records of egg weight (EW) and birth weight (BW) of red-winged tinamous were obtained. Student's “t” test was tested to compare the means of EW and BW of the group of animals that survived with those that died before completing 16 weeks of life. A value of less than 5% ($p < 0.05$) was considered a significant effect. The mortality rate in two breeding seasons was 30.0%, with 21.4% of deaths in chicks during the first week of life. There was no significant difference ($p < 0.05$) of PO and PN between living and dead chicks in the evaluated breeding seasons. Egg weight and birth weight were not related to death of red-winged tinamous in captivity, which indicates the presence of other environmental effects responsible for the high mortality rate.

Keywords: chicks, early stage, prime meat, tinamiformes, wild.

Introdução

A produção de carne exótica é considerada boa alternativa para fonte nutricional animal, que apresenta alto nível proteico e baixos níveis de colesterol e gordura saturada, o que a torna atrativa tanto para produtores quanto consumidores, que buscam alimentação saudável (Correia, 2017). A perdiz brasileira (*Rhynchotus rufescens*), ave terrícola que mede entre 32 e 42 cm de comprimento, possui boa capacidade para criação em cativeiro visando a obtenção de carnes nobres, o que permite a realização de estudos relacionados a reprodução, crescimento e comportamento.



O período reprodutivo da perdiz brasileira ocorre entre agosto e março, sendo os machos responsáveis pelo cuidado parental com os ovos e filhotes. A taxa de mortalidade em filhotes é considerada um dos principais fatores que prejudicam o sucesso na produção de perdizes em cativeiro, visto que Tholon et al. (2008) relataram taxa de 25% para perdizes com uma semana de vida, considerada superior às encontradas na avicultura tradicional. O objetivo do presente estudo foi avaliar a relação entre o peso do ovo e peso ao nascimento com a taxa de mortalidade de perdizes criadas em cativeiro.

Material e Métodos

Foram obtidos registros de peso do ovo (PO) e peso ao nascimento (PN) de filhotes de perdizes (perdigotos) nascidos no Setor de Animais Silvestres da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, localizado na Fazenda Experimental Lageado, Unesp, campus Botucatu, durante duas estações reprodutivas (2018 e 2019), nos meses de agosto a março. O arquivo de registros constava com dados de indivíduos vivos ou mortos antes de completar 16 semanas. O manejo dos animais teve início com a coleta de ovos férteis, obtenção de PO e encaminhamento dos ovos para incubadoras artificiais (Premium Ecológica IP-120) com temperatura de 36°C e umidade de 60%. Após 21 dias de incubação, foi obtido o PN dos perdigotos e encaminhados a criadeira pós-nascimento durante 30 dias. Foi utilizado lâmpadas para aquecimento artificial, ração comercial inicial e água fornecidos *ad libitum*, e limpeza diária dos bebedouros. Após 30 dias, os animais eram encaminhados para galpão crescimento.

A análise estatística das características PO e PN foi realizada pelo procedimento TTEST do programa estatístico SAS (Statistical Analysis System, 2011) com aplicação do teste “t” de Student, comparando as médias do grupo de perdigotos que sobreviveram com os que morreram antes de completar 16 semanas de vida. Foi considerado efeito significativo valor inferior a 5% ($p < 0,05$).

Resultados e Discussão

A taxa de mortalidade de perdigotos em duas estações reprodutivas foi 30,0%, sendo 21,4% a ocorrência de óbitos em perdigotos durante a primeira semana de vida (Figura 1). Não houve diferença significativa ($p < 0,05$) de PO e PN entre perdigotos vivos e mortos nas estações reprodutivas avaliadas (Tabela 1). A taxa de mortalidade do presente estudo foi superior ao relatado por Tholon et al. (2008). Soboll (2007) relatou alto percentual de óbitos em emas (*Rhea americana*) nos primeiros 30 dias de vida e que o manejo adotado no criadouro influenciou negativamente na sobrevivência dos filhotes.

Segundo Correia (2017), o PO de perdizes está correlacionado positivamente com PN, que está associado a qualidade do filhote nascido devido a taxas de reserva de nutrientes no saco vitelínico, o que significa que altos valores de PO indicam bom desenvolvimento embrionário e, consequentemente, as melhores condições de sobrevivência pós-eclosão (Bruneli et al., 2005). Furlan (2013) em estudo com frangos de corte, afirma que pintinhos devem ter PN de no mínimo 40 g para ser descrito como animal de qualidade, visto que seu desempenho vai influenciar o desenvolvimento do indivíduo e no resultado final. Não existe no momento determinado padrão de PN para perdigotos, que pode ser considerado importante no auxílio da qualidade de filhotes para tentar diminuir a taxa de mortalidade.

Tabela 1. Relação entre peso do ovo e peso ao nascimento com a mortalidade de filhotes de perdizes (*R. rufescens*) para duas estações reprodutiva.

Característica	Sobrevivência de perdigotos		p-value
	Vivos	Mortos	
Peso do ovo (g)	62,6 ± 5,9	62,6 ± 6,1	0,844
Peso ao nascimento (g)	45,2 ± 4,9	44,8 ± 5,1	0,142

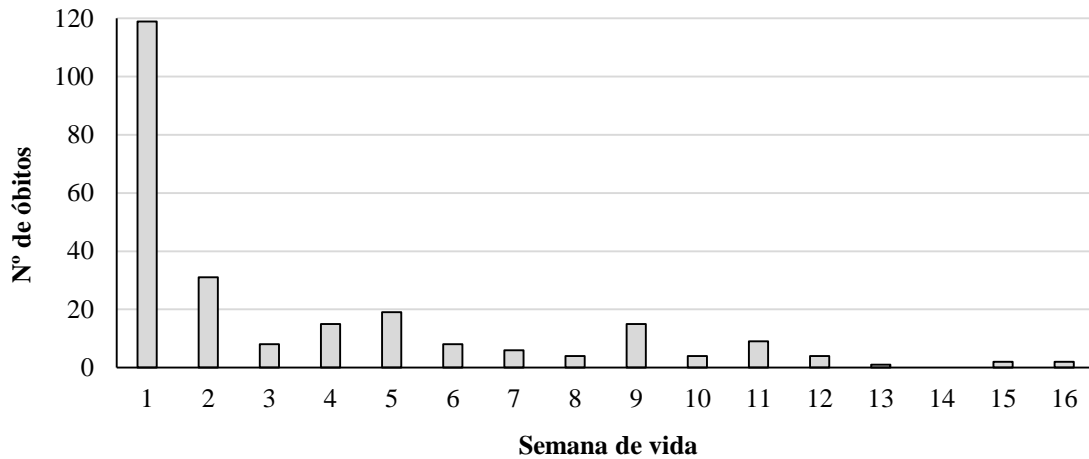


Figura 1. Número de óbitos de todos os filhotes nascidos do criatório.

Conclusão

O peso do ovo e peso de nascimento não apresentou relação com óbito de perdigotos criados em cativeiro, o que indica presença de outros efeitos ambientais responsáveis pela alta taxa de mortalidade. Estudos visando genética, nutrição, sanidade e etologia devem ser realizadas para identificação das exigências de perdigotos, visto que a espécie não possui padronização de manejo na fase inicial.

Literatura citada

Bruneli F.A.T., Tholon P., Isaac F.L., Damasceno P.R., Tonhati H. & de Queiroz, S.A. 2005. Caracterização da reprodução de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) em cativeiro. *Ars veterinária*, 21, 272-280.

Correia, L.E.C.S. 2017. **Avaliação do pedigree, características reprodutivas e de crescimento em perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro.** Jaboticabal: UNESP, 64 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2017.

Furlan, J.J.M. 2013 **Avaliação do manejo pré-incubação e incubação de ovos férteis sobre a qualidade do pintinho, desempenho e rendimento de carcaça de frangos de corte.** Pirassununga: USP, 63 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Programa de Pós-Graduação em Nutrição e Produção Animal, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2013.

Sas Institute. 2011. **SAS/IML 9.3 user's guide.** Sas Institute.

Soboll, D. S. 2007. **Avaliação de incubação e das causas de mortalidade até 90 dias em um criatório de emas (*Rhea americana*) no Distrito Federal.** Brasília: UNB, 95 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Programa de Pós-Graduação em Produção Animal, Universidade de Brasília, Brasília, 2007.

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



Análise do comportamento e crescimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) em cativeiro com adição de *Matricaria chamomilla* na dieta

Camila Shyu Fiorindo¹, Thaís Ferreira dos Santos Zullo¹, Beatriz Nicoletti Ferreira Amoras¹, Claudianny Souto Maior de Moraes Vilar², Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia¹, Matheus Vargas de Oliveira³, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva¹

¹Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

²Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp, Jaboticabal, SP, Brasil

*Autor correspondente: camila.shyu@unesp.br

Resumo: O presente estudo avaliou o uso da camomila (*Matricaria chamomilla*) na dieta de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) a fim de avaliar o comportamento e o desenvolvimento das aves. Foi adicionado níveis de camomila na ração (0%, 1% e 1,5%) e fornecida durante um período de 30 dias. De acordo com os dados obtidos, as rações com 1% e 1,5% de camomila apresentaram efeitos positivos e significativos ($p < 0,05$) quanto ao crescimento e desenvolvimento muscular das aves sem afetar o consumo diário de ração, recorrendo a ideia de que o fitoterápico proporciona efeitos benéficos para a flora intestinal com consequente benefício para o funcionamento digestivo. Quanto ao comportamento da espécie, não houve diferenças significativas ($p > 0,05$) que demonstrassem os efeitos calmantes que a camomila apresenta comumente para os humanos. Conclui-se com o estudo que a camomila é considerada forte candidata para substituição aos aditivos, sendo uma forma natural de melhorar a flora intestinal dos animais, garantindo produção mais saudável e eficiente.

Palavras-chave: camomila, carne nobre, fitoterápicos, silvestres, tinamiformes.

Analysis of the behavior and growth of Brazilian red-winged tinamous (*Rhynchotus rufescens*) with addition of *Matricaria chamomilla* in the diet

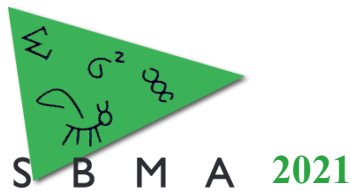
Abstract: The present study evaluated the use of chamomile (*Matricaria chamomilla*) in the diet of red-winged tinamous (*Rhynchotus rufescens*) in order to evaluate the behavior and development of birds. Chamomile levels were added to the feed (0%, 1% and 1.5%) and fed for a period of 30 days. According to the data obtained, feeds with 1% and 1.5% chamomile had positive and significant effects ($p < 0.05$) on the growth and muscle development of birds without affecting the daily feed consumption, using the idea that the herbal medicine provides beneficial effects for the intestinal flora with consequent benefit for the digestive functioning. As for the behavior of the species, there were no significant differences ($p > 0.05$) that demonstrate the calming effects that chamomile commonly has for humans. The study concludes that chamomile is considered a strong candidate for replacement of additives, being a natural way to improve the intestinal flora of animals, ensuring healthier and more efficient production.

Keywords: chamomile, herbal medicines, prime meat, tinamiformes, wild.

Introdução

No Brasil, a utilização de plantas medicinais possui relatos no começo do século XVI com a chegada dos portugueses e no contato com os índios, verificando-se por exemplo, o uso do urucum como remédio para picadas de insetos e no tingimento de objetos de barro (Ozaki e Duarte, 2006). Desta forma, a utilização dessas plantas é considerada atividade antiga que foi repassada entre gerações e que, ainda hoje, é utilizada tanto por moradores da zona rural quanto na medicina.

Um exemplo de fitoterápico muito utilizado é a camomila (*Matricaria chamomilla* L.), a qual possui em sua inflorescência, alta porcentagem de compostos fenólicos importantes, como flavonoides e óleos essenciais (McKay e Blumberg, 2009). Observando o potencial da camomila em aves e animais domésticos, o objetivo do presente estudo foi avaliar o comportamento e crescimento da perdiz brasileira (*Rhynchotus rufescens*) com adição de *Matricaria chamomilla* na dieta.



Material e Métodos

O experimento ocorreu no Setor de Animais Silvestres da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, localizado na Fazenda Experimental Lageado, Unesp, campus Botucatu, entre o período de fevereiro a março de 2021. Foram utilizadas 48 aves com aproximadamente 60 dias de vida, distribuídas em seis baias. No início do experimento foram coletados peso corporal e medidas do diâmetro do peito e coxa de cada ave, sendo este procedimento repetida após 15 e 30 dias.

O fornecimento da ração foi realizado desde o primeiro dia, dispondo 3 kg de ração em cada comedouro. O experimento foi composto por três tratamentos: controle (baias 1 e 2), com ração sem aditivos; 1% (baias 3 e 4), ração com 1% de camomila; e 1,5% (baias 5 e 6), ração com 1,5% de camomila. A cada 3 dias, as sobras de ração do comedouro foram pesadas assim como a ração desperdiçada para a mensuração da quantidade diária ingerida por ave. A água foi fornecida *ad libitum*. Os parâmetros de agressividade de Savory et.al (1999) foram utilizados para análise comportamental, que consta os comportamentos de comer, ciscar, beber, ócio, salto, bater asas, eriçar, coçar, limpeza de penas e agressão. Os dados foram coletados com a observação individual durante seis minutos em cada baia, no decorrer de dez dias.

Todos os dados obtidos foram analisados por meio do procedimento PROC MIXED do SAS 9.4 (Statistical Analysis System, 2011). Efeitos lineares e quadráticos dos tratamentos indicados por contrastes ortogonais foram utilizados, avaliando os efeitos da adição da camomila. O teste de Duncan foi utilizado na determinação do nível de significância nas comparações específicas entre as médias dos tratamentos, sendo considerada diferença significativa à 5% ($p < 0,05$).

Resultados e Discussão

Foi observado que rações com camomila apresentaram aumento significativo ($p < 0,05$) no peso aos 15 e 30 dias (Tabelas 1 e 2). Em estudo com frangos de corte, Junior et al. (2009) relataram que o uso de fitoterápicos promoveu maior ganho de peso médio nos animais. Os mesmos autores relacionaram os resultados à ação antimicrobiana, estímulo das enzimas digestivas, aumento da digestibilidade e absorção intestinal, consequentemente melhorando na utilização da ração fornecida e desempenho dos animais.

Tabela 1. Peso das aves após 15 dias do início do experimento.

	Tratamento controle		Tratamento 1%		Tratamento 1,5%	
	Baia 1	Baia 2	Baia 3	Baia 4	Baia 5	Baia 6
Média	517,5	473,8	436,3	462,1	508,1	478,8
Média ajustada	462,4 ^b		472,5 ^b		506,6 ^a	

^{ab} Médias com letras diferentes diferem entre si estatisticamente de acordo com o teste de Tukey ($p < 0,05$).

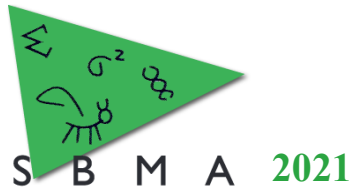
Tabela 2. Média dos pesos após 30 dias do início do experimento.

	Tratamento controle		Tratamento 1%		Tratamento 1,5%	
	Baia 1	Baia 2	Baia 3	Baia 4	Baia 5	Baia 6
Média	565,7	558,8	520,0	554,3	574,4	561,9
Média ajustada	529,2 ^b		558,0 ^a		580,7 ^a	

^{ab} Médias com letras diferentes diferem entre si estatisticamente de acordo com o teste de Tukey ($p < 0,05$).

Resultados similares nos pesos foram observados no perímetro de peito e coxa dos animais (Tabela 3 e 4). Assim como a adição de pomelo (*Citrus maxima*) na dieta de frangos de corte (Junior et al., 2009), a camomila apresentou favorecimento do ganho muscular dos animais, que foi possível observar melhoria em relação a uniformidade do lote quando comparada com o tratamento controle, em que os animais apresentaram maior variação de tamanho e peso.

As médias de consumo de ração não foram significativamente diferentes ($p > 0,05$). Pickler et al. (2011) apresentou os óleos essenciais como substâncias com potencial antibiótico, diminuindo a presença de bactérias desfavoráveis e melhorando a flora intestinal em frangos, aumentando a capacidade de absorção dos alimentos e sua conversão em músculos. Com relação ao comportamento dos animais, não houve diferença significativa quando comparamos os comportamentos agressivos entre tratamentos, apenas



o comportamento de salto que foi maior no tratamento controle, comportamento este que pode, ou não, estar relacionado ao uso da camomila ou com fatores estressores não mensurados.

Tabela 3. Perímetro de peito das aves após 30 dias do início do fornecimento das rações com camomila.

	Tratamento controle		Tratamento 1%		Tratamento 1,5%	
	Baía 1	Baía 2	Baía 3	Baía 4	Baía 5	Baía 6
Média	20,2	20,5	19,9	21,0	20,5	20,9
Média ajustada	19,90 ^b		20,75 ^{ab}		20,86 ^a	

^{ab} Médias com letras diferentes diferem entre si estatisticamente de acordo com o teste de Tukey (p<0,05).

Tabela 4. Perímetro de coxa das aves após 30 dias do início do fornecimento das rações com camomila.

	Tratamento controle		Tratamento 1%		Tratamento 1,5%	
	Baía 1	Baía 2	Baía 3	Baía 4	Baía 5	Baía 6
Média	7,6	7,9	7,6	7,9	8,1	8,1
Média ajustada	7,53 ^b		7,90 ^a		8,19 ^a	

^{ab} Médias com letras diferentes diferem entre si estatisticamente de acordo com o teste de Tukey (p<0,05).

Conclusão

A camomila desempenhou papel significativo no aumento de peso e perímetro de perdizes em cativeiro, ocasionando melhoria na eficiência alimentar e na uniformidade dos lotes, mesmo não ocorrendo mudanças diretamente no comportamento reativo das aves. A camomila tornou-se forte candidato como substituto aos promotores de crescimento ou antibióticos, sendo uma forma natural de melhorar a flora intestinal dos animais, garantindo produção mais saudável e eficiente.

Literatura citada

Junior G.C., Sakomura N.K., Siqueira J.C., Fernandes J.B.K., Neme R., Lima A.L.G. & Narumoto R. 2009. Extrato de pomelo (*Citrus maxima*) como aditivo em rações para frangos de corte. **ARS Veterinária**, 25, 84-89.

Mckay D. L. & Blumberg J. B. 2006. A review of the bioactivity and potential health benefits of chamomile tea (*Matricaria recutita* L.). **Phytotherapy Research: An International Journal Devoted to Pharmacological and Toxicological Evaluation of Natural Product Derivatives**, 20, 519-530.

Ozaki A.T & Duarte P.C. 2006. Fitoterápicos Utilizados na Medicina Veterinária, em Cães e Gatos. **Rev. Infarma**, 18, 17-25.

Pickler L., Santin E. & Silva A.V.F. 2011. Alternativas aos antibióticos para equilibrar a microbiota gastrointestinal de frangos. **Archives of Veterinary Science**, 16, 1-13.

Sas Institute. 2011. **SAS/IML 9.3 user's guide**. Sas Institute.

Savory C.J., Mann, J.S. & Macleod M.G. 1999. Incidence of pecking damage in growing bantams in relation to food form, group size, stocking density, dietary tryptophan concentration and dietary protein source. **British Poultry Science**, 40, 579-584.



Estudo de RNAs não codificantes no genoma da raça de cavalos Mangalarga Marchador

Wellington B. Santos¹, Amanda M. Maiorano¹, Miller J. Teodoro¹, Gustavo P. Schettini¹, Henrique N. Oliveira¹, Rogério A. Curi²

¹ Departamento de Zootecnia – Unesp, Jaboticabal, SP, Brasil.

² Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal – Unesp, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: wellington.bizarria@unesp.br

Resumo: O objetivo deste estudo foi identificar assinaturas de seleção em cavalos da raça Mangalarga Marchador, acessando exclusivamente a porção não codificante do genoma. No total, 192 animais foram genotipados com o painel Axiom® Equine Genotyping Array (670k SNP) com coordenadas remapeadas para o genoma de referência EquCab3.0. No controle de qualidade complementar dos genótipos foram aplicados os parâmetros de equilíbrio de Hardy-Weinberg ($P < 1e-8$) e frequência do alelo menor igual a 0,01. O faseamento dos genótipos foi realizado no programa Beagle, e o teste de escore de integração dos haplótipos (iHS) foi usado para detectar assinaturas de seleção. A anotação gênica foi realizada para cada SNP significativo em janelas amplificadas de 125 kb para ambas as direções. No total, 19 RNAs não codificadores de proteínas (ncRNAs) foram identificados, distribuídos em 12 cromossomos. Os sinais de seleção presentes em regiões de ncRNAs indicaram possível atuação destas regiões na regulação gênica de características que vem sendo impressas nesta raça ou até mesmo na espécie.

Palavras-chave: miRNAs, ncRNAs, snRNAs.

Study of noncoding RNAs in the genome of Mangalarga Marchador horse breed

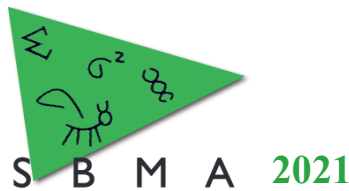
Abstract: The aim of this study was to identify the signature of selection in Mangalarga Marchador horses, exclusively accessing the non-coding portion of the genome. In total, 192 animals were genotyped in the Axiom® Equine Genotyping Array panel (670k SNP) with coordinates remapped to the reference genome EquCab3.0. In the complementary quality control of the genotypes, parameters of Hardy-Weinberg equilibrium ($P < 1e-8$) and minor allele frequency equal to 0.01 were applied. Genotype phasing was performed in Beagle program, and the integration haplotype score (iHS) test was used to detect signatures of selection. Gene annotation was performed for each significant SNP in amplified windows of 125 kb for both directions. In total, 19 non-coding RNAs (ncRNAs) were identified, being distributed in 12 chromosomes. The selection signals present in regions of ncRNAs indicated a possible role of these regions in gene regulation of traits that have been imprinted on this breed or even on this specie.

Keywords: miRNAs, ncRNAs, snRNAs.

Introdução

Os RNAs não codificadores de proteínas (ncRNAs) ganham destaque pelo reconhecimento de que estes transcritos são funcionais, atuando principalmente na regulação de processos epigenéticos (WEI et al., 2017). Em particular, os microRNAs (miRNAs) atuam como reguladores gênicos pós-transcricionais em organismos de diferentes espécies (Kim et al., 2014). A caracterização de miRNAs em tecidos normais é uma etapa importante para investigar as funções dos miRNAs em várias condições fisiológicas e patológicas. Kim et al. (2014) relataram conjuntos distintos de miRNAs sendo expressos diferencialmente de maneira específica em cada tecido.

As abordagens que prospectam por assinatura de seleção tem como finalidade principal identificar sobreposição com regiões gênicas do genoma, descartando as regiões não codificantes. Zhou et al. (2009) realizaram o primeiro estudo com ênfase na detecção *in silico* e atributos de novos genes de miRNAs no genoma do *Equus caballus*. Neste estudo, um total de 407 novos genes de miRNA foram identificados na espécie, incluindo 354 miRNAs maduros, dos quais 75 miRNAs foram categorizados. Desse modo, esses



transcritos apresentam relevância para melhor compreensão dos mecanismos evolutivos e biológicos determinantes de fenótipos complexos nas espécies de interesse zootécnico. Portanto, o objetivo deste estudo foi identificar assinaturas de seleção recente em cavalos da raça Mangalarga Marchador, acessando exclusivamente a porção não codificante do genoma.

Material e Métodos

Os banco de dados utilizado neste estudo é referente a informações de genótipos de 192 cavalos da raça Mangalarga Marchador. Todos os animais foram genotipados com o painel Axiom de 670k @ Equine Genotyping Array (Axiom MNEC67). O programa “Axiom™ Analysis Suite” foi usado no controle de qualidade dos dados com configuração padrão para organismos diplóides na versão 4, as coordenadas da matriz de SNP foram incluídas para o remapeadas no genoma de referência EquCab3.0. Posteriormente, os parâmetros de equilíbrio de Hardy-Weinberg ($P < 1e-8$) e frequência do alelo menor igual a 0,01 foram aplicados, e os SNPs localizados nos cromossomos não autossômicos foram excluídos. O faseamento dos genótipos foi realizado no programa Beagle v.5.0 (Pook et al., 2020), necessário para realizar as estimativa dos haplótipos. O teste de integração dos haplótipos (iHS) foi usado na detecção de assinaturas de seleção, por meio do pacote rehh v.3.01 do programa R (Gautier et al., 2017). Valores de $iHS \geq 3,5$ e/ou $\leq -3,5$ com $\pi iHS \geq 3$ foram considerados estatisticamente significantes, rejeitando-se a hipótese nula ($P < 0,001$). Os valores πiHS são produtos da transformação iHS para atribuir um valor p , $\pi iHS = [-\log_{10} [1 - 2 | \Phi iHS - 0,5 |]]$, em que ΦiHS é a função de distribuição cumulativa gaussiana de iHS. A anotação gênica foi realizada em janelas amplificadas de 125 kb a montante e a jusante de cada SNP significativo.

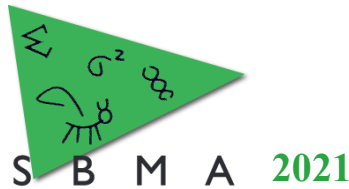
Resultados e Discussão

Os SNPs significativos com $\pi iHS \geq 3$ sobrepueram 19 ncRNAs, distribuídos em 12 cromossomos do genoma equino (Tabela 1). As classes mapeadas foram compostas de 7 microRNAs (miRNAs) e 12 RNAs nucleolares pequenos (snRNAs). Os ncRNAs podem desempenhar diversas funções celulares, sendo importantes nas redes regulatórias de genes ou atuando coadjuvamente com outras biomoléculas, incluindo RNAs codificantes e não codificantes, DNAs e proteínas (Zhang et al., 2019).

Os resultados reforçam as evidências de que os sinais de seleção identificados nas regiões miRNAs e snRNAs do genoma atuam na regulação gênica de características que vem sendo impressas nesta população de equinos MM. Além disso, os snRNAs destacaram-se em funções de processamento pré-mRNA, biogênese de pequenas ribonucleoproteínas nucleares, mediadores de metilação e modificações químicas em outros ncRNAs (Tabela 1). A medida em que melhorias na anotação do genoma equino forem realizadas, mais detalhes a respeito dos ncRNAs serão fornecidos, o que beneficiará o entendimento das assinaturas de seleção localizadas nestas regiões.

Tabela 1. RNAs não codificantes identificados nas assinaturas de seleção em cavalos da raça Mangalarga Marchador.

Identificação (Ensembl)	Chr	Descrição das regiões
ENSECAG00000027354	2	“small Cajal body-specific RNA 1” [Source:NCBI gene;Acc:111772612]
ENSECAG00000025428	5	eca-mir-488 [Source:miRBase;Acc:MI0012718]
ENSECAG00000027042	6	“U7 small nuclear RNA” [Source:NCBI gene;Acc:111774072]
ENSECAG00000025389	6	eca-mir-200c [Source:miRBase;Acc:MI0012727]
ENSECAG00000026310	6	eca-mir-141 [Source:miRBase;Acc:MI0012723]
ENSECAG00000027594	6	“small nucleolar RNA U89” [Source:NCBI gene;Acc:111774089]
ENSECAG00000025607	6	eca-mir-615 [Source:miRBase;Acc:MI0012729]
ENSECAG00000026363	6	eca-mir-26a [Source:miRBase;Acc:MI0012728]
ENSECAG00000025369	7	eca-mir-492-1 [Source:miRBase;Acc:MI0012676]
ENSECAG00000027665	7	“small nucleolar RNA SNORD97” [Source:NCBI gene;Acc:111774482]
ENSECAG00000026565	8	“U6 spliceosomal RNA” [Source:NCBI gene;Acc:111774843]
ENSECAG00000025880	10	“U6 spliceosomal RNA” [Source:NCBI gene;Acc:111775516]



ENSECAG00000027078	11	“small nucleolar RNA SNORD124” [Source:NCBI gene;Acc:111775799]
ENSECAG00000025541	16	“U6 spliceosomal RNA” [Source:NCBI gene;Acc:111768503]
ENSECAG00000026499	18	“U6 spliceosomal RNA” [Source:NCBI gene;Acc:111768935]
ENSECAG00000027205	23	“7SK small nuclear pseudogene 24” [Source:HGNC;Acc:HGNC:45748]
ENSECAG00000025393	25	“small nucleolar RNA SNORD90” [Source:NCBI gene;Acc:111770733]
ENSECAG00000025552	30	eca-mir-181a-2 [Source:miRBase;Acc:MI0012936]
ENSECAG00000027452	30	“small Cajal body-specific RNA 4” [Source:NCBI gene;Acc:111771363]

Chr: Cromossomos.

Conclusão

Este estudo forneceu resultados preliminares sobre assinaturas de seleção em regiões de ncRNAs na raça Mangalarga Marchador, sendo identificados tanto miRNAs como snRNAs. Além disso, apontamos para a necessidade de uma melhor anotação funcional do genoma de referência com ênfase no perfil de ncRNAs.

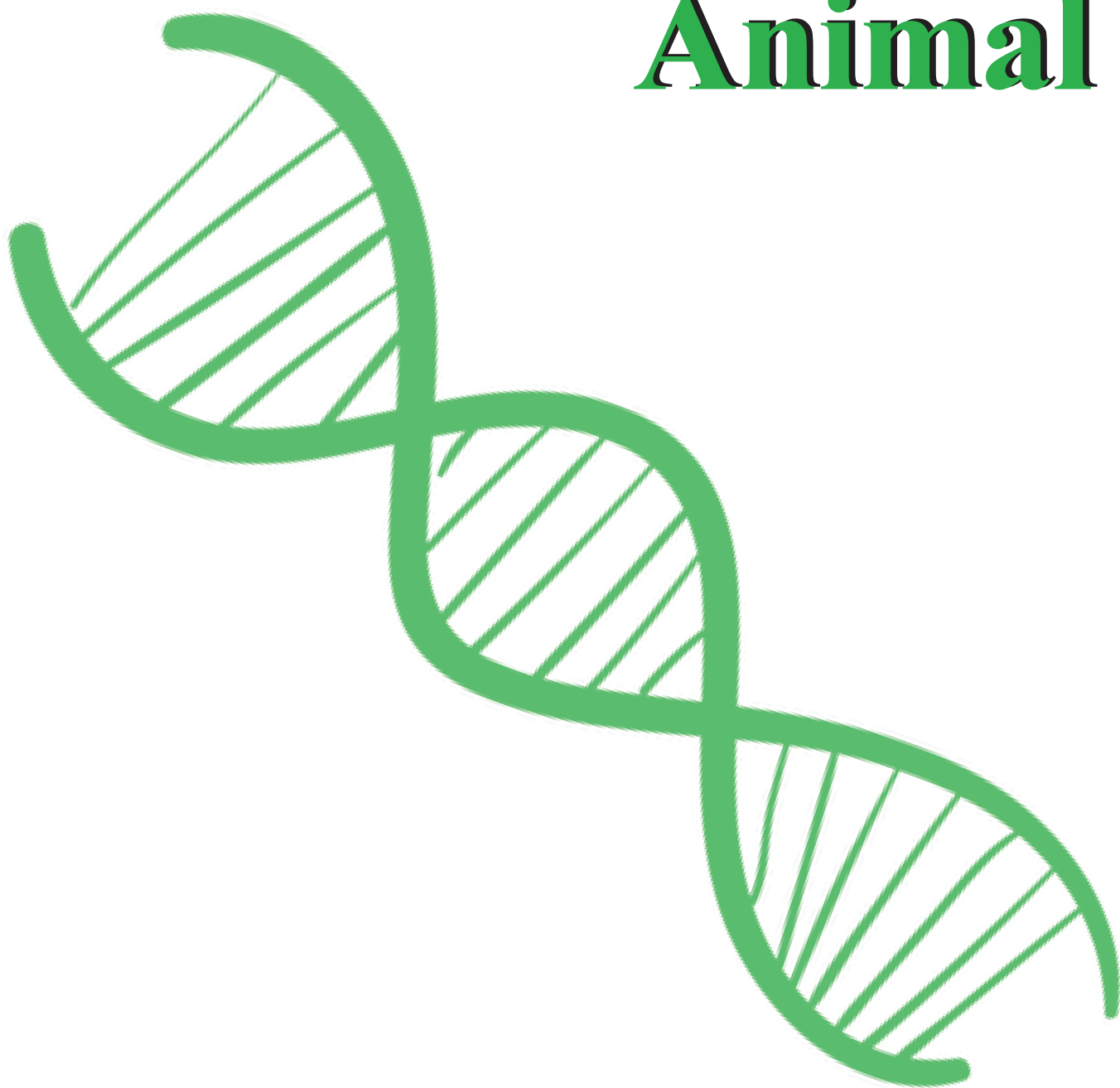
Agradecimentos

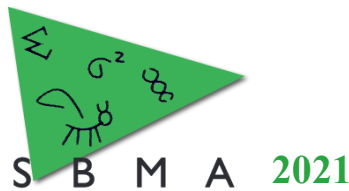
Este estudo foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP (2016/19081-9), e pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq (141564/2020-20).

Literatura citada

- Gautier M., Klassmann A., Vitalis R. 2017. rehh 2:0. A reimplementação of the R package rehh to detect positive selection from haplotype structure. **Mol Ecol Res.**, 17, 78-90.
- Kim M.C., Lee S.W, Ryu D.Y, Cui F.J, Bhak J. & Kim Y. 2014. Identification and Characterization of MicroRNAs in Normal Equine Tissues by Next Generation Sequencing. **Plos One**, 9, e93662.
- Pook T., Mayer M., Geibel J., Weigend S., Cavero D., Schoen C.C, et al. 2020. Improving imputation quality in beagle for crop and livestock data. **G3 Genes, Genomes, Genet.**, 10, 177–188.
- Zhang P., Wu W., Chen Q. & Ming Chen. 2019. Non-Coding RNAs and their Integrated Networks. **J Integr Bioinform.**, 16, 20190027.
- Zhou M., Wang Q., Sun J., Li X., Xu L., Yang H., et al. 2009. In silico detection and characteristics of novel microRNA genes in the Equus caballus genome using an integrated ab initio and comparative genomic approach. **Genomics**, 94, 125-131.

**Estatística
aplicada ao
Melhoramento
Animal**





Impacto dos modelos de regressão aleatória ajustados usando polinômios de Legendre ou B-Splines na avaliação genômica em búfalos Murrah

Alessandra Alves Silva^{1*}, Delvan Alves Silva¹, Sirlene Fernandes Lázaro¹, Karina Silveira¹, Gabriela Stefani¹, Humberto Tonhati¹

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: silvaalexandrazb@gmail.com

Resumo: O leite de búfala é especialmente interessante para a indústria de queijo. Nesse sentido, o melhoramento genético é essencial para lidar com a crescente demanda por produtos de alta qualidade. Características longitudinais, tal como a produção de leite são comumente avaliadas considerando modelos de regressão aleatória (RR). A escolha da ordem da função de covariância para os efeitos aleatórios é uma etapa importante para ajustar modelos de RR. O objetivo com este estudo foi avaliar o impacto da função dos polinômios de Legendre (LEG) e B-splines (BSP) na avaliação genética de produção de leite das três primeiras lactações de búfalos Murrah. Um total de 22 modelos para cada lactação foram comparados quanto ao ajuste, estimativas de parâmetros genéticos e capacidade preditiva. Os valores de DIC tenderam a ser melhor para modelos mais complexos. As estimativas de herdabilidades variaram de 0,01 a 0,30 para MY1, 0,08 a 0,42 para MY2 e 0,05 a 0,47 para MY3. Em geral, as curvas obtidas para os componentes de variância e estimativas de herdabilidade baseadas nos modelos BSP apresentaram menor oscilação ao longo da trajetória. Similar capacidade preditiva foi observada entre os modelos. Portanto, o modelo RR ajustado usando BSP quadrático com cinco nós assumindo variância residual heterogênea parece ser adequado para a avaliação genética de bubalinos leiteiros.

Palavras-chave: curva de lactação, DIC, longitudinal, *mozzarella*, *test-day*.

Impact of random regression models adjusted based on Legendre polynomials and B-Splines functions on genomic evaluation in Murrah buffaloes

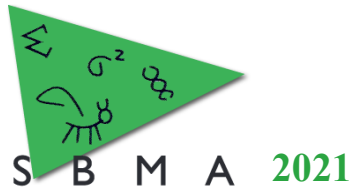
Abstract: Buffalo milk is especially interesting for the cheese industry. In this sense, genetic improvement is essential to deal with the increasing demand for high-quality dairy. The most commonly model used for genetic evaluation of longitudinal traits, such as milk yield is the random regression (RR). The choice of covariance function order for random effects is an important step to adjust RR. The aim of this study was to evaluate the impact of the order of Legendre polynomials (LEG) and B-splines (BSP) function on genetic evaluation for milk yield from the first three lactations of Murrah buffaloes. A total of 22 models for each lactation were contrasted based on goodness of fit, genetic parameter estimates, and predictive ability. Overall, DIC tended to be better for models presenting higher orders of LEG or BSP. Heritabilities estimates ranged from 0.01 to 0.30 for MY1, 0.08 to 0.42 for MY2, and from 0.05 to 0.47 for MY3. In general, the curves plotted for variance components and heritability estimates based on BSP models presented lower oscillation along the trajectory. Similar predictive ability was observed between the models. In general, RR model fitted using quadratic BSP with five knots assuming heterogeneous residual variance appear to be the appropriate model for the genetic evaluation of dairy buffaloes.

Keywords: DIC, lactation curves, longitudinal, *mozzarella*, *test-day*.

Introdução

O búfalo doméstico (*Bubalus bubalis*) contribui com uma parcela significativa da produção global de leite. No Brasil, as raças Murrah e Mediterrâneo, incluindo seus mestiços, são as raças de búfalos mais difundidas para a atividade leiteira. A população de búfalos no Brasil é cerca de 1,34 milhões de indivíduos (IBGE, 2016). O leite de búfala é especialmente interessante para a indústria de queijo, tal como a *mozzarella* (Lázaro et al., 2021).

Nesse sentido, o melhoramento genético é essencial para lidar com a crescente demanda por produtos lácteos de alta qualidade. Avaliação genética baseada na produção diária por meio de modelos



test-day (TD) é interessante por possibilitar o ajuste dos efeitos ambientais nos registros de TD e a modelagem das curvas de lactação, levando a avaliações genéticas mais acuradas.

O modelo mais comumente utilizado na avaliação genética de características longitudinais é o modelo de regressão aleatória (RR). No entanto, a escolha da ordem da função de covariância para efeitos genéticos aditivos e ambientais permanentes constitui um passo importante para ajustar os modelos de RR. Os polinômios ortogonais de Legendre são os mais comuns para analisar dados longitudinais em búfalos leiteiros (Sesana et al., 2010). No entanto, não há consenso na literatura sobre o modelo mais adequado para descrever a função de covariância ao longo da lactação. Além disso, estimativas implausíveis nos extremos da curva de lactação têm sido reportadas. Alternativamente, outras funções podem ser consideradas, tal como as funções B-splines. Essas funções são menos suscetíveis aos problemas de artefatos (Meyer, 2005). Embora modelos de RR ajustados usando polinômio de Legendre tenha sido bem explorado, não há um estudo detalhado avaliando o impacto da ordem e da função (Legendre e B-spline) para ajustar modelos de RR em bubalinos leiteiros. Portanto, o objetivo com este estudo foi avaliar o impacto da ordem dos polinômios de Legendre e da função B-splines na avaliação genética para produção de leite das três primeiras lactações de bubalinos Murrah.

Material e Métodos

Um total de 323.142 registros de TD de múltiplas lactações de 4.588 búfalas Murrah, com partos entre 1987 e 2017, foram fornecidos pelo programa de controle leiteiro de búfalas da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (UNESP). Os registros das três primeiras lactações (MY1, MY2 e MY3) foram analisados. O arquivo de pedigree incluiu 5.784 animais. Além disso, um total de 823 animais genotipados (Affymetrix / ThermoFisher Scientific, Santa Clara, CA) incluindo um total de 45.376 SNPs autossômicos também foram incluídos nas avaliações.

As curvas genéticas aditivas, ambiente permanente e sistemáticas foram ajustadas por meio de um modelo de RR usando polinômios de Legendre (LEG) variando de 1 a 5 ordens ou funções B-splines (BSP) com quatro nós (DIM = 5, 105, 205 e 305) ou cinco nós (DIM = 5, 80, 155, 230 e 305), variando de 1 a 3 ordens. Os modelos avaliados estão detalhados na Tabela 1. O impacto da suposição de variâncias residuais heterogêneas (HE) ou homogêneas (HO) também foi avaliado. Assim, um total de 22 modelos foram contrastados para cada lactação. Em notação matricial, este modelo pode ser descrito como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Mc} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e},$$

onde, \mathbf{y} é o vetor de TD. As matrizes de incidência para \mathbf{b} , \mathbf{a} , \mathbf{c} e \mathbf{p} são dadas por \mathbf{X} , \mathbf{Z} , \mathbf{M} e \mathbf{W} , respectivamente; \mathbf{b} é o vetor de efeitos sistemáticos, incluindo ordenha, idade da búfala ao parto (linear e quadrática) como covariável; \mathbf{a} é o vetor de coeficientes para o efeito genético aditivo; \mathbf{c} refere-se ao efeito aleatório de grupo de contemporâneo (rebanho, ano e estação de parto); \mathbf{p} é o vetor de coeficientes para o efeito de ambiente permanente; e \mathbf{e} refere-se ao vetor de efeito aleatório residual. A avaliação genética foi realizada por meio do programa gibbs3F90, com um total de 500.000 iterações, burn-in de 200.000 e thin de 10 iterações.

Resultados e Discussão

Os modelos com diferentes ordens de LEG ou BSP foram comparados com base no ajuste, estimativas de parâmetros genéticos e capacidade preditiva. Os valores obtidos para Critério de Informação de Deviance (DIC) tenderam a ser melhores para modelos mais complexos (Tabela 1). Em geral, os modelos BSP apresentaram os melhores valores em todas as lactações, indicando melhor ajuste.

As estimativas de herdabilidades variaram de 0,01 a 0,30 para MY1, de 0,08 a 0,42 para MY2 e de 0,05 a 0,47 para MY3. Em geral, essas estimativas tenderam a ser menores nos extremos e maior variabilidade foi observada nas estimativas obtidas por meio de modelos LEG. Além disso, estimativas de variâncias residuais mais baixas foram observadas ao usar funções LEG ou BSP de maior ordem (sobreposição do intervalo de credibilidade). Modelos RR ajustados por meio de LEG têm sido associados a serem mais sensíveis nos extremos da curva de lactação. No entanto, o modelo de RR ajustado por meio de funções BSP tende a ser menos suscetível a problemas de estimativas erráticas nos extremos da curva (Meyer, 2005). Em nosso estudo, as curvas obtidas para os componentes de variância e



estimativas de herdabilidade baseadas em modelos BSP apresentaram menor oscilação ao longo da trajetória de lactação.

Os valores b_1 utilizados como indicador de viés variaram de 0,85 a 1,24 em todas as lactações e os valores de R^2 utilizado como confiabilidade da validação variaram de 0,17 a 0,48. No entanto, similar capacidade preditiva foi observada entre os modelos com base no intervalo de confiança.

Meyer (2005) sugeriu que a escolha do melhor modelo é um equilíbrio entre a complexidade do modelo, ajuste e credibilidade dos resultados. Nesse sentido, os modelos BSP apresentaram melhor ajuste com base no DIC e apresentaram menor oscilação ao longo da trajetória da lactação, principalmente nos extremos com poucas diferenças quanto a capacidade preditiva.

Tabela 1. Número de parâmetros estimados (PAR) e valor do critério de Deviance (DIC) para os melhores modelos assumindo homogeneidade (HO) ou heterogeneidade (HE) de variância residual para produção de leite (MY1, MY2 e MY3), onde 1, 2 e 3 correspondem a primeira, segunda e terceira lactação, respectivamente

Modelo ¹	PAR		MY1		MY2		MY3	
	HE	HO	HE	HO	HE	HO	HE	HO
LEG3	25	22	244924,70	245104,18	187252,63	188004,59	157679,92	158453,33
LEG4	35	32	241942,97	242138,81	185217,99	185934,61	156053,81	156728,51
LEG5	47	44	240921,29	241111,22	183842,99	184518,59	155264,78	155848,18
BSP15	35	32	243370,22	243656,02	186286,35	187413,76	157065,39	158134,44
BSP14	25	22	246495,36	247212,14	188124,37	189762,48	158662,91	160208,16
BSP25	47	44	241007,78	241184,46	183982,09	184761,31	155408,21	156052,03
BSP24	35	32	242212,13	242388,36	185456,94	186250,82	156302,20	157063,24
BSP35	61	58	240878,85	240605,01	183794,90	184105,73	155145,14	155587,50
BSP34	47	44	240981,02	241373,90	184286,97	184611,22	155435,53	156114,83

¹LEGi: onde i corresponde a ordem de LEG variando de 1 a 5; BSPij: onde i = 1, 2 ou 3 representa a ordem linear, quadrática e cúbica, respectivamente, e j = 4 ou 5 para representar quatro (DIM = 5, 105, 205, e 305) ou cinco (DIM = 5, 80, 155, 230, e 305) equidistantes nós; HE definidas em quatro classes de DIM: 5-35, 36-95, 96-245 e 246-305.

Conclusão

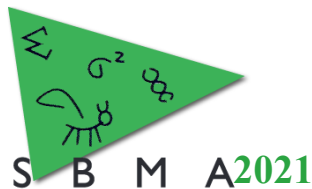
O modelo RR ajustado usando B-splines quadrático com cinco nós assumindo variância residual heterogênea parece ser o modelo mais apropriado para a avaliação genética de búfalas leiteiras.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP (Processo nº 2019/25642-1).

Literatura citada

- IBGE. 2016. Produção Da Pecuária Municipal. IBGE, ed. Rio de Janeiro, RJ - Brasil. ISBN 0101-4234.
- Lázaro, S.F., Tonhati H., Oliveira H.R., Silva A.A., Nascimento A.V., Santos D.J.A, Stefani G. & Brito L.F. 2021. Genomic studies of milk-related traits in water buffalo (*Bubalus bubalis*) based on single-step genomic best linear unbiased prediction and random regression models. **J. Dairy Sci**, 104:1–26.
- Meyer, K. 2005. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genet Sel Evol**, 37:473–500.
- Sesana, R.C., Bignardi A.B., Aspilcuelta-Borquis R.R., El Faro L., Baldi F., Albuquerque L.G. & Tonhati H. 2010. Random regression models to estimate genetic parameters for test-day milk yield in Brazilian Murrah buffaloes. **J. Anim. Breed. Genet**, 127:369–376.



Efeito da herdabilidade e arquitetura genética na acurácia da predição genômica de animais cruzados utilizando dados simulados

Letícia Fernanda de Oliveira^{1*}, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias¹, Arícia Chaves Zanetti Reis¹, Alvimara Felix dos Reis¹, Fernanda Larissa Cesar Santos¹, Tainara Luana da Silva Soares¹, Renata Veroneze¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

*Autor correspondente: leticia.f.oliveira@ufv.br

Resumo: Neste estudo, objetivou-se avaliar como diferentes herdabilidades e arquiteturas genéticas das características afetam a acurácia de predição genômica dos animais cruzados a partir de informações das linhas puras. Foram simulados quinze diferentes cenários considerando diferentes herdabilidades total (poligênica + QTL): 0,50, 0,30 e 0,10; e diferentes herdabilidade de QTL (h^2_{QTL}) correspondente a 0%, 25%, 50%, 75% e 100% da herdabilidade total. As acurácias de predição dos animais cruzados foram calculadas como a correlação de Pearson entre os valores genéticos estimados (GEBVs), preditos pelo método GBLUP, e os valores genéticos verdadeiros (TBVs) dos animais cruzados. A menor acurácia obtida foi 0,2247 quando considerou-se $h^2 = 0,10$ e $h^2_{QTL} = 0\%$ e a maior acurácia obtida foi 0,9418 ao considerar $h^2 = 0,50$ e $h^2_{QTL} = 100\%$. Nos cenários completamente poligênico (0% de h^2 de QTL) e com h^2 de QTL de 25%, a acurácia de predição foi maior para h^2 de 0,3 em comparação a h^2 de 0,5. Nos demais cenários a acurácia aumentou com o aumento da herdabilidade. Independente da h^2 , quanto maior a proporção da variância explicada pelo QTL maior a acurácia de predição. Assim, a acurácia da predição de valores genéticos genômicos para animais cruzados utilizando as linhas puras como população de referência é influenciada tanto pela h^2 quanto pela proporção de variância explicada pelos QTLs.

Palavras-chave: acurácia, herdabilidade de QTL, modelo infinitesimal.

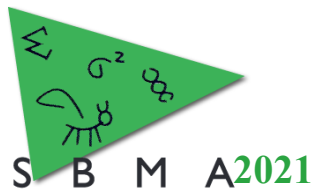
Heritability and genetic architecture in genomic prediction accuracy of crossbred animals using simulated data

Abstract: This study aimed to evaluate how different heritability and genetic architecture of traits affect the accuracy of genomic prediction for crossbred animals based on purebred reference population. Fifteen different scenarios were simulated considering different total heritability (polygenic + QTL): 0.50, 0.30 and 0.10; and different QTL heritability (h^2_{QTL}) corresponding to 0%, 25%, 50%, 75% and 100% of the total heritability. The accuracies of crossbred prediction were calculated as the Pearson correlation between predicted breeding values (GEBVs) and true breeding values (TBVs) of crossbreds. The lowest accuracy obtained was 0.2247 when considering $h^2 = 0.10$ and $h^2_{QTL} = 0\%$ and the highest accuracy obtained was 0.9418 when considering $h^2 = 0.50$ and $h^2_{QTL} = 100\%$. In the completely polygenic (0% of QTL h^2) and 25% of QTL h^2 scenarios, the prediction accuracy was higher for h^2 of 0.3 than for h^2 of 0.5. In the other scenarios, the accuracy increases with the increase in the heritability. Irrespective of heritability, the increase in the proportion of variance explained by the QTLs resulted in an increase in accuracy. Thus, prediction accuracy of breeding values for crossbred animals using pure lines as reference population depends on the heritability and on the proportion of variance explained by the QTLs

Keywords: accuracy, infinitesimal model, QTL heritability.

Introdução

Em muitas espécies de animais de produção é comum o uso de cruzamento de linhas ou raças puras visando explorar os benefícios da heterose e da complementaridade de raças ou linhas. Contudo, em muitos programas de melhoramento, como de suínos e aves, a seleção é realizada nas linhas puras parentais visando a melhoria de índices produtivos nos animais cruzados que serão utilizados nos rebanhos comerciais. Com o desenvolvimento da predição genômica ampliaram-se as possibilidades de incorporação de dados de animais cruzados nas avaliações genéticas, o que tem provocado o aumento significativo de estudos visando o desenvolvimento de metodologias e o melhor entendimento dos fatores que influenciam na acurácia de predição de animais cruzados.



A acurácia da predição genômica depende, dentre outros fatores, da herdabilidade e da arquitetura genética das características e da conexão entre indivíduos que compõem as populações de seleção (ou validação) e treinamento (MORGANTE et al., 2018). (Métodos que assumem arquitetura genética infinitesimal, como GBLUP e ssGBLUP, são amplamente utilizados na predição genômica. Contudo, esses métodos assumem o modelo infinitesimal (MORGANTE et al., 2018), o qual baseia-se na pressuposição de que as características quantitativas são controladas por um número muito grande de genes com um efeito aditivo infinitesimalmente pequeno.

Ao avaliar o efeito da herdabilidade, tamanho da população de treinamento e densidade de marcadores, Zhang et al. (2017) verificaram que a herdabilidade é o fator de maior impacto sobre a acurácia de predição e que dentre esses três fatores é o que apresenta maior percentual de explicação da variação total da acurácia de predição.

Embora o impacto da herdabilidade e da arquitetura genética na acurácia da predição sejam conhecidas, ainda não é totalmente elucidado a influência desses fatores na predição genômica de animais cruzados. Assim, objetivou-se avaliar como diferentes herdabilidades e arquiteturas genéticas das características afetam a acurácia de predição genômica dos animais cruzados a partir de informações das linhas puras.

Material e Métodos

Foram simulados quinze diferentes cenários considerando diferentes herdabilidades total (poligênica + QTL): 0,50, 0,30 e 0,10; e diferentes herdabilidade de QTL correspondente a 0%, 25%, 50%, 75% e 100% da herdabilidade total. Todos cenários simulados apresentaram a mesma estrutura de população. A simulação foi realizada através do software QMSim (SARGOLZAEI & SCHENKEL, 2009), sendo considerada uma população histórica de 500 gerações. Durante 300 gerações a população manteve tamanho constante de 2000 animais e sofreu decréscimo gradual para 1000 indivíduos até a geração 500. Foram mantidos números iguais de indivíduos de cada sexo e os acasalamentos foram aleatórios.

Para a simulação das populações recentes de duas linhas puras (A e B) foram amostrados aleatoriamente 50 machos e 100 fêmeas da última geração da população histórica e acasalados aleatoriamente durante 100 gerações. Para promover a expansão das populações recentes de linhas puras foram simuladas 10 gerações com cinco progênies por fêmea. Foram, então, simuladas as populações de animais cruzados F1 a partir de amostras aleatórias de 100 machos da linha A e 100 fêmeas da linha B, ambos da última geração de cada linha.

Os genótipos simulados consistiram em 1000 SNPs e 100 QTLs distribuídos aleatoriamente ao longo de um cromossomo de 100 cM. As frequências alélicas iniciais para SNPs e QTLs foram de 0,50 na primeira geração da população histórica. Os efeitos de cada QTL foram amostrados de uma distribuição Gama com parâmetro de forma de 0,40.

Os genótipos simulados foram submetidos a controle de qualidade utilizando o software preGSf90 (AGUILAR et al., 2014). Realizou-se a remoção de SNPs com frequência do alelo menor (MAF) menor que 0,05 e SNPs que não estivessem em equilíbrio de Hardy-Weinberg, ou seja, cujas diferenças entre frequências observadas e esperadas de heterozigotos fossem maiores que 0,15.

As análises foram realizadas no software BLUPF90 (MISZTAL, 2002), utilizando o seguinte modelo: $y = Za + e$,

em que y é o vetor de observações, a é o vetor de efeitos aleatórios genético aditivo, Z é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios e e é o vetor de resíduos. Assumiu-se as seguintes pressuposições: $a \sim N(0, G\sigma_a^2)$ e $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$.

Para obter as acurácias de predição dos animais cruzados foi calculada a correlação de Pearson entre os valores genéticos preditos (EBVs) e os valores genéticos verdadeiros (TBVs) dos animais cruzados. A população de treinamento incluiu 36250 animais de ambas as linhas puras.

Resultados e Discussão

As acurácias de predição genômica para animais cruzados, a partir do uso de informações das linhas puras, foram maiores à medida que a herdabilidade total aumentou, havendo também um acréscimo mediante a maior proporção de herdabilidade de QTL (Tabela 1).

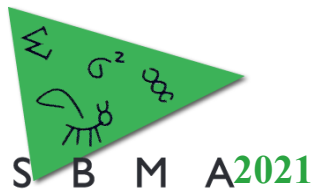


Tabela 1. Acurácias de predição genômica para animais cruzados a partir de informações das linhas puras, considerando diferentes herdabilidades totais e frações de herdabilidade de QTL

h ²	% h ² de QTL*				
	0%	25%	50%	75%	100%
0,1	0,2247	0,3974	0,5955	0,6188	0,8210
0,3	0,4137	0,5449	0,5961	0,7875	0,9189
0,5	0,3917	0,5183	0,7042	0,8434	0,9418

* Percentual em relação a herdabilidade total (h²).

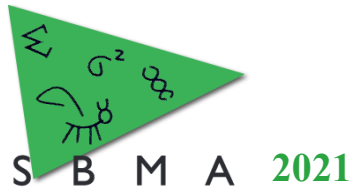
Avaliando, seis combinações de características e ambientes utilizando dados de milho, Zhang et al. (2017) também verificaram que características com maior herdabilidade apresentaram maior acurácia de predição. Hayes et al (2010) mostraram a influência da herdabilidade na acurácia da predição genômica, ressaltando que para características de baixa herdabilidade é necessário um grande número de animais na população referência para atingir altas acurácias. Inesperadamente, no cenário completamente poligênico (0% de h² de QTL) e com h² de QTL de 25%, a acurácia de predição foi maior para h² de 0,3 em comparação a h² de 0,5. Conforme apontado por Wientjes (2015) a acurácia da predição genômica quando a população predita não faz parte da população referência é influenciada por diferenças de desequilíbrio de ligação, frequências alélicas e efeito de substituição alélica entre a população de treinamento e validação. Assim, uma possível explicação para esse resultado é que nos cenários mais poligênicos e com maior herdabilidade ocorreram maiores diferenças no efeito de substituição alélica dos genes que controlam a característica entre a população de treinamento (linhas puras) e cruzados, uma vez que nesses cenários a maior parte da variância genética aditiva é explicada por um grande número de genes de pequeno efeito. A arquitetura da característica predita afeta a acurácia de predição, fazendo com que características mais complexas apresentem menor acurácia de predição comparada a características menos complexas (ZHANG et al., 2017). Quanto mais complexa a característica, ou seja, mais poligênica, maior é a dificuldade em estimar adequadamente os efeitos de substituição alélica dos SNPs, uma vez os efeitos de cada gene serão pequenos e pode acontecer de que parte dos genes que controlam a característica não estejam em em desequilíbrio de ligação com os marcadores moleculares. Maiores acurácias de predição para animais cruzados utilizando dados de linhas puras podem ser obtidos para características em que a maior proporção da variância é explicada pelos QTLs.

Conclusão

Herdabilidade e arquitetura genética influenciam a acurácia de predição de valores genéticos de animais cruzados utilizando linhas puras como população de referência. Quanto maior a proporção da variância explicada pelos QTLs maior é a acurácia de predição dos cruzados.

Literatura citada

- AGUILAR, I. et al. PREGSF90–POSTGSF90: computational tools for the implementation of single-step genomic selection and genome-wide association with ungenotyped individuals in BLUPF90 programs. In: **10. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)**. American Society of Animal Science, 2014.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: **Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production**. 2002. p. 743-744.
- MORGANTE, F. et al. Effect of genetic architecture on the prediction accuracy of quantitative traits in samples of unrelated individuals. **Heredity**, v. 120, n. 6, p. 500-514, 2018.
- SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F. S. QMSim: a large-scale genome simulator for livestock. **Bioinformatics**, v. 25, n. 5, p. 680-681, 2009.
- WIENJES, Yvonne CJ et al. Empirical and deterministic accuracies of across-population genomic prediction. **Genetics Selection Evolution**, v. 47, n. 1, p. 1-14, 2015.
- ZHANG, A. et al. Effect of trait heritability, training population size and marker density on genomic prediction accuracy estimation in 22 bi-parental tropical maize populations. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 1916, 2017.



Meta-análise de correlações genéticas entre características de qualidade do leite de búfalo

Valdecy Aparecida Rocha da Cruz^{1*}, Bruno Delphino Medrado¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto¹,

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Universidade de Ponta Grossa – UEPG, Ponta Grossa – PR, Brasil

*Autor correspondente: valdecya.r.cruz@gmail.com

Resumo: Objetivou-se com este trabalho realizar uma meta-análise de estimativas de correlação genética entre características relacionadas à qualidade do leite de búfalo, incluindo as produções e os percentuais de gordura e proteína. Foi utilizado o modelo com efeitos aleatórios na meta-análise, que contou com até 20 artigos. Foram encontradas médias ponderadas das correlações genéticas que variaram de 0,32 (entre os percentuais de gordura e proteína) até 0,69 (entre as produções de proteína e gordura). As correlações positivas indicam que a seleção para aumento de uma característica aumentará as demais por meio de resposta correlacionada. Estas estimativas, por terem sido obtidas por combinação de muitos estudos realizados em diversos ambientes, com raças e metodologias diferentes, podem ser usadas em programas de melhoramento sob diferentes condições, sendo uma opção para programas de melhoramento que ainda não possuem um controle de dados que permita estimar de forma acurada.

Palavras-chave: búfalo, correlações, qualidade do leite

Meta-analysis of genetic correlations for milk quality traits in buffalo

Abstract: The objective of this study was to perform a meta-analysis of genetic correlation between milk quality traits in buffaloes, including percentages and yields of both protein and fat. The random effect model was used in the meta-analysis, which included until 20 articles. Weighted averages of genetic correlations ranged from 0.32 (between fat and protein percentages) to 0.69 (between fat and protein yields). Positive correlations indicated that selection to increase one trait will increase the others through correlated response. These estimates, as they were obtained by combining many studies carried out in different environments, with different breeds and methodologies, can be used in breeding programs under different conditions, being an option for breeding programs that do not yet have data control that allows accurately estimate.

Keywords: buffalo, genetic correlation, milk quality

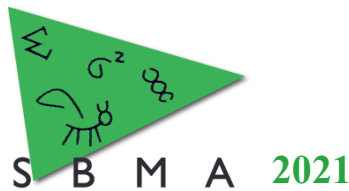
Introdução

A seleção para diferentes características em uma população está diretamente ligada à sua avaliação genética e conseqüentemente ao número de informações disponível no banco de dados. Estimativas dos parâmetros genéticos são, portanto, específicas para as populações nas quais foram estimadas. Entretanto, com o intuito de aumentar o número de informações, estimativas precisas provenientes da combinação das diversas estimativas podem ser encontradas via meta-análise e o uso do modelo com efeitos aleatórios possibilita corrigir o problema da heterogeneidade entre os artigos (Dawson et al., 2016).

Meta-análises de parâmetros genéticos para outras espécies, como bovinos (Oliveira et al., 2017) e ovinos (Medrado et al., 2021) já foram publicadas, mas em búfalos ainda não são conhecidos estudos dessa natureza. Dessa forma, o presente estudo objetivou realizar uma meta-análise com modelo de efeito aleatório para combinar diferentes estimativas publicadas de correlações genética entre características ligadas à qualidade do leite em búfalos.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática da literatura para identificar pesquisas relacionadas à estimativa de parâmetros genéticos em búfalos para variáveis ligadas a qualidade do leite, sendo possível identificar



até 20 artigos publicados entre 1978 e 2021, com diversas raças e metodologias de estimação dos componentes de variâncias. A compilação dos artigos gerou uma base de dados composta por autor, ano de publicação, local de criação dos animais, tipo de criação, raça, período de coleta de dados, metodologia de estimação dos componentes de variância, modelo utilizado, e os efeitos fixos e aleatórios incluídos no modelo

As características de qualidade do leite avaliadas foram produções de gordura e proteína e os percentuais de gordura e proteína. Cada característica teve seu número total de registros calculado somando-se a quantidade indicada em cada artigo individualmente. O valor médio de cada artigo foi utilizado para estimar a média global de cada característica (Tabela 1). Além disso, o desvio padrão e o coeficiente de variação foram calculados para cada característica, utilizando o respectivo conjunto de médias de cada característica. Foi aplicado um controle de qualidade e teste de heterogeneidade que podem ser encontrados com mais detalhes na metodologia descrita por Medrado et al. (2021).

A meta-análise foi realizada usando o pacote meta do programa R (Schwarzer et al., 2015), que utiliza um modelo univariado com efeito aleatório como segue: $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j, $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, u_j é o componente entre os estudos do desvio da média, com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, a quantidade de heterogeneidade entre os estudos é representada pelo τ^2 , enquanto e_j é o componente de desvio da média dentro de cada artigo j, com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. No método utilizado nesta pesquisa, o peso (w_j) foi o inverso da variância, que no modelo aleatório é composto pela variância residual dentro de cada estudo v_j ($v_j = \frac{\sigma_e^2}{n}$), adicionado a τ^2 , sendo $w_j = \frac{1}{(v_j + \tau^2)}$. O método utilizado pelo pacote para estimar o τ^2 é o DerSimonian-Laird, que sempre é consistente com o teste de heterogeneidade (Borenstein et al., 2010). O efeito combinado dos estudos foi calculado usando a seguinte equação: $\bar{\theta} = \frac{\sum_{k=1}^k w_j \hat{\theta}_j}{\sum_{k=1}^k w_j}$, onde o novo parâmetro w_j é o peso do efeito de cada artigo.

O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: $IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm (1.96 \times SE_{\bar{\theta}})$, onde $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$ e representa o erro-padrão da média ponderada do parâmetro na população.

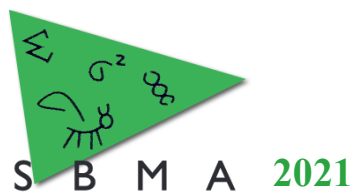
Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Produção de gordura no leite	PG	Kg	20	45295	121,75	33,02	27,12
Produção de proteína no leite	PP	Kg	15	34973	75,56	17,52	23,19
Percentual de gordura no leite	GOR%	%	17	52891	6,76	0,69	10,26
Percentual de proteína no leite	PTN%	%	13	37878	4,21	0,21	5,11

Resultados e Discussão

Os resultados do teste de heterogeneidade mostraram que as estimativas de correlações genéticas não apresentaram indícios de viés de publicação ou efeito de pequenos estudos. O I^2 (índice de heterogeneidade) variou de 30,3 a 95,5 (Tabela 2), indicando que em alguns casos há elevada heterogeneidade entre os artigos utilizados. As correlações genéticas apresentaram RSE variando entre 12,04 (PG x GOR%) até 24,08 (PP x PTN%). Um RSE acima de 25% indica que as estimativas da literatura são muito discrepantes e e uma meta-análise não seria capaz de combinar adequadamente essas estimativas. Os valores de RSE encontrados no presente estudo estão dentro do limite aceitável de variação entre os artigos e justificam a utilização do modelo aleatório na meta-análise (Oliveira et al., 2017).

Tabela 2 – Número de artigos (n), correlações genéticas (rg), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios erro-padrão relativo (RSE%).



Características	n	r_g	IC 95%	I ² %	RSE %
PG x GOR%	4	0,4016	0,3787 - 0,4245	30,3	12,04
GOR% x PTN%	9	0,3210	0,2152 - 0,4268	88,1	14,14
PP x PG	8	0,6921	0,5152 - 0,8690	93,3	13,50
PP x PTN%	3	0,5260	0,3759 - 0,6761	95,1	24,08

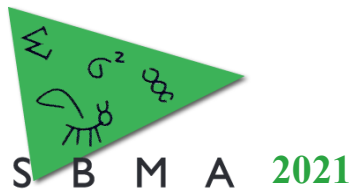
As estimativas de correlações genéticas utilizadas na meta-análise apresentaram distribuição normal no teste de Shapiro-Wilk ($p \geq 0,05$). As médias ponderadas das correlações genéticas e seus intervalos de confiança a 95% estão apresentados na Tabela 2. As correlações genéticas estimadas variaram de 0,32 (GOR% x PTN%) a 0,69 (PP x PG) corroborando com Zerehdaran et al. (2020). Estes resultados indicam que a seleção para aumentar uma característica irá refletir positivamente nas demais, ou seja, terá uma resposta correlacionada que proporcionará ganhos genéticos nas outras características. No entanto, a magnitude das correlações variou de baixa a moderada. Dessa forma, é possível observar que entre as características avaliadas PP e PG são afetadas por uma maior proporção de genes em comuns e, conseqüentemente pode ser obtido maior progresso genético para a seleção em ambas. Vale salientar que do ponto de vista econômico, a seleção para os percentuais de gordura e proteína não é vantajoso se a fazenda se propõe exclusivamente a vender o leite, entretanto, se os derivados sólidos do leite como queijos, faz parte da produção, o aumento do percentual destes constituintes é extremamente importante (Seno et al., 2007). Em se tratando de búfalos no Brasil, a maior parte do leite é destinada a produção derivados lácteos.

Conclusão

O modelo aleatório usado na meta-análise foi essencial devido à grande heterogeneidade existente entre os estudos que estimaram correlações genéticas entre variáveis ligadas à qualidade do leite em búfalas. Os resultados mostraram que algumas características possuem estimativas de correlações genéticas de magnitude moderada, o que permite otimizar os processos seletivos para maximizar os ganhos genéticos anuais. Essas estimativas são uma opção para programas de melhoramento de búfalos que ainda não possuam um controle de dados que permita estimar de forma acurada os parâmetros aqui analisados.

Literatura citada

- Borenstein, M., Hedges, L. V., Higgins, J.P.T., Rothstein, H.R. 2010. A basic introduction to fixed-effect and random-effects models for meta-analysis. **Res. Synth. Methods**, 1, 97–111.
- Dawson, D. V., Pihlstrom, B. L., Blanchette, D. R., 2016. Understanding and evaluating meta-analysis. **J. Am. Dent. Assoc.** 147, 264–270.
- Medrado, B. D., Pedrosa, V. B., Pinto, L. F. B. 2021. Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. **Livestock Science**, 247, 104477.
- Oliveira, H. R. De; Ventura, H. T.; Costa, E. V.; Pereira, M. A.; Veroneze, R.; Duarte, M. D. S.; Dias De Siqueira, O. H. G. B.; Fonseca E Silva, F. 2017. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. **Animal Production Science**, v. 58, 1575–1583.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rucker, G. 2015. Meta- Analysis with R. Springer International Publishing Switzerland, New York, London.
- Seno, L.D.O., Cardoso, V.L., Tonhati, H. 2007. Valores econômicos para as características de produção de leite de búfalas no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 36, 2016–2022.
- Zerehdaran, S.; Ghobakloo, F.; Nooghabi, M. J.; Shariati, M. M. 2020. Meta-Analysis of studies on genetic parameters of economic traits in Iranian Holstein dairy cows. **Journal of ruminant research**, 8, 1–22.



Meta-análise de estimativas de herdabilidade para características de qualidade do leite em búfalos

Valdecy Aparecida Rocha da Cruz^{1*}, Bruno Delphino Medrado¹, Victor Breno Pedrosa², Luís Fernando Batista Pinto¹

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFBA, Salvador, BA, Brasil.

²Universidade de Ponta Grossa – UEPG, Ponta Grossa – PR, Brasil

*Autor correspondente: valdecya.r.cruz@gmail.com

Resumo: O presente trabalho objetivou realizar uma meta-análise de estimativas de herdabilidade para características de qualidade do leite de búfalos, incluindo as produções de gordura, proteína, lactose e mozzarella, bem como os percentuais de gordura e proteína. Foi utilizado o modelo com efeito aleatório na meta-análise de até 20 artigos que estimaram coeficientes de herdabilidade. As médias ponderadas das estimativas de herdabilidade variaram de 0,1651 (produção de gordura) a 0,2751 (percentual de proteína), indicando que algumas características podem responder a seleção em médio prazo. A meta-análise pode ser uma alternativa para estimar parâmetros genéticos acurados, que podem ser usadas em programas de melhoramento sob diferentes condições.

Palavras-chave: búfalo, herdabilidade, qualidade do leite

Meta-analysis of heritability estimates for milk quality traits in buffalo

Abstract: This study aimed to perform a meta-analysis of heritability estimates for milk quality traits in buffalo, including fat, protein, lactose, and mozzarella yields, as well as fat and protein percentages. A random effect model was applied in the meta-analysis of 20 articles that estimated heritability coefficients. The weighted averages of heritability estimates ranged from 0.1651 (fat yield) to 0.28 (protein percentage), indicating that some traits may respond to selection schemes in a medium term. The meta-analysis can be an alternative to estimate accurate estimates of heritability, which can be used by breeding programs under different conditions.

Keywords: buffalo, heritability, milk quality

Introdução

A acurácia da estimação dos parâmetros depende de maior número de informações de várias gerações de indivíduos. No entanto, os custos envolvidos na mensuração de características dificultam a formação de base de dados, principalmente para fase inicial do desenvolvimento de programas de melhoramento. Fatores de ordem genética e ambiental e diferenças na abordagem metodológica são alguns dos responsáveis pela existência de variabilidade entre os parâmetros estimados em cada estudo (Oliveira et al., 2017). Uma estimativa mais acurada através da combinação das diversas estimativas pode ser encontrada via meta-análise e o uso do modelo com efeito aleatório possibilita corrigir o problema da heterogeneidade entre os artigos (Dawson et al., 2016).

Estudos anteriores já publicaram meta-análises de parâmetros genéticos para outras espécies pecuárias, como gado de corte (Oliveira et al., 2017), bovinos leiteiros (Zerehdaran et al., 2020) e ovinos (Medrado et al., 2021). Entretanto, meta-análises com bubalinos não foram reportadas previamente. Desta forma, o presente estudo objetivou realizar uma meta-análise com modelo de efeito aleatório combinando diferentes estimativas publicadas de herdabilidade para características de qualidade do leite em búfalos.

Material e Métodos

Foi realizada uma busca sistemática da literatura para identificar pesquisas relacionadas à estimativa de parâmetros genéticos em búfalos. A presente meta-análise utilizou até 20 artigos publicados entre 1978 e 2021 de diversas raças para gerar estimativas de herdabilidade obtidas por diferentes metodologias de estimação dos componentes de variância.

As características de qualidade do leite avaliadas foram as produções de gordura, proteína, lactose e queijo mozzarella, além dos percentuais de gordura e proteína. Cada característica teve seu número total de

registros calculado somando-se a quantidade indicada em cada artigo individualmente. O valor médio de cada artigo foi utilizado para estimar a média global de cada característica (Tabela 1). Além disso, o desvio padrão e o coeficiente de variação foram calculados para cada característica, utilizando o respectivo conjunto de médias de cada característica. A compilação dos artigos gerou uma base de dados composta por autor, ano de publicação, local de criação dos animais, tipo de criação, raça, período de coleta de dados, metodologia de estimação dos componentes de variância, modelo utilizado, efeitos fixos e aleatórios incluídos no modelo. A meta-análise foi realizada para herdabilidade direta. O erro padrão dessas estimativas, o número de registros fenotípicos, a média fenotípica, o desvio padrão e o coeficiente de variação para cada característica também foram incluídos no banco de dados. Foi aplicado um controle de qualidade, teste de heterogeneidade e teste de correlação de postos de Begg que podem ser encontrados com mais detalhes na metodologia descrita por Medrado et al. (2021).

A meta-análise foi realizada usando o pacote meta do programa R (Schwarzer et al., 2015), que usou o modelo de efeitos aleatórios para cada característica, demonstrado por $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j, $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, u_j é o componente entre os estudos do desvio da média, com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, a quantidade de heterogeneidade entre os estudos é representada pelo τ^2 , enquanto e_j é o componente de desvio da média dentro de cada artigo j, com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. Para calcular o efeito combinado das estimativas dos parâmetros de cada estudo foi aplicado o método de ponderação individual. No método utilizado nesta pesquisa, o peso do efeito de cada artigo (w_j) foi o inverso da variância, que no modelo aleatório é composto pela variância residual dentro de cada estudo v_j ($v_j = \frac{\sigma_e^2}{n}$), adicionado a τ^2 , sendo $w_j = \frac{1}{(v_j + \tau^2)}$. O método utilizado pelo pacote para estimar o τ^2 é o DerSimonian-Laird, que sempre é consistente com o teste de heterogeneidade (Borenstein et al., 2010). O efeito combinado dos estudos foi calculado usando a seguinte equação: $\bar{\theta} = \frac{(\sum_{k=1}^k w_j \hat{\theta}_j)}{\sum_{k=1}^k w_j}$.

O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: $IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm (1.96 \times SE_{\bar{\theta}})$, onde $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^j w_j} \right]^{1/2}$, e representa o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Produção de gordura no leite	PG	Kg	20	45295	121,75	33,02	27,12
Produção de proteína no leite	PP	Kg	15	34973	75,56	17,52	23,19
Produção de lactose no leite	PLAC	Kg	4	16592	102,66	22,33	21,75
Percentual de gordura no leite	GOR%	%	17	52891	6,76	0,69	10,26
Percentual de proteína no leite	PTN%	%	13	37878	4,21	0,21	5,11
Produção de queijo mozzarella	PQM	Kg	4	15628	414,49	160,94	38,83

Resultados e Discussão

O índice de heterogeneidade I^2 para as estimativas de herdabilidade variou de 0 a 93,5 (Tabela 2), sendo em média 61,55. Os valores de erro-padrão relativo demonstrados nas Tabelas 2 estão dentro de um limite aceitável de variação ($RSE < 25\%$) entre os artigos e justificam a utilização do modelo aleatório na meta-análise (Oliveira et al., 2017). Apesar dos mais variados tamanhos populacionais entre os artigos utilizados, esta discrepância não influenciou nos efeitos individuais e nem provocou viés nas estimativas combinadas, excluindo a possibilidade de viés de publicação ou efeitos de pequenos estudos. A ausência de significância no teste de correlação de postos de Begg para as médias ponderadas encontradas para as herdabilidades indica que os efeitos de estudos com erros-padrão pequenos não diferem dos efeitos dos estudos menos precisos.

Tabela 2 - Herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (RSE %).

Característica	Abr	h^2	IC 95%	I^2 %	RSE %
Produção de gordura no leite	PG	0,1651	0,1266 - 0,2035	73,7	8,83
Produção de proteína no leite	PP	0,1804	0,1470 - 0,2138	70,6	7,89
Produção de lactose no leite	PLAC	0,2096	0,0972 - 0,3220	0	11,37
Percentual de gordura no leite	GOR%	0,2249	0,1763 - 0,2734	64,9	13,22
Percentual de proteína no leite	PTN%	0,2751	0,2066 - 0,3435	78,9	12,38
Produção de queijo mozzarella	PQM	0,1868	0,1237 - 0,2500	81,2	14,89

Um dos fatores que justifica o uso do modelo aleatório é a heterogeneidade entre os estudos e a contabilização desta variação na estimação das médias. Como foi demonstrado na Tabela 2, valores baixos, moderados e altos de I^2 foram encontrados, corroborando com algumas meta-análises com outras espécies pecuárias que apresentaram resultados semelhantes para o índice de heterogeneidade (Oliveira et al., 2017). A possibilidade de inferir as estimativas encontradas na meta-análise para a população em geral é outro ponto crucial que torna o modelo aleatório o mais propício para as meta-análises de parâmetros genéticos.

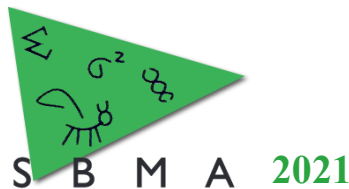
As estimativas obtidas pela meta-análise apresentaram-se de baixa a moderada (0,1651: produção de gordura a 0,2751: percentual de proteína), demonstrando que ganhos genéticos podem ser alcançados para estas características via seleção e estão de acordo com as estimativas obtidas por Zerehdaran et al. (2020). Com base nestes resultados, espera-se que a seleção para características de qualidade de leite em bubalinos apresente ganhos genéticos a médio prazo. Além disso, a seleção de matrizes baseado na performance individual (Fenótipo) delas não garante aos descendentes uma manifestação fenotípica semelhante, recomendando-se, portanto, o uso de estimativas de valor genético para maximizar os ganhos genéticos com a seleção.

Conclusão

Este estudo de meta-análise foi o primeiro a estimar herdabilidade para características ligadas à qualidade do leite em búfalos. O modelo aleatório usado na meta-análise foi essencial e adequado as estimativas de herdabilidades devido à grande heterogeneidade existente entre os artigos publicados. Além disso, os parâmetros obtidos vias metas-análises podem ser usados sob diferentes condições de manejo, clima, raças e modelos, principalmente em programas de melhoramento cujas estimativas próprias ainda não são acuradas.

Literatura citada

- Borenstein, M., Hedges, L. V., Higgins, J.P.T., Rothstein, H.R. 2010. A basic introduction to fixed-effect and random-effects models for meta-analysis. **Res. Synth. Methods**, 1, 97–111.
- Dawson, D. V., Pihlstrom, B. L., Blanchette, D. R., 2016. Understanding and evaluating meta-analysis. **J. Am. Dent. Assoc.** 147, 264–270.
- Medrado, B. D., Pedrosa, V. B., Pinto, L. F. B. 2021. Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. **Livestock Science**, 247, 104477.
- Oliveira, H. R. De; Ventura, H. T.; Costa, E. V.; Pereira, M. A.; Veroneze, R.; Duarte, M. D. S.; Dias De Siqueira, O. H. G. B.; Fonseca E Silva, F. 2017. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. **Animal Production Science**, v. 58, 1575–1583.
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rucker, G. 2015. Meta- Analysis with R. Springer International Publishing Switzerland, New York, London.
- Zerehdaran, S.; Ghobakloo, F.; Nooghabi, M. J.; Shariati, M. M. 2020. Meta-Analysis of studies on genetic parameters of economic traits in Iranian Holstein dairy cows. **Journal of ruminant research**, 8, 1–22.



Efeito da Recombinação no Valor Genético Aditivo de Animais de Raça Composto Montana® para Peso aos 12 Meses

Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado^{1*}, José Bento Sterman Ferraz¹, Joanir Pereira Eler¹,
Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira¹, Gabriela Giacomini³, João Luis Oliveira³, Rafael Nuñez
Dominguez², Gabriel Costa Medeiros¹, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Felipe Eguti de Carvalho¹,
Luis Telo da Gama⁴

¹Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, USP, Pirassununga, SP, Brasil.

²Universidad Autónoma de Chapingo, México

³Associação Internacional de Criadores de Montana

⁴México Faculdade de Veterinária da Universidade de Lisboa, Portugal

*Autor correspondente: *facqc@usp.br*

Resumo: Animais que resultam de cruzamentos de raças distintas apresentam características de ambas as raças e frequentemente têm índices produtivos acima da média dos pais, devido à ocorrência de Heterose. O efeito da perda de heterose ao cruzarmos os animais cruzados chama-se Perda por Recombinação. Neste trabalho, avaliamos informações de peso aos 12 meses de 122.682 animais, os componentes de variância e o valor genético dos animais foram estimados através da família BLUPF90. Os resultados demonstraram que os parâmetros genéticos foram semelhantes quando estimados com e sem recombinação, mas observaram-se diferenças no ranking dos Valores Genéticos.

Palavras-chave: *Heterose, Cruzamento, Recombinação, Seleção*

Recombination effects on additive genetic values of composite beef cattle of the Montana Tropical program for weight at twelve months®

Abstract: Animals resulting from crosses of different breeds have characteristics of both breeds and production rates which are often above the average of the parents, due to the occurrence of heterosis. The effect of loss of heterosis when crossing the crossbred animals we call Loss by Recombination. In this study, we evaluated 12-month weight information for 122,682 animals, and variance components and the breeding value of the animals were estimated using the BLUPF90 family of programs. The results indicated that genetic parameters estimated with and without recombination were similar, but there were differences in ranking of Breeding Values.

Keywords: *Heterosis, crossbreeding, recombination, selection*

Introdução

O melhoramento animal consiste em selecionar os melhores detentores de genes para serem os pais da próxima geração, aumentando na população a frequência de genes de interesse. A complementariedade dos genes dos pais também é importante no processo de seleção, pois pode gerar um fenômeno conhecido como heterose, que é a superioridade da progênie de animais cruzados relativamente à média dos pais. A recombinação também é um efeito importante na seleção de animais cruzados, pois ela pode representar a perda da heterose quando se usam reprodutores cruzados (Dickerson, 1973) devido ao pareamento de alelos de linhagens parentais diferentes. Esse efeito de recombinação pode fazer variar a DEP dos animais e com isso atrapalhar a seleção eficiente de animais.

A raça Montana ® é uma raça sintética composta por quatro grupo genéticos, N, A, B, C, correspondendo a Zebu (*Bos indicus*), Adaptados (*Bos taurus*), Britânicos (*Bos taurus*) e Continentais (*Bos taurus*), respectivamente (Ferraz et. al., 1993). As raças compostas buscam explorar a maximização da heterose conforme supracitado. Portanto, o objetivo desse trabalho é avaliar o impacto na estimação de parâmetros e no valor genético dos animais com a inclusão da Recombinação na equação de predição.

Material e Métodos

Os dados fenotípicos e de pedigree foram cedidos pelo programa de melhoramento genético do Composto Montana ®. Os grupos contemporâneos consideraram a fazenda de nascimento, safra, sexo e

grupo de manejo. A quantidade de informações que tivemos para testar os modelos foram 122.682 observações do fenótipo, com média fenotípica de 276,8 kg e desvio padrão de 59,4 kg. O modelo incluiu 255.966 animais no pedigree e 2.392 grupos contemporâneos, 2.209 grupos de manejo. Os valores da heterose e recombinação, para cada observação foram obtidos como proposto por Dickerson (1973):

$$Het_{i,j}^p = (\alpha_i^s \alpha_j^d + \alpha_j^s \alpha_i^d) \quad (1)$$

$$Recomb_{i,j}^p = (\alpha_i^s + \alpha_j^d)(\alpha_j^s + \alpha_i^d) - Het_{i,j}^p \quad (2)$$

Os componentes de variância e os valores genéticos foram estimados usando programas da família BLUPF90, sendo eles RENUMF90 version 1.146 with zlib, AIREMLF90 1.145 e BLUPF90 1.68, segundo o seguinte modelo proposto por Santana (2013):

$$y = \mu + Xb + Za + Hm + Tp + Wc + e \quad (3)$$

Onde y é o vetor de fenótipos, b é o vetor de efeito fixos (grupos contemporâneos e covariáveis), a é o vetor de valores genéticos diretos, m é o vetor de efeitos genéticos maternos, p é o vetor de efeito ambiental permanente materno, c é o vetor de efeito aleatório de grupo de manejo, e X , Z , H , T e W são as matrizes de incidência destes efeitos. Nos efeitos fixos deste modelo são incluídas como covariáveis os efeitos lineares da heterose individual e materna, e do efeito de recombinação individual.

Para comparar o impacto de incluir o efeito de recombinação, os parâmetros genéticos foram estimados com um modelo que incluiu ou não este efeito fixo no modelo.

Resultados e Discussão

Os componentes de variância de ambos bancos foram estimados por metodologia AIREML e estão descritos na tabela 1. Os resultados foram bem próximos representando pouca influência dos efeitos de recombinação nos componentes estimados.

Tabela 1 – Componentes de variância estimados peso aos 12 meses de bovinos compostos Montana Tropical®

Recombinação	σ^2A	σ^2gman	σ^2e	h^2	AIC
Sem	241,12	80	591,85	0,29	1.158.961
Com	240,50	79	591,85	0,29	1.158.852

Sem e **Com** representam os modelos sem e com recombinação, σ^2A é a variância do efeito genético aditivo, σ^2gman é a variância no efeito aleatório do grupo de manejo, σ^2e é a variância residual, h^2 é a herdabilidade da característica e **AIC** é o critério de informações de Akaike.

Na tabela 2, encontram-se as estatísticas descritivas para os valores genéticos estimados para peso aos 12 meses sem e com recombinação. Apesar de valores muito próximos existiram diferenças entre as análises realizadas nos dois modelos. O efeito da recombinação gerou uma redução de valor genético, concordando com outros estudos.

Tabela 2 – Valores Genéticos (VG) estimados peso aos 12 meses de bovinos compostos Montana Tropical®

Recombinação	n	Min	Max	μVG	$\sigma^2 VG$
Sem ^a	255.966	-52,48	72,67	2,69	64,11
Com ^b	255.966	-52,58	72,95	2,051	61,46

Sem^a e **Com^b**, representam os modelos sem e com recombinação, apresentaram diferença significativa com teste F, p-value < 2.2e-16. μVG é a média do valor genético, $\sigma^2 VG$ é a variância do valor genético.

Já, na figura 1, podemos observar a distribuição dos valores genéticos estimados pelos dois modelos, sem e com recombinação, em que os melhores animais estão no canto inferior esquerdo e os piores no canto superior direito. Os animais acima da linha azul são aqueles em que a inclusão da

recombinação no modelo diminuiu seu valor genético e os animais abaixo da linha azul são aqueles que tiveram seu valor genético aumentado. A figura 1 A mostra a correlação de todos os animais, sendo os extremos mais correlatos e terço médio teve correlação bem inferior, resultando em um $R = 0,98$. Enquanto na figura 1 B vemos a correlação do TOP 100 animais. Os resultados tiveram correlação de $R = 0,87$ indicam uma leve melhoria do ranking dos animais que se beneficiam da recombinação e uma queda alta dos animais que tiveram perdas pela recombinação.

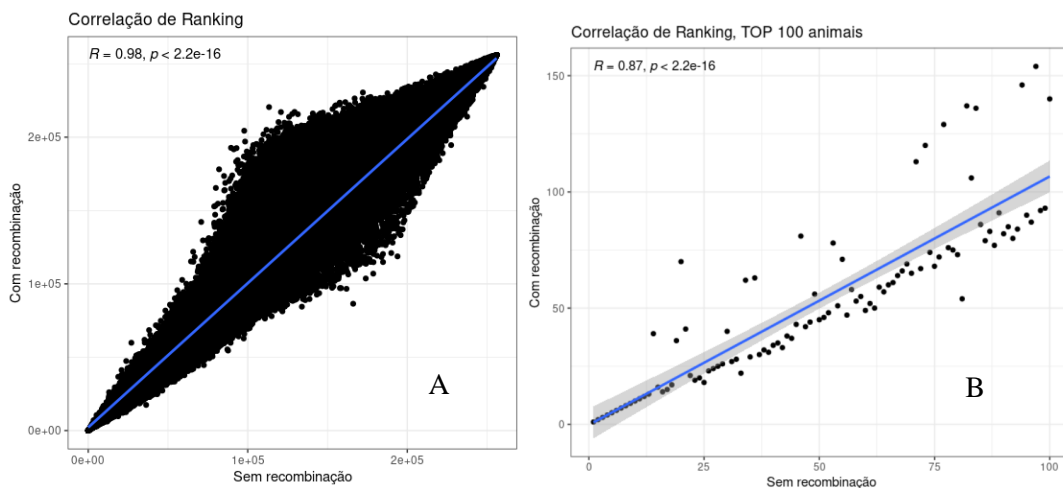


Figura 1 – Correlação de Ranking do valor genético dos animais para peso aos 12 meses sendo A, o geral e B o TOP 100 dos animais.

Conclusão

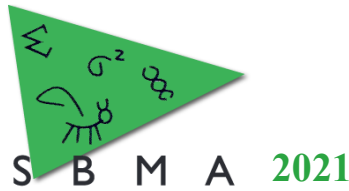
Esse estudo encontrou que o modelo incluindo os efeitos de recombinação resulta em parâmetros genéticos estimados que diferem pouco do modelo que ignora os efeitos de recombinação. Todavia, o modelo com efeito de recombinação pode ser usado para prever o mérito produtivo dos animais em populações compostas, pelo que deve ser estudado mais profundamente.

Agradecimentos

Agradecemos à Associação Internacional de Criadores de Montana e à Capes (Brasil), bolsa Capes/Print, processo 88887.571363/2020-00 e Bolsa de Mestrado, Código de Financiamento 001

Literatura citada

- DICKERSON, G. E. INBREEDING AND HETEROSIS IN ANIMALS. *Journal of Animal Science*, v. 1973, n. Symposium, p. 54–77, 1 jan. 1973.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. *Rev. Bras. Reprod. Animal*, v. 23, p. 115-117, 1999.
- SANTANA, M. L.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Alternative contemporary group structure to maximize the use of field records: Application to growth traits of composite beef cattle. *Livestock Science*, v. 157, n. 1, p. 20–27, out. 2013.



Impacto da utilização de pseudo-fenótipos na predição dos valores genéticos de características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore

Caroline Assis Almeida^{1*}, Fernando de Oliveira Bussiman², Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Rachel Santos Bueno Carvalho³, Elisângela Chicaroni de Mattos¹, Joanir Pereira Eler¹, Miguel Henrique de Almeida Santana⁴, Tamires Miranda Neto⁵, José Bento Sterman Ferraz¹

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

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

³Departamento de Ciências Básicas, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

⁴Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

⁵Agro-pecuária CFM Ltda., São José do Rio Preto, SP, Brasil.

*Autor correspondente: caroline.assis.almeida@usp.br

Resumo: o objetivo deste estudo foi investigar o impacto da utilização de diferentes pseudo-fenótipos na predição do valor genético de características reprodutivas e de eficiência alimentar. Os parâmetros genéticos utilizados foram estimados via inferência Bayesiana sob modelo limiar- linear multicaracterística. As características avaliadas foram probabilidade de prenhez aos 14 meses, produtividade anual média da vaca e consumo e ganho residual. A fim de avaliar o impacto das metodologias, a estimativa do coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos e a correlação de Spearman foram determinadas, considerando os cenários de fenótipo original, valor genético tradicional, valor genético tradicional desregredido e o desvio de rendimento das filhas como pseudo-fenótipos. Os coeficientes de correlação entre os cenários mostraram-se de alta magnitude dentro de cada característica, com exceção da característica de eficiência alimentar. Os melhores cenários para a predição dos valores genéticos foram valor genético tradicional e valor genético tradicional desregredido.

Palavras-chave: acurácia de seleção, análise genética, característica limitada ao sexo, correlação de Spearman, desregressão

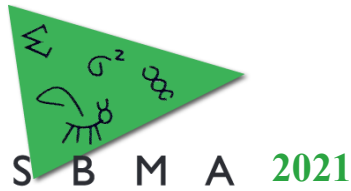
Impact of the use of pseudo-phenotypes in predicting the genetic values of feed efficiency and reproductive traits in Nelore cattle

Resumo: The aim of this study was to investigate the impact of different pseudo-phenotypes on breeding value prediction of reproductive traits and feed efficiency. The genetic parameters used were estimated via Bayesian inference under a linear-threshold multitrait model. The traits evaluated were probability of pregnancy at 14 months, cumulative annual productivity and residual intake and gain. To assess the impact of the methodologies, the estimate of the Pearson's correlation coefficient between breeding values and Spearman's correlation were examined, considering the scenarios of original phenotype, estimated breeding value, deregressed estimated breeding values and daughter yield deviations as pseudo-phenotypes. The correlation coefficients between the scenarios showed to be of high magnitude within each trait, except for the feed efficiency trait. Exposing that the best scenarios for predicting breeding values were estimated breeding value and deregressed estimated breeding values.

Keywords: accuracy of selection, deregression, genetic analysis, sex-limited trait, Spearman correlation

Introdução

O uso de pseudo-fenótipos é fundamental em caso de animais que possuam fenótipos pouco explicativos ou animais genotipados que não possuam fenótipos, fenótipos mensurados tardiamente ou para aqueles limitados a um dos sexos, como no caso de características reprodutivas. Dado que, o uso de pseudo-fenótipos expande de maneira significativa o tamanho amostral, uma vez que se realiza um pré-processamento dos dados fenotípicos de maneira que uma pontuação fenotípica é produzida para cada um dos indivíduos genotipados (Garrick et al., 2009; Neves et al., 2014), conseqüentemente há uma melhora na acurácia de predição. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi investigar o impacto da utilização de diferentes variáveis respostas na predição do valor genético de características reprodutivas e de eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore.



Material e Métodos

Os bancos de dados utilizados neste trabalho são provenientes de rebanhos comerciais de bovinos da raça Nelore, e estão sob responsabilidade do Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo (USP). O banco de registros fenotípicos continha informações de 194.063 animais, mensurados para características de eficiência alimentar e reprodutivas, e o banco de genealogia continha informações de 802.057 animais. As características avaliadas foram: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14); *stayability* ou habilidade de permanência no rebanho (STAY); produtividade anual média da vaca (PRODAM); consumo alimentar residual (CAR); ganho de peso residual (GPR); e consumo e ganho residual (CGR).

A estimação dos componentes de (co)variâncias e dos parâmetros genéticos foi realizada por meio de inferência Bayesiana sob modelo limiar-linear multicaracterística, com auxílio do software THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2002). Foi gerada uma única cadeia contendo 1.000.000 amostras, considerando um período de *burn in* de 500.000 amostras e um intervalo de salvamento a cada 100 amostras; todas as inferências foram feitas com base nas 5.000 amostras restantes da distribuição à *posteriori*.

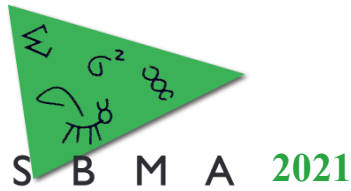
Para o cálculo dos pseudo-fenótipos foram selecionadas apenas uma característica de eficiência alimentar (CGR) e duas de eficiência reprodutiva (PP14 e PRODAM), uma vez que o consumo e ganho residuais (CGR), relaciona o CAR e o GPR para gerar um parâmetro que apresenta uma correlação mais favorável com o consumo e o ganho de peso (Berry & Crowley, 2012). As características reprodutivas foram decididas devido a importância econômica, sendo que, PP14 é uma característica indicativa de precocidade sexual, na qual se mede a probabilidade da novilha ficar prenha quando são expostas ao touro entre os 12 e 16 meses de idade e a PRODAM é uma característica que estima a produção média anual de cada vaca, em kg de bezerros desmamados (Eler et al., 2002).

Os valores genéticos tradicionais desregredidos (dEBV) foram calculados usando o valor genético tradicional (EBV) e suas respectivas acurácias conforme a abordagem proposta por Garrick et al. (2009). Os desvios de rendimento das filhas (DYD) também foram calculados usando o EBV tradicional, conforme descrito por VanRaden & Wiggans (1991). O modelo utilizado para determinar as soluções das variáveis respostas, pode ser descrito, em notação escalar, como: $y_i = \mu + u_j + e_i$, em que y_i representa as observações (EBV, dEBV ou DYD) para as características estudadas; μ é o intercepto (média geral); u_j representa o efeito do aleatório genético aditivo direto do i -ésimo animal e e_i representa o termo residual aleatório e foi utilizado em todas as metodologias um fator de ponderação específico de desregressão.

A estimativa do coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos obtidos pelas diferentes metodologias aplicadas foi calculada considerando os cenários: Y - valores genéticos obtidos por meio da análise tradicional multicaracterística, EBV - valores genéticos obtidos com a utilização do EBV como pseudo-fenótipo, dEBV - valores genéticos obtidos com a utilização do dEBV como pseudo-fenótipo, e DYD - valores genéticos obtidos com a utilização do DYD como pseudo-fenótipo. A partir das abordagens estudadas foi calculada a correlação de ranque (correlação de Spearman) para verificar as possíveis alterações no ranqueamento dos animais.

Resultados e Discussão

O coeficiente correlação de Pearson entre o EBV predito por meio do fenótipo original (Y) e as variáveis respostas das características, foi de alta magnitude e positivo, exceto quando comparamos a variável DYD da característica de eficiência alimentar, que possui magnitude moderada e negativa (Y – DYD: -0,39; EBV – DYD: -0,46; dEBV – DYD: -0,42). O coeficiente de correlação variou de 0,89 a 0,98 para PP14, 0,74 a 0,97 para PRODAM e -0,46 a 0,98 para CGR. Entre as características reprodutivas considerando todos os cenários, os valores encontrados foram de moderada magnitude, variando de 0,58 a 0,76. Entre CGR e PP14 as correlações foram negativas e de moderada magnitude, variando -0,47 a -0,37, exceto quando comparamos os DYD das características (0,41). Entre CGR e PRODAM as correlações são positivas e baixa magnitude, variando 0,06 a 0,08, exceto quando comparamos os DYD das características (0,25).



Como o DYD é a medida do desvio real do desempenho das filhas sendo, portanto, uma variável dependente diretamente do número de filhas e da herdabilidade da característica, os baixos coeficientes de correlação encontrados no CGR podem ser em parte explicados pelo número amostral inferior e um baixo número de progênes dos animais avaliados para essa característica.

As correlações de Spearman foram favoráveis e de moderada a alta magnitudes, com exceção do método DYD na característica de eficiência alimentar. As maiores associações (0,94; 0,90 e 0,88 para CGR, PP14 e PRODAM, respectivamente) são entre o fenótipo original e o método de desregressão (dEBV), o que sugere alta associação linear entre os ranques dos animais para as características avaliadas, implicando na manutenção de posição da classificação dos animais, quando se comparam o Y e dEBV.

Conclusões

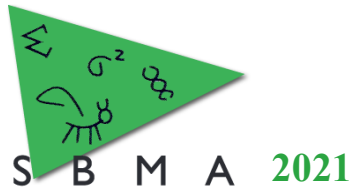
Os melhores cenários para a predição dos valores genéticos foram EBV e dEBV para todas as características, pois não houve significativa alteração no ranqueamento dos animais. O método DYD não foi indicado para a característica de eficiência alimentar apresentada nesse estudo.

Agradecimentos

A Agro-Pecuária CFM Ltda. e a Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos por fornecer o banco de dados. Ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da USP/FZEA. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Literatura citada

- 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**, v. 90, n. 1, p. 109–115.
- Eler, J.P.; Silva, J.A.II V.; Ferraz, J.B.S.; Dias, F., Oliveira, H.N.; Evans, J.L.; Golden, B.L. 2002. Genetic evaluation of the probability of pregnancy at 14 months for Nellore heifers. **Journal of Animal Science**, v. 80, n. 4, p. 951–954.
- Garrick, D.J.; Taylor, J.F.; Fernando, R.L. 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, p. 55.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T.; Lee, D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceedings... In: World congress on genetics applied to livestock production, 2002, Montpellier.
- Neves, H.H.R.; Carvalheiro, R.; O'Brien, A.M.P.; Utsunomiya, Y.T.; Carmo, A.S.; Schenkel, F.S.; Sölkner, J.; McEwan, J.C.; Van Tassell, C.P.; Cole, J.B.; Silva, M.V.G.B.; Queiroz, S.A.; Sonstegard, T.S.; Garcia, J.F. 2014. Accuracy of genomic predictions in *Bos indicus* (Nellore) cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, p. 13.
- VanRaden, P.M.; Wiggans, G.R. 1991. Derivation, Calculation, and Use of National Animal Model Information. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 8, p. 2737–2746.



Modelagem de funções adaptativas quanto à ocorrência de diferentes tipos de seleção artificial e natural em rebanhos de ovinos com ocorrência de parasitoses

Leonardo Sartori Menegatto^{1*}, Ricardo Dutra do Bem², Luara Afonso de Freitas¹, Luiza Vage Coelho Sartori², Nedenia Bonvino Stafuzza², Claudia Cristina Paro de Paz²

¹Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

²Centro de Pesquisa de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP, Brasil.

*Autor correspondente: leonardomenegatto@gmail.com

Resumo: A seleção pode exibir as naturezas direcional, modelada por uma função linear, ou balanceadora e disruptiva, modeladas por uma função quadrática. Tais modelos podem adquirir maior complexidade, sendo adequado o uso de funções polinomiais. Objetivou-se analisar o comportamento de cinco populações de ovinos para seleção de peso vivo, utilizando como critério de viabilidade o volume globular, relacionada à anemia resultante de infecções parasitárias. Foram realizadas correlações do volume com coloração da conjuntiva ocular e o grupo intermediário foi selecionado como o de ocorrência do vigor adaptativo médio. Foram construídas funções lineares, quadráticas e polinomiais. A população com menor correlação foi adequadamente modelada por uma função quadrática, o que foi corroborado por uma função polinomial de grau 6. As duas funções intermediárias foram modeladas por funções lineares ou quadráticas, apresentando melhores conformações por *splines* cúbicas. Por sua vez, as populações com maiores correlações apresentaram modelagem satisfatória com funções lineares, o que foi corroborado por funções polinomiais de grau 5. As funções polinomiais foram adequadas em remover vieses dos modelos simplificados. Notou-se majoritária rede de seleção direcional, especialmente quando aumentada a correlação entre as duas características avaliadas.

Palavras-chave: função linear, função polinomial, função quadrática, seleção direcional, seleção estabilizadora, spline cúbica.

Modeling of adaptive functions regarding the occurrence of different artificial and natural selection types in sheep herds with occurrence of parasitizes

Abstract: In evolution, selection can be directional, modeled by a linear function, or stabilizing and disruptive, modeled by a quadratic function. Such models can acquire greater complexity, being suitable for the use of polynomial functions. We aimed to analyze the selection occurrence in five sheep populations for live weight, using the corpuscular volume as a viability criterion, related to anemia resulting from parasitic infections. We performed correlations between the last parameter with the eye color chart and we selected the intermediate group as the one with average fitness. We built linear, quadratic and polynomial functions. The population with the lowest correlation was properly modeled by a quadratic function, which was confirmed by a polynomial function of 6th degree. The two intermediate functions were modeled by linear or quadratic functions, showing better conformations by cubic splines. Finally, populations with higher correlations showed appropriated modeling with linear functions, which was confirmed by polynomial functions of 5th degree. The polynomial functions were adequate to remove biases from the simplified models. The directional selection network was shown in the majority of the situations, especially when the correlation between the two evaluated characteristics increased.

Keywords: cubic spline, directional selection, linear function, polynomial function, quadratic function, stabilizing selection.

Introdução

A seleção pode exibir as naturezas direcional, quando favorece um dos tipos extremos em detrimento do outro, estabilizadora ou balanceadora, quando favorece o tipo intermediário, e disruptiva, quando favorece os dois tipos extremos simultaneamente. Lande & Arnold (1983) modelaram a seleção direcional como uma função linear (positiva ou negativa), a seleção balanceadora como uma função

quadrática com coeficiente angular negativo e a seleção disruptiva como uma função quadrática com coeficiente angular positivo. Na ovinocultura de corte, peso vivo costuma ser um critério comum para o melhoramento genético, operando sob forte seleção direcional artificial, mas apresenta ruído sob a susceptibilidade dos animais a parasitoses, a qual pode apresentar seleção balanceadora natural, enquanto característica imunológica (BAMSHAD & WOODING, 2003). Ainda, Schluter (1988) argumentou para a possibilidade de seleções truncadas e/ou com dados não-normais poderem enviesar o modelo simplificado de Lande & Arnold (1983), propondo um modelo polinomial. Objetiva-se modelar episódios de seleção em ovinos para verificar o tipo de seleção sofrido, considerando diferentes graus de anemia dos animais.

Material e Métodos

Foram utilizados 1.602 ovinos da raça Santa Inês provenientes de cinco rebanhos. Em cada população foram aferidos critérios de volume globular (VG), coloração da conjuntiva ocular (CCO) pelo método de Famacha® e peso vivo, com três repetições em ensaio longitudinal, perfazendo 4.206 grupos de observação. Foram realizadas correlações de Pearson entre VG e CCO e, sendo significativas, foi escolhido o grupo intermediário de CCO como parâmetro médio de viabilidade (nota 3). A partir da média de VG de tal grupo, calculou-se o vigor adaptativo médio e, pelos valores absolutos de VG de cada aferição, foram calculados os valores de vigor adaptativo relativo, pelo qual se ordenou o conjunto de dados. As populações foram modeladas para peso vivo em função do vigor adaptativo relativo em curvas lineares e quadráticas, bem como polinomiais, utilizando máxima verossimilhança para calcular o polinômio que melhor representaria a tendência de cada população. Os resultados das equações e a análise gráfica das funções foram comparados entre os dois métodos e entre as cinco populações.

Resultados e Discussão

Todas as cinco correlações foram significativas, variando de -0,30 a -0,75, com VG médio variando de 0,24 a 0,29 (Tabela 1). A população com menor correlação foi adequadamente modelada por uma função quadrática, o que foi corroborado por uma função polinomial de grau 6. As duas funções intermediárias foram modeladas por funções lineares ou quadráticas, apresentando melhores conformações por *splines* cúbicas. Por sua vez, as populações com maiores correlações apresentaram modelagem satisfatória com funções lineares, o que foi corroborado por funções polinomiais de grau 5 (Figura 1).

Tabela 1. Correlação entre volume globular (VG) e coloração da conjuntiva ocular (CCO) de todos os animais e valor médio do VG para os animais intermediários sob CCO das cinco populações avaliadas.

Parâmetro	³ Fazendas (populações)				
	Zanetti	Vassoural	IZ	Mumbuca	Carpa
¹ Correlação CCO e VG	-0,30*	-0,36*	-0,44*	-0,44*	-0,75*
² VG médio	0,26	0,27	0,27	0,29	0,24

¹Correlação entre coloração da conjuntiva ocular (CCO) obtida pelo método de Famacha® e volume globular (VG); ²volume globular médio dos animais com nota 3 na cartela de Famacha®; ³nome das fazendas em que se conduziu o estudo de cada população; *significância sob $\alpha = 5\%$.

Primeiramente, observa-se que, sob situações de correlações intermediárias, o método de Schluter (1988) foi válido em remover vieses dos modelos e convergiu com os resultados de Lande & Arnold (1983) quando a correlação foi superior ou inferior. Criticamente, havendo baixa correlação entre as características e/ou seleção em sentidos opostos, é natural que se modele uma rede de seleção balanceadora e uma função quadrática. Havendo isoladamente alta correlação, ambos os métodos tendem a demonstrar uma forte seleção direcional. Situações intermediárias podem provocar complexidade maior na conformação da função que modela a rede de seleção, sendo o método de Schluter (1988) útil frente à eventual demasiada simplificação de Lande & Arnold (1983). Ademais, rebanhos com distribuição mais próxima do normal quanto à coloração da conjuntiva ocular apresentaram maior similaridade entre os dois métodos, sendo tal questão já adiantada por Schluter (1988).

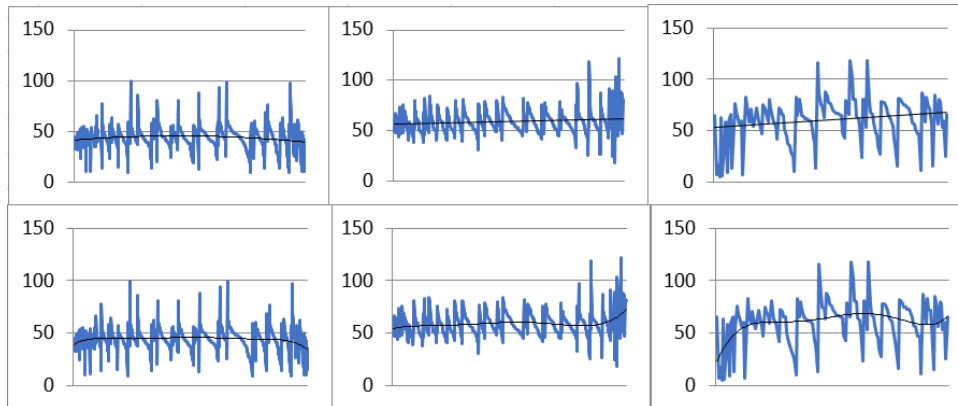


Figura 1. Distribuição de peso médio em função do vigor adaptativo relativo, calculado como a razão do volume globular (VG) de cada animal pelo VG médio de animais com nota 3 na cartela de Famacha®. Apresentam-se, respectivamente da esquerda para a direita, os rebanhos das fazendas Zanetti, Vassoural e Carpa, as quais apresentaram correlação crescente entre volume globular e coloração da conjuntiva ocular, mensurada pelo método de Famacha®; e, respectivamente de cima para baixo, modelos simplificados (lineares ou quadráticos) e polinomiais. Observa-se convergência entre os dois métodos para as populações extremas e melhora na aferição do segundo método para a população intermediária (fazenda Vassoural). O rebanho da fazenda Zanetti é modelado por uma função quadrática, enquanto o rebanho da fazenda Carpa por uma função linear.

Nota-se que a seleção direcional é a que melhor modela a maioria dos casos. Assim, apesar da possibilidade de seleção balanceadora em características imunológicas, observou-se que os animais com maiores valores de volume globular majoritariamente convergiram com o ganho de peso. Tal questão mostra mais do que simples critério indireto de seleção – algo já antevisto por melhoristas e ovinocultores – mas apresenta análise da evolução da população como um todo. Considerando a seleção natural como resíduo dos modelos de melhoramento genético animal, o uso da abordagem descrita pode ser indicado como método para aferir criticamente a real complexidade da seleção praticada. Além disso, permite analisar os parâmetros genéticos de cada população de forma mais abrangente, enquanto interesse científico básico.

Conclusão

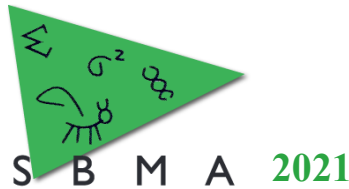
Os dois métodos foram satisfatórios em aferir o tipo de seleção sofrido pelas populações, com o método de Schluter (1988) apresentando poder de remover vieses do modelo simplificado de Lande & Arnold (1984) quando os dados não são normais e/ou apresentam correlação intermediária entre si. Há majoritária rede de seleção direcional quando modelados o ganho de peso como parâmetro de seleção artificial e o volume globular enquanto parâmetro de seleção natural.

Agradecimentos

Os autores agradecem à FAPESP (Processo 2018/01540-2) e à CAPES.

Literatura citada

- Bamshad, M.; Wooding, S.P. 2003. Signatures of natural selection in the human genome. **Nature Reviews Genetics**, 4, p. 99-111.
- Lande, R.; Arnold, S.J. 1983. The measurement of selection on correlated characters. **Evolution**, 37, 1210-1226.
- Schluter, D. 1988. Estimating the form of natural selection on a quantitative trait. **Evolution**, 42, 849-862.



Parâmetros genéticos relacionados à tolerância ao estresse térmico durante o final da gestação para o crescimento pós-natal de bovinos de corte compostos

Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹, Annaiza Braga Bignardi¹, Joel Alves da Silva¹, José Bento Sterman Ferraz², Joanir Pereira Eler², Alberto Menéndez-Buxadera³, Rodrigo Junqueira Pereira¹, Mário Luiz Santana Júnior^{1*}

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

²Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB), Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil.

³Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Córdoba, Spain

*Autor correspondente: santana@ufr.edu.br

Resumo: Nosso objetivo com a realização do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos associados à tolerância ao estresse térmico durante o final da gestação para o ganho de peso (GP) do nascimento à desmama de bovinos de corte compostos. Foram utilizados fenótipos de 141.496 animais nascidos em 41 fazendas situadas em estados da região norte, centro-oeste, sudeste e sul do Brasil. Foi adotado um modelo de norma de reação linear com regressão do valor genético aditivo direto e materno dos animais para GP sobre o índice de temperatura e umidade (ITUg) médio dos últimos 40 dias de gestação de cada animal. Verificou-se redução das estimativas de herdabilidade direta e materna para maiores valores de ITUg e correlações genéticas muito abaixo da unidade para o GP entre ITUg's mais distantes entre si. Portanto, a resposta à seleção deve ser diferente dependendo do nível de estresse térmico sofrido pela vaca e o feto durante o período final da gestação. Adicionalmente, apenas uma pequena parte dos mesmos genes é responsável pelo GP em condições contrastantes de ambiente térmico durante o período final de gestação de bovinos de corte compostos.

Palavras-chave: bovinos de corte, índice de temperatura e umidade, interação genótipo ambiente, norma de reação.

Genetic parameters related to heat stress tolerance during the end of gestation for the post-natal growth of composite beef cattle

Abstract: Our objective with the present study was to estimate genetic parameters associated with tolerance to heat stress during late gestation for weight gain (WG) from birth to weaning of composite beef cattle. Phenotypes of 141,496 animals born in 41 farms located in states in the North, Midwest, Southeast, and South regions of Brazil were used. A linear reaction norm model was adopted with regression of the direct and maternal additive breeding value of the animals for WG on the average temperature and humidity index (THI_g) of the last 40 days of gestation of each animal. There was a reduction in direct and maternal heritability estimates for higher values of THI_g and genetic correlations well below unity for the WG between THI_g's more distant from each other. Therefore, the response to selection must differ depending on the heat stress suffered by the cow and fetus during the final gestation period. Additionally, only a small part of the same genes is responsible for WG under contrasting thermal environment conditions during the final gestation period of composite beef cattle.

Keywords: beef cattle, genotype by environment interaction, reaction norm, temperature and humidity index.

Introdução

Um estímulo ou insulto atuando durante períodos críticos de crescimento e desenvolvimento pode resultar em alteração permanente da estrutura, fisiologia e metabolismo da progênie (Chadio & Kotsampasi, 2014). Tao et al. (2012) verificaram que para vacas que sofreram estresse térmico no período gestacional, houve interferência no fluxo de nutrientes para as cisternas da glândula mamária e redução na produção de leite. Costa et al. (2016) observaram em vacas que sofreram estresse térmico no terço final da gestação

tiveram menor crescimento fetal, placentário e redução da concentração de hormônios circulantes importantes para manutenção da gestação. Assim, para obter ganhos genéticos mais expressivos nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte criados em condições tropicais, investigações profundas devem ser realizadas acerca dos impactos do estresse térmico pré-natal sobre o desempenho dos animais. Nesse contexto, nosso objetivo com a realização do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos associados à tolerância ao estresse térmico durante o final da gestação para o ganho de peso do nascimento à desmama de bovinos de corte compostos.

Material e Métodos

Foram utilizados no presente estudo 141.496 registros de ganho de peso (GP) do nascimento à desmama de bovinos de corte compostos nascidos entre 1996 e 2019 em 41 fazendas situadas em estados da região norte, centro-oeste, sudeste e sul do Brasil. O pedigree completo incluiu 319.153 animais. Todos os bezerros foram nascidos entre agosto e novembro e foram desmamados por volta dos sete meses de idade. Em geral, os animais foram mantidos em pastos de *Brachiaria brizantha* recebendo suplementos minerais e algumas também forneceram suplementos proteicos. Os registros de GP passaram por controle de qualidade em que foram eliminadas observações que estiveram acima ou abaixo de 3,5 desvios-padrão da média do respectivo grupo de contemporâneos (GC), observações oriundas de GC com menos de 10 animais e aquelas obtidas de filhos de reprodutores múltiplos. O descritor ambiental adotado neste estudo foi o índice de temperatura e umidade (ITU): $ITU = (1,8 \times T + 32) - (0,55 - 0,0055 \times UR) \times (1,8 \times T - 26)$. As informações climáticas foram obtidas de estações meteorológicas brasileiras oficiais (INMET/BDMEP). O ITU médio foi calculado sobre o período de 40 dias antes do nascimento de cada animal (ITU_g). Um modelo de norma de reação foi aplicado aos dados considerando os efeitos genéticos aditivos direto e materno (regredidos sobre o ITU_g), ambiente permanente materno, GC (fazenda, safra, grupo de manejo, mês do nascimento), sexo, as covariáveis lineares de idade do animal à desmama, composição racial do animal e da mãe, heterosigose direta e materna, além do resíduo. Os componentes de (co)variância foram estimados por meio do programa GIBBS3F90 (Misztal et al., 2002) assumindo variância residual heterogênea de acordo com as seguintes classes de valores de ITU_g: $ITU_g \leq 62$, $62 < ITU_g \leq 72$ e $ITU_g > 72$.

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade direta e materna variaram consideravelmente ao longo a escala de valores de ITU_g, como mostrado na Figura 1. Houve tendência de redução das referidas estimativas com o aumento dos valores de ITU_g. Portanto, é esperado que a resposta à seleção seja diferente dependendo do nível de estresse térmico sofrido pela vaca e o feto durante o período final da gestação.

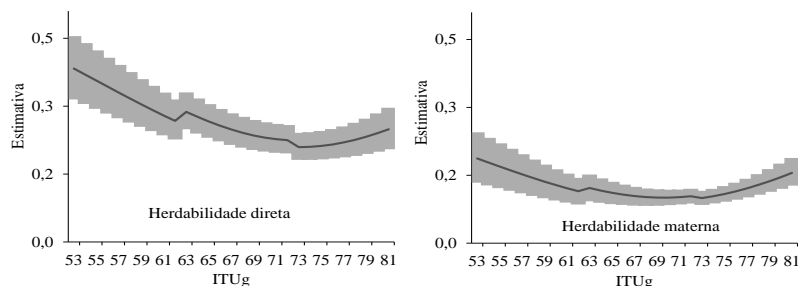


Figura 1. Estimativas de herdabilidade direta (esquerda) e materna (direita) para o ganho de peso do nascimento à desmama de bovinos de corte compostos em função do índice de temperatura e umidade (ITU_g) médio do período final de gestação dos animais.

As estimativas de correlação genética para o efeito direto e materno do GP alcançaram valores muito abaixo da unidade, especialmente entre ITU_g's extremos opostos. Esses resultados indicam que uma pequena parte dos mesmos genes é responsável pelo GP em condições contrastantes de ambiente térmico durante o período final de gestação de bovinos de corte compostos. Santana et al. (2016) obtiveram resultados semelhantes em estudo sobre tolerância ao estresse térmico para o peso à desmama de duas populações de bovinos de corte compostos do Brasil. Esses autores afirmaram que a interação genótipo

ambiente devido ao estresse térmico constitui uma importante fonte de variação para o desempenho pós-natal dos animais. Bradford et al. (2016) obtiveram correlações genéticas diretas abaixo de 0,5 entre condições térmicas diferentes para o peso à desmama de bovinos Angus dos Estados Unidos. Baseado nesses achados, Bradford et al. (2016) concluíram que o peso à desmama não era a mesma característica entre aqueles ambientes.

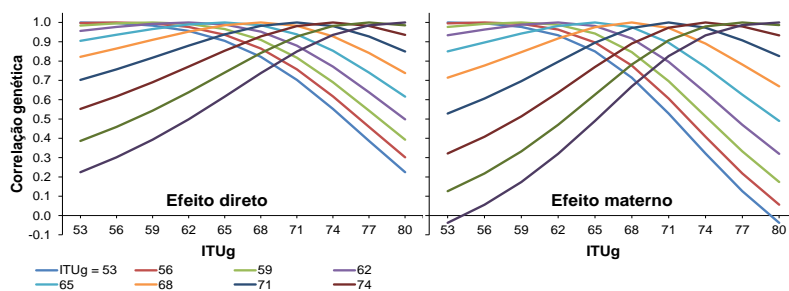


Figura 2. Correlações genéticas diretas (esquerda) e maternas (direita) para o ganho de peso do nascimento à desmama de bovinos de corte compostos entre diferentes valores médios do índice de temperatura e umidade (ITUg) do período final de gestação dos animais.

Conclusão

As condições térmicas durante o período final de gestação levam a consideráveis mudanças nas estimativas de parâmetros genéticos para o crescimento pós-natal de bovinos de corte compostos, o que pode impactar a resposta à seleção. Apenas uma pequena parte dos mesmos genes são responsáveis pelo ganho de peso entre o nascimento e a desmama em condições contrastantes de ambiente térmico durante o período final de gestação de bovinos de corte compostos. Nesse sentido, o estresse térmico constitui uma importante fonte de interação genótipo ambiente para a população estudada e deveria ser considerado durante o processo seletivo dos animais.

Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT, processo nº 0425887/2020) pelo apoio financeiro.

Literatura citada

BRADFORD, H. L.; FRAGOMENI, B. O.; BERTRAND, J. K.; LOURENCO, D. A. L.; MISZTAL, I. Regional and seasonal analyses of weights in growing Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 94, n. 10, p. 4369-4375, 2016.

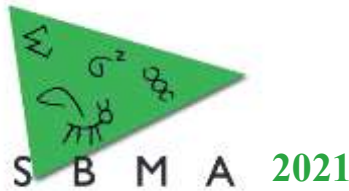
CHADIO, S.; KOTSAMPASI, B. The role of early life nutrition in programming of reproductive function. **Journal of Developmental Origins of Health and Disease**, v. 5, n. 1, p. 2-15, 2014.

COSTA, A. N. L.; ARAÚJO, A. A.; ARAÚJO, É. P. Efeitos do estresse térmico na reprodução de fêmeas bovinas. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 40, n. 4, p.123-125. 2016.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D. H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Anais...In: Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production, 2002, Montpellier, France.

SANTANA, M. L.; BIGNARDI, A. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Genetic variation of the weaning weight of beef cattle as a function of accumulated heat stress. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 133, n. 2, p. 92-104, 2016.

TAO, S.; MONTEIRO, A. P.; THOMPSON, I. M.; HAYEN, M. J.; DAHL, G. E. Effect of late-gestation maternal heat stress on growth and immune function of dairy calves. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 12, p. 7128-7136, 2012.



Interação genótipo × ambiente térmico durante o final da gestação para peso ao nascimento de bovinos de corte compostos

Joel Alves da Silva¹, Annaiza Braga Bignardi¹, Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹, José Bento Sterman Ferraz², Joanir Pereira Eler², Alberto Menéndez-Buxadera³, Rodrigo Junqueira Pereira¹, Mário Luiz Santana Júnior^{1*}

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

²Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB), Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil.

³Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Córdoba, Spain

*Autor correspondente: santana@ufr.edu.br

Resumo: Nosso objetivo com a realização do presente estudo foi avaliar a presença de interação genótipo × ambiente (IGA) e a sensibilidade de valores genéticos para peso ao nascimento (PN) ao estresse térmico durante o final da gestação de bovinos de corte compostos. Um modelo de norma de reação foi aplicado a 157.414 registros de PN com regressão dos valores genéticos diretos e maternos sobre o valor médio do índice de temperatura e umidade do período final de gestação de cada animal. As baixas correlações genéticas entre intercepto e inclinação das normas de reação, variação genética do PN e a evidente reclassificação do mérito genético de reprodutores em resposta ao estresse térmico comprovaram a existência de IGA e a sensibilidade de valores genéticos dos animais ao estresse térmico durante o final da gestação. Portanto, a consideração apropriada da IGA em avaliações genéticas deve contribuir para aumento da eficiência do processo de melhoramento genético.

Palavras-chave: estresse térmico, gado de corte, índice de temperatura e umidade, norma de reação.

Genotype × thermal environment interaction during late gestation for birth weight of composite beef cattle

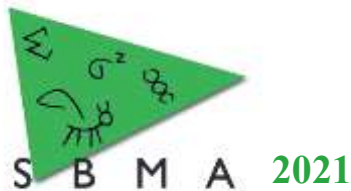
Abstract: Our objective with the present study was to evaluate the presence of genotype × environment interaction (G*E) and the sensitivity of breeding values for birth weight (BW) to heat stress during late gestation in composite beef cattle. A reaction norm model was applied to 157,414 PN records with regression of direct and maternal breeding values over the mean value of the temperature and humidity index of the final gestation period of each animal. The low genetic correlations between intercept and slope of reaction norms, genetic variation of BW, and the evident reranking of genetic merit of sires in response to heat stress proved the existence of G*E and sensitivity of genetic values to heat stress during late gestation. Therefore, the proper consideration of G*E in genetic evaluations should increase the efficiency of breeding programs.

Keywords: beef cattle, heat stress, reaction norm, temperature and humidity index.

Introdução

O Brasil é um país de proporções continentais, com sistemas heterogêneos de exploração de bovinos determinados, em grande parte, pelas diferenças climáticas, econômicas e culturais (Lopes et al., 2008). O desempenho de animais selecionados em um ambiente de exploração pode não ser o mesmo em outro ambiente, e essa modificação de desempenho caracteriza a interação genótipo × ambiente (IGA). O estudo de diferenças na sensibilidade dos valores genéticos às condições ambientais pode ser feito utilizando modelos de norma de reação (MNR). Os MNR permitem a avaliação de animais em diferentes ambientes com poucos parâmetros. A norma de reação pode ser definida como a mudança sistemática na expressão média de uma característica fenotípica que ocorre em resposta à mudança sistemática de uma variável ambiental (De Jong, 1990).

Evidências na literatura apontam que o estresse térmico sofrido pela vaca e seu feto durante a gestação pode ter impacto no desempenho futuro da progênie (Tao et al., 2019). Assim, esse fator pode



constituir potencial fonte de IGA especialmente para bovinos de corte de origem europeia criados em condições tropicais. Assim, nosso objetivo com a realização do presente estudo foi avaliar a presença de IGA e a sensibilidade de valores genéticos para peso ao nascimento (PN) ao estresse térmico durante o final da gestação de bovinos de corte compostos.

Material e Métodos

Foram utilizados nas análises do presente estudo 157.414 registros de PN de bovinos de corte Compostos Tropical Montana, nascidos entre agosto e novembro dos anos de 1996 a 2019 em 41 fazendas situadas em Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Pará, Rio Grande do Sul e São Paulo. O pedigree completo incluiu 345.607 animais. Em geral, os animais foram mantidos em pastos de *Brachiaria brizantha*. Todas as fazendas forneceram suplementos minerais e algumas também forneceram suplementos proteicos. Os registros de PN passaram por controle de qualidade em que foram eliminadas observações que estiveram acima ou abaixo de 3,5 desvios-padrão da média do respectivo grupo de contemporâneos (GC), observações oriundas de GC com menos de 10 animais e aquelas obtidas de filhos de reprodutores múltiplos. O descritor ambiental adotado neste estudo foi o índice de temperatura e umidade (ITU): $ITU = (1,8 \times T + 32) - (0,55 - 0,0055 \times UR) \times (1,8 \times T - 26)$. As informações climáticas foram obtidas de estações climáticas brasileiras oficiais (INMET/BDMEP). O ITU médio foi calculado sobre o período de 40 dias antes do nascimento de cada animal (ITU_g). Um modelo de norma de reação foi aplicado aos dados considerando os efeitos genéticos aditivos direto e materno (regredidos sobre o ITU_g), ambiente permanente materno, GC (fazenda, safra, grupo de manejo, mês do nascimento), sexo, as covariáveis lineares de composição racial do animal e da mãe, heterosigose direta e materna, além do resíduo. Os componentes de (co)variância foram estimados por meio do programa GIBBS3F90 (Misztal et al., 2002) assumindo variância residual heterogênea de acordo com as seguintes classes de valores de ITU_g: $ITU_g \leq 62$, $62 < ITU_g \leq 72$ e $ITU_g > 72$.

Resultados e Discussão

As correlações genéticas entre intercepto e inclinação das normas de reação foram relativamente baixas (Tabela 1) e indicaram que existe substancial reclassificação do mérito genético dos animais em função do ambiente térmico durante o final da gestação. A razão entre a variância genética de inclinação e do intercepto indica que há importante variação genética para resposta em desempenho dos animais ao estresse térmico. Além disso, esses resultados comprovam a ocorrência de IGA devido ao ambiente térmico durante o final da gestação para o PN de bovinos de corte compostos. Resultados semelhantes foram obtidos por Halli et al. (2021), os quais também verificaram IGA devido ao estresse térmico durante o final da gestação para o PN de bovinos duplo propósito de origem europeia.

Tabela 1. Correlação (r_g) e razão de variâncias genéticas entre intercepto (i) e inclinação (s) das normas de reação para o peso ao nascimento de bovinos de corte compostos.

Parâmetro	Efeito	Média	Desvio padrão	Intervalo de credibilidade 95%	
r_g i - s	Direto	0,467	0,065	0,336	0,592
	Materno	0,352	0,114	0,137	0,603
s / i	Direto	0,202	0,035	0,138	0,267
	Materno	0,814	0,234	0,401	1,315

As normas de reação dos 25 touros mais utilizados (maior número de progênes) na população foram mostradas na Figura 1. Segundo Falconer (1990), a variação na inclinação da norma de reação está relacionada diretamente à interação entre o genótipo e o ambiente refletindo assim a sensibilidade ambiental. Claramente, os resultados obtidos aqui demonstram a sensibilidade ambiental dos valores genéticos dos animais para PN quanto ao ambiente térmico. Portanto, a condição térmica durante períodos críticos do desenvolvimento dos animais, como a gestação, pode ser considerada uma importante fonte de IGA para o desempenho de bovinos de corte compostos. Da mesma forma como reportado por Halli et al. (2021) para bovinos de origem europeia, puderam ser identificados na população estudada aqui, reprodutores que são tolerantes geneticamente ao estresse térmico. Logo, a consideração apropriada da IGA em avaliações genéticas deve contribuir para aumento da eficiência do processo de melhoramento genético.

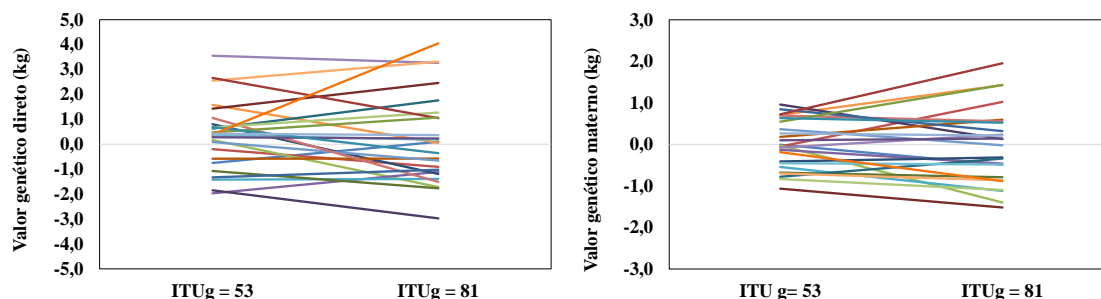


Figura 1. Normas de reação de valores genéticos aditivos diretos (esquerda) e maternos (direita) de 25 touros com maior número de filhos na população analisada em diferentes índices de temperatura e umidade (ITUg).

Conclusão

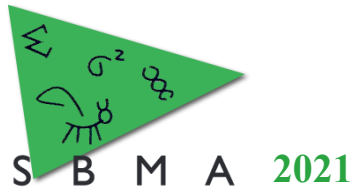
As baixas correlações genéticas entre intercepto e inclinação das normas de reação, variação genética do PN e a evidente reclassificação do mérito genético de reprodutores em resposta ao estresse térmico comprovaram a existência de IGA e a sensibilidade de valores genéticos dos animais ao estresse térmico durante o final da gestação. Portanto, a consideração apropriada da IGA em avaliações genéticas deve contribuir para aumento da eficiência do processo de melhoramento genético.

Agradecimentos

Ao programa Composto Tropical Montana, INMET/BDMEP pelos dados fornecidos e à Universidade Federal de Rondonópolis pelo apoio financeiro.

Literatura citada

- De Jong G. 1990. Quantitative Genetics of reaction norms. *Journal of Evolutionary Biology*, 3, 447-468.
- Falconer D.S. 1990. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. *Genetical Research*, 56, 57-70.
- Halli K., Brügemann K., Bohlouli M., Yin T., & König S. 2021. Heat stress during late pregnancy and postpartum influences genetic parameter estimates for birth weight and weight gain in dual-purpose cattle offspring generations. *Journal of Animal Science*, 99, 1-12.
- Lopes J.S., Rorato P.R.N., Weber T., Boligon A.A., Comin J.G., Dornelles M.A. 2008. Efeitos da interação genótipo x ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 37, 54-60.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H. 2002. Blupf90 and related programs (BGF90). In Proceedings of the 7th World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Montpellier, France.
- Tao, S., Dahl, G. E., Laporta, J., Bernard, J. K., Orellana Rivas, R. M., & Marins, T. N. 2019. PHYSIOLOGY SYMPOSIUM: Effects of heat stress during late gestation on the dam and its calf. *Journal of Animal Science*, 97, 2245-2257.



Efeitos dos erros de genotipagem na estimação dos valores genéticos genômicos: um estudo de simulação

Fernanda Schneberger^{1*}, Rafael Espigolan¹, Alisson Stefany Acero Valderrama¹, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Fernando de Oliveira Bussiman³, Caroline Assis Almeida¹, Felipe Eguti de Carvalho¹, José Bento Sterman Ferraz¹, Elisângela Chicaroni Mattos¹, Fernando Baldi², Joanir Pereira Eler¹

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

² Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (FCAV/UNESP), Jaboticabal, Brasil

³ Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo (VNP-FMVZ/USP), Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: fschneberger@usp.br

Resumo: A seleção genômica permitiu ganhos de acurácia na predição do valor genético de candidatos à seleção mais jovens, com maior conhecimento da covariância genética entre os indivíduos. A existência de erros na informação genotípica é inevitável, com consequências pouco conhecidas. Foram analisados dados simulados de 50.000 animais, 6.000 genótipos em alta densidade, para uma característica com herdabilidade de 0,32 e variância fenotípica igual a 1,0. As predições foram obtidas via ssGBLUP para cinco cenários de taxas de erros genotípicos (0%, 1,0%, 3,0%, 5,0% e 7,0%). Os erros genotípicos causam diminuição da variância entre os relacionamentos genômicos, viés na estimação dos valores genéticos e diminuição da acurácia de predição genômica quanto maior a taxa de erro presente nos genótipos.

Palavras-chave: Acurácia, bovinos, seleção genômica, SNP, ssGBLUP

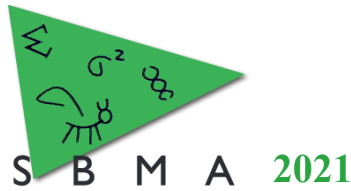
Effects of genotyping errors on the estimation of genomic breeding values: a simulation study

Abstract: Genomic selection allowed for accuracy gains in the predicted breeding values of younger candidates for selection, with the genetic covariance between individuals better known. The existence of errors in genotypic information is inevitable, with consequences that are little known and clarified. Simulated data from 50,000 animals, 6,000 genotypes in high density, for a heritability trait of 0.32 and phenotypic variance 1.0, were analyzed. Predictions were obtained via ssGBLUP from five genotypic error rates scenarios (0%, 1.0%, 3.0%, 5.0% and 7.0%). Genotypic errors may cause a decrease in variation in genomic relationships, bias in the estimation of breeding values and decrease in the accuracy of genomic prediction as higher the error rate is.

Keywords: Accuracy, cattle, genomic selection, SNP, ssGBLUP

Introdução

A seleção genômica (SG) transformou profundamente muitos programas de melhoramento genético ao redor do mundo. Com o método, pois com a metodologia foi possível inserir informações de marcadores moleculares às estimativas de parentesco e covariância genética entre indivíduos (Meuwissen et al., 2001) resultando em melhorias na acurácia de predição dos animais jovens e sem progênie. A aplicação da informação genômica requer que genótipos densos sejam obtidos para formação de grupos de referência (animais com informação fenotípica e de marcadores) para avaliação dos candidatos à seleção, por isso, milhares de animais são genotipados anualmente (Ventura et al., 2019), o que gera custos financeiros consideráveis. Na obtenção da matriz de parentesco realizado (Legarra et al., 2009), na primeira etapa da seleção genômica, são estimados os efeitos dos marcadores genéticos bialélicos, do tipo polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), e a qualidade dessa informação pode ter muitas consequências nas etapas seguintes (Pimentel et al., 2015). A adoção dos métodos moleculares tornou mais evidente a distância genética entre animais aparentados, com o possível indicativo de erros de pedigree ou de genotipagem, quando os valores desviam expressivamente da média esperada. Considerando os erros de genotipagem, nem todas as suas origens estão claras, ou são inevitáveis, com



taxas muitas vezes desconhecidas. O crescimento das coletas de dados e do uso de painéis de marcadores do tipo SNP distintos agravam esse problema, inclusive, a adoção da imputação dos genótipos de menor para maior densidade (Ventura et al., 2019), sendo estes os principais fatores da ocorrência de erros genotípicos e inconsistências mendelianas em bancos de dados. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de diferentes taxas de erros genotípicos sobre viés e acurácia dos valores genéticos genômicos obtidos via ssGBLUP, utilizando dados simulados em bovinos de corte.

Material e Métodos

As populações foram simuladas utilizando o software QMSim versão 2.0, resultando em um total de 15 gerações, das quais as 5 gerações mais recentes (50.000 animais) foram analisadas. Genótipos para 6.000 indivíduos, contendo 600.000 marcadores do tipo SNP e 1000 QTL distribuídos entre os 29 autossomos (40 cM a 146 cM de comprimento) foram simulados. Todo o processo de simulação foi realizado em 5 replicatas e considerando uma característica com herdabilidade de 0,32 e variância fenotípica de 1,0. A taxa de substituição de touros e matrizes foi mantida constante ao longo das 15 gerações em 60% e 20%, respectivamente, e o critério de descarte foi o menor valor genético estimado (EBV), obtido via método BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). O valor genético verdadeiro (TBV) de cada indivíduo foi calculado como a soma dos efeitos de substituição alélica no QTL. Os fenótipos foram gerados pela adição de um resíduo ao TBV. Cinco taxas de erros genotípicos (0%, 1,0%, 3,0%, 5,0% e 7,0%) foram simuladas nos genótipos simulados após o controle de qualidade dos dados. Os erros foram inseridos nas posições de marcadores em que, o alelo de menor frequência calculado fosse presente (MAF, < 0,45), foi feita a substituição do genótipo homocigoto pelo heterocigoto ou pelo homocigoto oposto, na mesma proporção, de acordo com as taxas de erros desejadas, que foram aplicadas por linha do arquivo, ou seja, em cada animal. Foram considerados os 6.000 genótipos aleatórios de animais pertencentes às três gerações simuladas mais recentes, via ssGBLUP (*single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction*).

Resultados e Discussão

A simulação teve por objetivo mimetizar algoritmos de imputação, que normalmente sugerem o haplótipo mais frequente durante a imputação (Pimentel et al., 2015). As taxas de erros simuladas correspondem à diferença entre 1 e o valor de acurácia de imputação, considerado como percentual de genótipos imputados corretamente, e são semelhantes aos observados em estudos com dados reais (Carvalho et al., 2014). Foram comparados na Tabela 1 os efeitos dos erros genotípicos na avaliação genética de dois grupos, um com todos os animais genotipados e outro com apenas 100 indivíduos superiores, considerando que estes são mais importantes para a seleção e melhoramento, e normalmente deixam mais descendentes. O erro no genótipo não causou alteração na estimação da herdabilidade, com valores de 0,27 e 0,26, na ausência e presença de 7,0% de erros, respectivamente.

Entre todos os indivíduos, o desvio padrão dos elementos fora da diagonal da matriz genômica foram 0,042, 0,039, 0,034, 0,030 e 0,028 para as taxas de erros de 0%, 1,0%, 3,0%, 5,0% e 7,0%, respectivamente, indicando que a presença de erros genotípicos pode causar redução da variação entre os relacionamentos genômicos. No grupo dos 100 melhores animais observamos diminuição de 0,400 para 0,333 no valor de correlação de ranking e de 0,437 para 0,345 no valor de correlação entre TBV e GEBV, causados pela taxa de 7,0% de erros. A alteração mais acentuada para esse grupo foi sobre o valor da acurácia BIF de predição (Item 5 da Tabela 1), que diminuiu de 45,41% para 34,28% na presença da maior taxa de erros, uma diferença de 11,13 pontos percentuais. De acordo com Pimentel et al. (2015) bons candidatos à seleção podem ser penalizados durante a avaliação se o genótipo contiver erros genotípicos semelhantes a estes.

Apesar das altas correlações dentro do grupo de 6000 animais, é notável a tendência linear dos efeitos das taxas de erros de genotipagem nas análises dos 100 melhores animais. A inclinação do coeficiente de regressão do TBV sobre o GEBV foi calculada para analisar o viés no GEBV, e observamos tendência de subestimação para os 100 animais superiores, em todos os níveis de erros. Foi possível investigar que o aumento dos alelos mais frequentes, que ocorreu após a inserção dos erros, diminuiu o desvio dos valores genéticos em relação à média populacional, corroborando com as teorias da genética quantitativa.

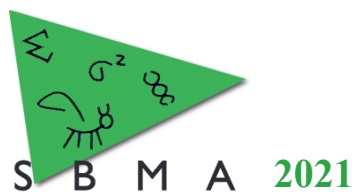


Tabela 1. Mudanças na classificação de ranqueamento, na correlação entre TBV e GEBV, na regressão do TBV sobre o GEBV e acurácia de predição dos animais genotipados

Grupos	¹ Taxa de erro	² ρ Ranking	³ r(TBV,GEBV)	⁴ b(TBV,EBV)	⁵ ACC (%)
⁶ G1	0%	0,400	0,437	0,301	45,41
	1,0%	0,382	0,427	0,293	42,13
	3,0%	0,352	0,395	0,267	37,42
	5,0%	0,341	0,369	0,248	34,76
	7,0%	0,333	0,345	0,227	34,28
⁷ G2	0%	0,845	0,850	1,133	43,48
	1,0%	0,844	0,849	1,134	40,48
	3,0%	0,838	0,844	1,130	36,10
	5,0%	0,830	0,840	1,123	33,54
	7,0%	0,820	0,830	1,120	32,84

¹Erros genotípicos; ²Coeficiente de correlação de Spearman entre TBV e GEBV, classificados de acordo com o TBV; ³Correlação de Pearson entre TBV e GEBV; ⁴Coeficiente de regressão do TBV sobre o GEBV; ⁵ACC: acurácia BIF do valor genético genômico; ⁶G1: Grupo dos 100 melhores animais genotipados, classificados de acordo com o TBV; ⁷G2: Grupo de 6,000 animais genotipados.

Conclusão

Observou-se um padrão linear em todas as mudanças causadas pelos erros genotípicos simulados, entre os 100 animais superiores. Erros de genotipagem podem causar perda de variância genética nos dados e induzir à menor acurácia de predição genômica.

Agradecimentos

Agradeço à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 pela concessão da bolsa de estudo de Mestrado. Ao grupo de pesquisa do Laboratório de Melhoramento Animal e Biotecnologia “Dr. Gordon Dickerson” da FZEA USP. Ao Dr. Mehdi Sargolzaei por conceder o software QMSim v2. Ao Dr. Mario Calus pelo conselho.

Literatura citada

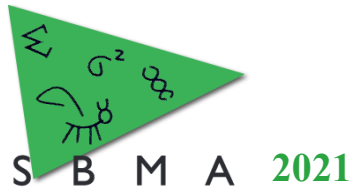
Carvalho R.; Boison S.A.; Neves H.H.R.; Sargolzaei M.; Schenkel F.S.; Utsunomiya Y.T.; O'Brien A.M.P.; Sölkner J.; McEwan J.C.; Van Tassel C.P.; Sonstegard T.S.; Garcia J.F. Accuracy of genotype imputation in Nelore cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, n. 1, p. 1-11, 2014.

Legarra A.; Aguilar I.; Misztal I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of dairy science**, v. 92, n. 9, p. 4656-4663, 2009.

Meuwissen T.H.E.; Hayes B.J.; Goddard M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, n. 4, p. 1819-1829, 2001.

Pimentel E.C.G.; Edel C.; Emmerling R.; Götz K.U. How imputation errors bias genomic predictions. **Journal of dairy science**, v. 98, n. 6, p. 4131-4138, 2015.

Ventura R.V.; Brito L.F.; Oliveira G.A.; Daetwyler H.D.; Schenkel F.S.; Sargolzaei M.; Vandervoort G.; Fonseca E Silva F.; Miller S.P.; Carvalho M.E.; Santana M.H.A.; Mattos E.C.; Fonseca P.; Eler J.P.; Ferraz J.B.S. A comprehensive comparison of high-density SNP panels and an alternative ultra-high-density panel for genomic analyses in Nelore cattle. **Animal Production Science**, v. 60, n. 3, p. 333-346, 2019.



Caracterização da estrutura populacional genotípica do Composto Tropical Montana®

Camila Alves dos Santos^{1*}, José Bento Sterman Ferraz², Rafael Espigolan², Concepta McManus³, Tiago do Prado Paim¹

¹Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Instituto Federal de educação ciência e tecnologia Goiano, Rio Verde, GO, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, Brasil.

³ Departamento de Ciências Fisiológicas; Instituto de Biologia, Campus Darcy Ribeiro, Universidade de Brasília.

*Autor correspondente: *camilaalvesdossantos240@gmail.com*

Resumo: O Composto Tropical Montana® foi desenvolvido cruzando animais de quatro tipos biológicos ou grupos raciais diferentes. O conhecimento da proporção racial é importante para gerenciamento de programas de melhoramento de raças compostas. Objetivou-se com este trabalho caracterizar a estrutura populacional genotípica através da análise de componentes principais (PCA) e verificar a relação dessa com a proporção de composição racial dos animais estimada pelo pedigree. Foram utilizados dados de pedigree e genótipos de 2603 animais com 39791 SNPs. Os animais do Composto Tropical Montana® apresentaram grande diversidade nas primeiras duas dimensões do PCA. No entanto, os diferentes agrupamentos observados no PCA não estão fortemente relacionados com a proporção racial do pedigree. As correlações entre o PC e a composição racial variaram de -0.39 entre PC1 e Adaptadas e 0.62 entre PC5 e Nelore. A análise de regressão para estimativa da composição racial usando os cinco primeiros componentes apresentou baixos coeficientes de determinação ($R^2 < 0.50$).

Palavras-chave: bovino, genômica, pedigree, raça.

Abstract: Montana Tropical® Composite was developed by crossing animals of four different biological types or racial groups. Knowledge of racial proportion is important for managing composite breed improvement programs. The objective of this work was to characterize a population genotypic structure through principal component analysis (PCA) and to verify the relationship of this composition of breed composition of animals estimated by the pedigree. Pedigree and genotype data from 2603 animals with 39791 SNP were used. The animals in the Montana® Tropical Compost show great diversity in the first two dimensions of the PCA. However, the different groupings observed in the PCA are not strongly related to a racial proportion of the pedigree. Correlations between PC and a racial composition range from -0.39 between PC1 and Adapted and 0.62 between PC5 and Nelore. A regression analysis to estimate racial composition using the first five components shows low coefficients of determination ($R^2 < 0.50$).

Keywords: bovine, genomic, pedigree, breed.

Introdução

O Composto Tropical Montana® foi desenvolvido cruzando animais de quatro tipos biológicos ou grupos raciais diferentes 1) Raças Zebuínas (N), 2) Raças taurinas adaptadas (A), 3) Raças Britânicas (B), e 4) raças da Europa continental (C) (Grigoletto et al., 2020). As diferenças entre os grupos biológicos podem ser utilizadas para adequar o genótipo dos animais ao ambiente e aumentar a eficiência produtiva (Silva et al., 2007). O conhecimento da proporção racial é importante para gerenciamento do programa de melhoramento, no entanto a estimativa dessa proporção baseada no pedigree após 2 ou mais cruzamentos pode apresentar maiores desvios em relação a proporção genômica devido a amostragem mendeliana. A Análise de Componentes Principais (PCA) foi capaz de estimar as proporções raciais do pedigree e genômicas da raça Brangus e cruzamentos entre Angus e Brahman (Gobena et al., 2018). Objetivou-se com este trabalho caracterizar a estrutura populacional genotípica do Composto Tropical Montana® com o uso do PCA e correlaciona-la com a proporção das raças fundadoras através do pedigree.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de pedigree e genótipos de 2603 animais com 39791 SNPs fornecidos pela associação de criadores da raça e GMAB Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da FZEA da USP Pirassununga. O Software PLINK (<https://www.cog-genomics.org/plink/1.9/>) foi utilizado para realizar o controle de qualidade dos genótipos (0,5 para GC score Gen, Taxa de chamada de genótipos ausentes ≥ 0.1 , taxa de leitura menor que 90%, MAF inferior a 1%) e cálculo de PCA com 10 PC. A correlação de pearson, regressão e plot foram executados utilizando os pacotes do software R Hmisc, carplot e ggplot respectivamente.

Resultados e Discussão

Observou-se agrupamentos dos animais dentro da população. No entanto não foi notado um padrão de cor da proporção racial que correspondesse aos agrupamentos dos animais pelo PCA (Figura 1). Nos dois primeiros componentes da PCA (Figura 1), observa-se um grupo grande e próximo de animais no lado positivo da primeira dimensão, enquanto a segunda dimensão separa os animais em dois extremos. Essa distribuição dos animais aparentemente não tem relação com a proporção dos quatro grupos genéticos do pedigree.

Os 5 primeiros componentes principais (PC) representaram 69.13% da representação da variabilidade dos dados. O resultado da correlação entre PC e proporção racial dos animais demonstrou correlação significativa do PC1 com B (positiva) e A (negativa). PC4 correlação positiva com A e negativa com B e PC5 correlação positiva com N. Portanto os PCs têm uma relação com a composição racial do pedigree, no entanto essa não é tão forte quanto esperado (Figura 2).

Os resultados da análise de regressão demonstraram que todos os cinco primeiros componentes foram significativos para determinar as proporções de composição racial do pedigree. Foram obtidas as seguintes equações $N = 0.54 * PC1 + 0.59 * PC2 + 1.08 - 0.67 * PC4 + 2.62 * PC5$ ($R^2 = 0.51$); $A = -2.90 * 0.33 * PC2 + 1.24 * PC3 + 3.30 * PC4 - 1.422 * PC5$ ($R^2 = 0.42$); $B = 2.66 * PC1 + 0.63 * PC2 - 1.85 * PC3 + -2.36 * PC4 + 1.34 * PC5$ ($R^2 = 0.43$), $C = -0.29 * PC1 - 0.29 * PC2 - 0.47 * PC3 - 0.25 * PC4 + 0.14 * PC5$ ($R^2 = 0.063$).

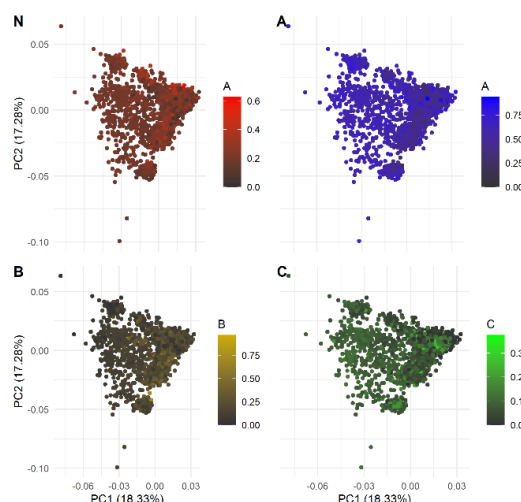


Figura 1. Análise de componentes principais (PC1 e PC2) e identificação das proporções raciais de acordo com pedigree do Composto Tropical Montana®.

Acredita-se que o uso do PCA não foi capaz de prever as proporções dos grupos biológicos na proporção do pedigree pelos desvios de amostragem mendeliana durante a gametogênese (Gobena et al., 2018). Paim et al. (2020) ao analisar a estrutura da população de Brangus demonstrou diferença entre as

estimativas de composição genética baseada em pedigree e dados genômicos. Portanto, é possível que a composição racial genômica dos animais do Composto Tropical Montana seja diferente da composição racial estimada no pedigree, o que deverá ser investigado em estudos futuros

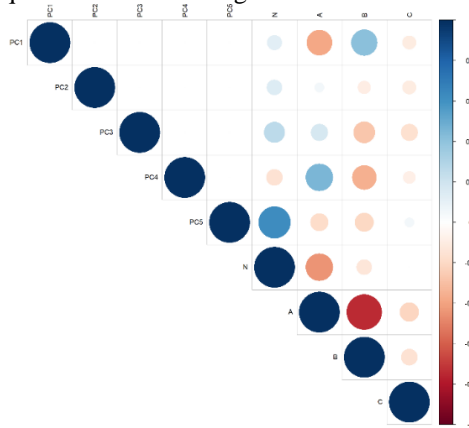


Figura 2. Correlação observada entre proporções raciais e 5 primeiros Componentes principais dos dados genômicos de animais do Composto Tropical Montana®.

Conclusão

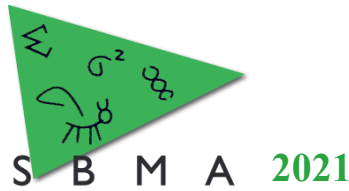
Os animais do Composto Tropical Montana® apresentam grande diversidade dentro da população. No entanto, essa diversidade de grupos não é explicada pela proporção racial do pedigree. O primeiro, terceiro e quarto componentes apresentaram correlação com a proporção de adaptado e britânico no pedigree. O quinto componente apresentou correlação forte e positiva com a proporção de zebuino no pedigree. No entanto, a regressão utilizando os componentes principais para prever a proporção racial do pedigree explicou pouco da variação dos dados (R^2 entre 0,063 e 0,51).

Agradecimentos

Ao GMAB Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da FZEA da USP Pirassununga e Associação de criadores do Montana pela disponibilidade do banco de dados e informações necessárias para realizar o estudo. Ao Cnpq pela concessão de bolsa de Mestrado e à Capes (Brasil), bolsa Capes/Print, processo 88887.571363/2020-00 e Bolsa de Mestrado, Código de Financiamento 001.

Literatura citada

- Gobena, M., Elzo, M. A., & Mateescu, R. G. 2018. Population structure and genomic breed composition in an angus–brahman crossbred cattle population. **Frontiers in genetics**, 9, 90.
- Grigoletto, L., Ferraz, J., Oliveira, H. R., Eler, J. P., Bussiman, F. O., Abreu Silva, B. C., & Brito, L. F. 2020. Genetic Architecture of Carcass and Meat Quality Traits in Montana Tropical® Composite Beef Cattle. **Frontiers in genetics**, 11, 123.
- Paim, T. D. P., Hay, E. H. A., Wilson, C., Thomas, M. G., Kuehn, L. A., Paiva, S. R., & Blackburn, H. 2020. Genomic breed composition of selection signatures in Brangus beef cattle. **Animal Genetics**, 51, 224-234.
- R Core Team. 2020. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>
- Silva, A. M. D., Alencar, M. M. D., Regitano, L. C. D. A., Oliveira, M. C. D. S., & Barioni Júnior, W. 2007 Artificial infestation of *Boophilus microplus* in beef cattle heifers of four genetic groups. **Genetics and Molecular Biology**, 30, 1150-1155.



Avaliação genética genômica utilizando grupos de pais desconhecidos em características de baixa herdabilidade

Alisson Stefany Acero Valderrama^{1*}, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Fernando de Oliveira Bussiman², Rafael Espigolan¹, Caroline Assis Almeida¹, Fernanda Schneberger dos Santos¹, Felipe Eguti Carvalho¹, Joanir Pereira Eler¹

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

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo (VNP-FMVZ/USP), Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: alisson.s.acero@gmail.com

Resumo: Objetivou-se avaliar o uso de grupos de pais desconhecidos (*unknown parent group*, UPG) nas avaliações genéticas, utilizando dados fenotípicos e genotípicos simulados para uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,10$). Uma população com uma característica de baixa herdabilidade, foi simulada e testada em cenários de 30%, 50% e 70% de informação faltante do pai no pedigree. Os UPG foram definidos com informação de ano de nascimento (UPGY, ssUGPY), e ano de nascimento e sexo (UPGS, ssUPGS). Eles foram adicionados somente na matriz de parentesco baseada nas informações de pedigree (**A**) ou na matriz **H** de parentesco genômico. Os dados simulados foram analisados utilizando os métodos BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) e ssGBLUP (*single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction*). Os valores genéticos (genômicos) estimados – GEBV – indicaram que o uso de UPG tem menor deflação quando comparado aos GEBV estimados por meio do BLUP e do ssGBLUP, com exceção do modelo ssUPGY_A. Os resultados encontrados sugerem que os UPG, com informação genômica, devem ser definidos com cautela.

Palavras-chave: BLUP, paternidade desconhecida, QMSim, simulação, single-step, UPG.

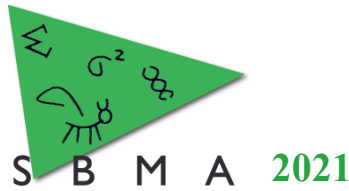
Genomic genetic evaluation using unknown parent groups in low heritability trait

Abstract: The aim of this study was to evaluate the use of unknown parent groups (UPG) in genetic evaluation, using simulated data and genome for a low heritable trait. A population with a low heritability trait, tested in scenarios of 30%, 50% and 70% of missing information from the sire in the pedigree, were simulated. The UPG were added, either only in the relationship matrix from pedigree (**A**) or only in the genomic relationship matrix (**H**). The simulated data were analyzed using the BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) and ssGBLUP (single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction) models. The predicted breeding values (GEBV) indicated the use of UPG has lower deflation compared to those predicted with BLUP and ssGBLUP, except for the ssUPGY_A model. Results suggests that UPG with genomic information must be carefully defined.

Keywords: BLUP, QMSim, simulation, single-step, unknown paternity, UPG

Introdução

Nas avaliações genéticas, a paternidade desconhecida pode comprometer a precisão das estimativas dos valores genéticos, dificultando a seleção de animais superiores para características de interesse econômico. Nesse sentido, a inclusão dos dados de grupos de pais desconhecidos (*unknown parent groups*, UPG) consiste em uma alternativa que permite o estabelecimento das relações genéticas entre os indivíduos pertencentes ao mesmo grupo, e proporcionando estimativas mais acuradas dos valores genéticos. Em estudos de simulação, a formação de grupos genéticos leva a melhora na acurácia de predição dos valores genéticos dos animais com paternidade desconhecida (Oliveira et al., 2013). Por outro lado, Phocas e Laloë (2004) informaram que a inclusão de UPG pode apontar a uma incorreta classificação dos animais e a uma decisão de seleção subestimada. Estes estudos contraditórios despertam à necessidade de se avaliar o uso de UPG na avaliação genética em características de baixa herdabilidade, considerando, ou não, a informação genômica.



Material e Métodos

Os dados foram simulados utilizando o software QMSim (Sargolzaei & Schenkel, 2009). A população histórica foi gerada contendo 1000 indivíduos e 200 gerações não sobrepostas. Posteriormente, foram selecionadas as últimas 8 gerações da população histórica para serem os fundadores da população recente (400 machos e 10.000 fêmeas). A população recente foi composta por 15 gerações, com um tamanho populacional constante de 10.000 indivíduos, com acasalamentos que produziram progênes com chances iguais de ser macho ou fêmea. Em cada geração, as taxas de substituição do touro e da vaca foram de 0,6 e 0,4, respectivamente. Para as análises do presente estudo, foram selecionados os indivíduos pertencentes às cinco últimas gerações, totalizando 50.000 animais com informações de parentesco, informação fenotípica e valor genético verdadeiro (TBV), considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,10$). O genoma simulado consistiu em 29 cromossomos autossômicos com comprimentos semelhantes aos autossomos bovinos (genoma de referência ARS UCD 1.2) e SNPs uniformemente distribuídos. O número de marcadores do tipo SNPs simulados foi de 429.127, e um total de 349.989 passaram no controle de qualidade e permaneceram disponíveis para as análises. O coeficiente médio de endogamia foi de 0,04, com máximo de 0,46.

Os cenários propostos consistiram em excluir aleatoriamente a informação do pai no pedigree simulado, nas seguintes proporções: 30%, 50% e 70%. As avaliações genéticas envolveram análises, sem genômica, por meio do BLUP tradicional com a estrutura de pais desconhecidos (UP), formados pela geração do animal (UPGY) e a combinação do sexo e geração do animal (UPGS). Com genômica, as análises utilizaram o procedimento de passo único (ssGBLUP; *single-step Best Linear Unbiased Prediction*), com a estrutura de pais desconhecidos (ssUP), grupos de pais desconhecidos formados pela geração do animal, inclusos na matriz **A** ou na matriz **H** (ssUPGY_A e ssUPGY_H) e grupos de pais desconhecidos formados por sexo e geração do animal inclusos na matriz **A** ou na matriz **H** (ssUPGS_A e ssUPGS_H). As avaliações genéticas foram realizadas com auxílio dos programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2015). Os valores genéticos (genômicos) estimados foram avaliados por meio do coeficiente de regressão do GEBV sobre o TBV (β_1), diferença média absoluta (DMA) e coeficiente de correlação (r) entre os GEBV e o TBV.

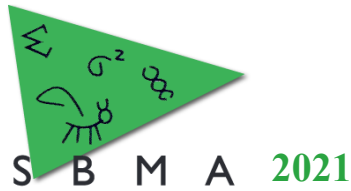
Resultados e Discussão

De maneira geral, os modelos que consideraram UPG e a informação genômica produziram GEBV mais acurados e menos viesados (Tabela 1).

Tabela 1. Viés (β_1), diferença média absoluta (DMA) e acurácia (r) dos GEBV, nas diferentes porcentagens de pais desconhecidos.

Modelos	Porcentagem de pais desconhecidos								
	30%			50%			70%		
	β_1	DMA	r	β_1	DMA	r	β_1	DMA	r
UP	0,57	1,26	0,77	0,55	1,31	0,74	0,47	1,37	0,68
UPGY	0,68	1,19	0,81	0,64	1,55	0,77	0,52	1,61	0,69
UPGS	0,68	1,45	0,81	0,64	1,55	0,77	0,53	1,23	0,70
ssUP	0,61	1,21	0,78	0,58	1,28	0,76	0,50	1,36	0,70
ssUPGY_A	0,49	83,01	0,00	0,65	1,43	0,80	0,58	1,40	0,75
ssUPGS_A	0,70	1,34	0,82	0,65	1,43	0,80	0,59	1,41	0,75
ssUPGY_H	0,71	1,35	0,82	0,67	1,46	0,80	0,56	1,53	0,73
ssUPGS_H	0,71	1,35	0,82	0,67	1,46	0,80	0,57	1,54	0,74

Abreviações: UP = pais desconhecidos na matriz **A**; UPGY = UPG considerando geração na matriz **A**; UPGS = UPG considerando sexo e geração na matriz **A**; ssUP: ssGBLUP com pais desconhecidos; ssUPGY_A: ssGBLUP com UPG considerado geração na matriz **A**. ssUPGS_A: ssGBLUP considerando sexo e geração na matriz **A**. ssUPGY_H: ssGBLUP considerando a geração na matriz **H**. ssUPGS_H: ssGBLUP considerando sexo e geração na matriz **H**.



Com o aumento de porcentagem de paternidade desconhecida, foi observado a diminuição de r e aumento do viés; resultados similares aos reportados por Oliveira et al. (2013). O maior valor de DMA (83,01) foi encontrado no cenário de 30% no modelo de ssUPGY_A, caracterizando o pior modelo pois tanto r , quanto β_1 foram baixos (0,00 e 0,49). Entre os modelos que consideraram a informação genômica, as diferenças foram sutis, exceto para o ssUPGY_A no cenário com 30% de pais desconhecidos, com problemas de convergência que afetaram os valores da diagonal da matriz **H**, gerando r igual a zero. Os resultados mostraram que não houve diferença relacionada à utilização de UPGY ou UPGS.

Conclusão

A inclusão da informação genômica nas avaliações genéticas considerando grupos de pais desconhecidos consiste em uma abordagem que aumenta a estabilidade e diminui o viés dos GEBV. A definição dos UPG no método de passo único deve ser analisada com cautela.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 88882.376321/2019-01.

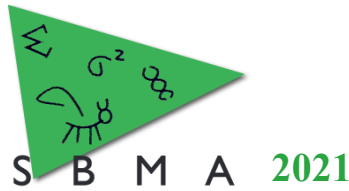
Literatura citada

Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D.A.L., Legarra A., & Vitezica Z. 2015. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia. Disponível em: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf. Acesso em 02 de julho de 2021.

Oliveira Júnior G.A., Eler J.P., Ferraz J.B.S., Petrini J., Mattos E.C. & Mourão G.B. 2013. Definição de grupos genéticos aditivos visando melhor predição de valores genéticos em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, 14, 277–286.

Phocas F. & Laloë D. 2004. Should genetic groups be fitted in BLUP evaluation? Practical answer for the French AI beef sire evaluation. **Genetics Selection Evolution**, 36, 325–345.

Sargolzaei M. & Schenkel F.S. 2009. QMSim: A large-scale genome simulator for livestock. **Bioinformatics**, 25, 680–681.



Estabilidade dos valores genéticos genômicos para ganho de peso da desmama ao sobreano com o uso de reprodutores múltiplos e grupos de pais desconhecidos em bovinos Nelore

Alisson Stefany Acero Valderrama^{1*}, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Fernando de Oliveira Bussiman², Rafael Espigolan¹, Caroline Assis Almeida¹, Fernanda Schneberger dos Santos¹, Felipe Eguti Carvalho¹, Elisângela Chicaroni Mattos¹, José Bento Sterman Ferraz¹, Joanir Pereira Eler¹

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

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo (VNP-FMVZ/USP), Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: alisson.s.acerov@gmail.com

Resumo: O objetivo desse estudo foi avaliar a estabilidade dos valores genéticos genômicos para ganho de peso da desmama ao sobreano com o uso de reprodutores múltiplos (RM) e grupos de pais desconhecidos (*unknown parent groups*, UPG) em bovinos Nelore. No total, foram utilizadas 16.773 informações para ganho de peso da desmama ao sobreano, ajustado aos 550 dias de idade (WWG). As avaliações genéticas (genômicas) foram realizadas utilizando os métodos: BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) e ssGBLUP (*single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction*). Os UPG foram definidos com informação de ano de nascimento (UPGY, ssUGPY), ano de nascimento e sexo (UPGS, ssUPGS), os UPGs foram adicionados somente na matriz de parentesco baseada nas informações de pedigree (**A**) ou na matriz de parentesco (**H**), o mesmo foi aplicado para os RM (RM, ssRM). Os coeficientes de correlação de *rank* (Spearman) variaram entre 0,99 (RM com ssRM) e -0,46 (UPGY, ssUPGY_A). Os valores mais baixos foram entre ssUPGY_A e ssUPGS_A com todos os outros, indicando mudanças no *ranking*. A correlação de *rank*, bem como o coeficiente de correlação de Pearson foram altos entre UP com RM (0,83 e 0,84, respectivamente) e, entre ssUP com ssRM (0,84 e 0,82, respectivamente). Adicionar informações dos RM ao modelo quando não se tem as informações dos pais ajuda a aumentar a estabilidade dos GEBV em comparação com os UPG, nesta população, pois as correlações de *rank* foram maiores.

Palavras-chave: BLUP, correlação de *Rank*, paternidade desconhecida, Pearson, single-step, UPG.

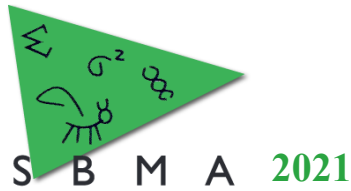
Stability of genomic breeding values for post-weaning weight gain using multiple sires and unknown parent groups in Nelore cattle

Abstract: The aim of this study was to assess the breeding values stability for post-weaning weight gain adjusted for 550 days (WWG), using multiple sires (RM) and unknown parent groups (UPG) in Nelore cattle. There were 16,773 records for WWG, using BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) and ssGBLUP (single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction) methods. The UPG were defined by the information of birth year (UPGY, ssUGPY), and combination of the birth year with sex (UPGS, ssUPGS). The UPG were added, either only in the relationship matrix from pedigree (**A**) or only in the genomic relationship matrix (**H**), as well as for the RM (RM, ssRM). The rank correlation coefficients (Spearman) range between 0,99 (RM with ssRM) and -0,46 (UPGY with ssUPGY_A), lowest values were among ssUPGY_A and ssUPGS_A with all others, showing changes on ranking. The rank correlation coefficient and Pearson's correlation was high between UP with RM (0.83 and 0.84, respectively), and ssUP with ssRM (0.84 and 0.82, respectively). Including RM information to the model when parent information is not available helps to increase GEBV stability compared to UPG in this population, as rank correlations were high.

Keywords: BLUP, Rank correlation, unknown paternity, Pearson's correlation, single-step, UPG.

Introdução

A utilização de reprodutores múltiplos (RM), na qual vários reprodutores são mantidos no mesmo piquete para se reproduzir com vacas durante a época de acasalamento (Tonussi et al., 2017), é muito comum na produção extensiva de bovinos de corte. Nos rebanhos comerciais brasileiros, a porcentagem de progênes provenientes de RM pode alcançar até 40%, e em muitas propriedades os touros são usados



somente em uma estação de monta e, posteriormente, descartados, dificultando a seleção dos animais geneticamente superiores para as características de interesse econômico (Cardoso et al., 2003). No entanto, é importante ressaltar que, na formação dos grupos de RM nos programas de melhoramento brasileiros, são utilizados touros avaliados geneticamente, que em sua maioria estão compostos por animais com alto valor genético em características de interesse econômico (Eler, 2019).

Apesar das vantagens dos RM, eles não permitem a identificação da paternidade da progênie o que aumenta a perda de informação no pedigree. Nesse sentido, métodos têm sido sugeridos para o aumento da acurácia na avaliação genética, como a utilização de grupos de pais desconhecidos (UPG) nos modelos estatísticos. Os UPG podem ser estruturados baseados em critérios como ano de nascimento, geração, raça, sexo ou a combinação deles (Quaas, 1988; Tonussi et al., 2017). Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar a estabilidade dos valores genéticos genômicos para o ganho de peso da desmama ao sobreano com o uso de reprodutores múltiplos e grupos de pais desconhecidos em bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

Os dados utilizados são pertencentes à CFM Agro-Pecuária, provenientes de diversas fazendas localizadas na região sudoeste e centro-oeste do Brasil e que participam do programa de avaliação genética realizado pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA/USP). Foram utilizadas 16.773 informações de ganho de peso da desmama ao sobreano, ajustado aos 550 dias (WWG) e genótipos de 3.021 animais (densidade de 44.128 marcadores do tipo SNP). O pedigree possuía informações de 33.318 animais, dos quais, aproximadamente 50%, não possuíam paternidade definida, apenas a informação dos RM. Os modelos testados neste estudo envolveram análises, sem genômica, por meio do BLUP tradicional com pais desconhecidos (UP), com grupo de reprodutores múltiplos (RM), grupos de pais desconhecidos formados pelo ano de nascimento (UPGY) e por sexo e ano (UPGS). Com genômica, as análises utilizaram o procedimento de passo único (*single-step*), com a estrutura de pais desconhecidos (ssUP), reprodutores múltiplos (ssRM), grupos de pais desconhecidos formados pelo ano de nascimento, inclusos na matriz A ou na matriz H (ssUPGY_A e ssUPGY_H) e grupos de pais desconhecidos formados por sexo e ano de nascimento inclusos na matriz A ou na matriz H (ssUPGS_A e ssUPGS_H). As comparações foram realizadas por meio do coeficiente de correlação de *rank* (Spearman), bem como, correlação de Pearson entre os valores genéticos genômicos estimados (GEBV) para cada modelo.

Resultados e Discussão

Os coeficientes de correlação de *rank* (Spearman) variaram entre 0,99 (RM com ssRM) e -0,46 (UPGY, ssUPGY_A). Os valores mais baixos foram entre ssUPGY_A e ssUPGS_A com todos os outros (variando de: -0,46 a 0,30), indicando mudanças maiores no ranking quando a seleção é praticada com esses métodos (Figura 1). Nos modelos sem informação genômica, a correlação de *rank* foi de 0,83 (UP com RM), 0,40 (UP com UPGY) e 0,39 para (UP com UPGS). Nos modelos com informação genômica a correlação de *rank* foi de 0,42 (ssUP com ssUPGY_H) e 0,43 (ssUP com ssUPGS_H), mas foi maior entre ssUP e ssRM (0,82). De maneira similar à correlação de *rank*, o coeficiente de correlação de Pearson foi alto (0,84), para as análises com e sem genômica, envolvendo UP e RM, o que pode ser justificado pela estrutura de formação dos reprodutores múltiplos neste programa de seleção, pela qual são utilizados touros avaliados geneticamente, que em sua maioria estão compostos por animais com alto valor genético em características de interesse econômico (Eler, 2019).

Em modelos com UPG, o coeficiente de Pearson foi de 0,40 (UP com UPGY) e 0,35 (UP com UPGS), e de 0,42 (ssUP com ssUPGY_H) e 0,38 (ssUP com ssUPGS_H), mostrando que a pressuposição de assumir que os pais “fantasmas” são não-correlacionados e não endógamos (Quaas, 1988) pode apontar para uma incorreta classificação dos animais e uma decisão de seleção subestimada.

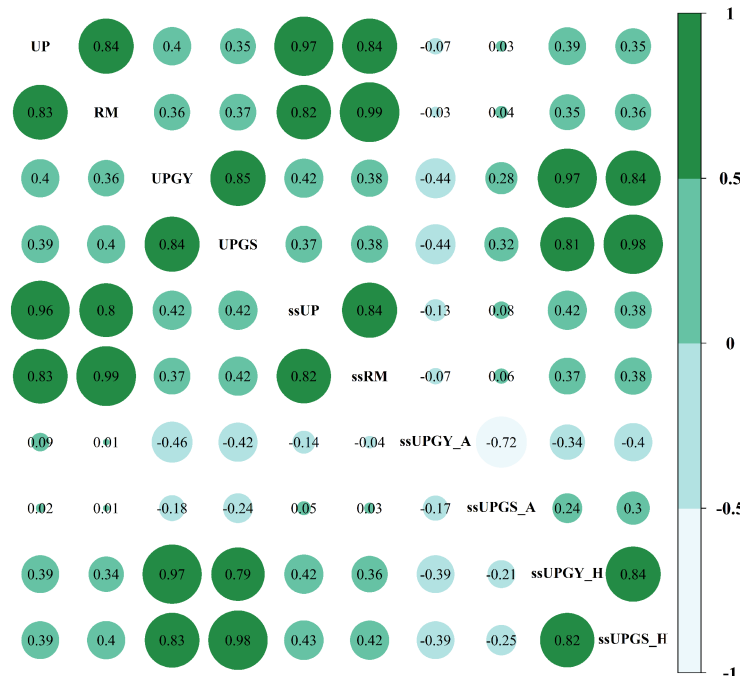


Figura 1. Correlação de *rank* (embaixo da diagonal) e correlação de Pearson (acima da diagonal) dos valores genéticos para o ganho de peso da desmama ao sobreano nas diferentes análises.

Conclusão

Adicionar informações dos reprodutores múltiplos ao modelo quando não se tem as informações dos pais, ajuda a aumentar a estabilidade dos valores genéticos genômicos em comparação com a utilização dos UPG, nesta população, pois as correlações de *rank* foram maiores.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA/USP), pelo fornecimento do banco de dados.

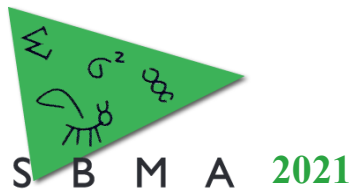
Literatura citada

Cardoso V., Roso V. M., Severo J. L.P., De Queiroz S.A., & Fries, L.A. 2003. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 32, 834–842.

Eler J.P. 2019. **Informações pessoais preliminares sobre a avaliação genética do rebanho Nelore pertencente à Agropecuária**. CFM.

Quaas R.L. 1988. Additive Genetic Model with Groups and Relationships. **Journal of Dairy Science**, 71, 91–98.

Tonussi R., Silva R. do, Magalhães A., Espigolan R., Peripolli E., Olivieri B., ... & Baldi F. 2017. Application of single step genomic BLUP under different uncertain paternity scenarios using simulated data. **PLoS one**, 12, p.e.0181752.



Impacto da seleção genômica sobre as estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodutivas em bovinos Nelore

Daniel Cardona Cifuentes^{1*}, Raysildo Barbosa Lôbo², Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}, Fernando Sebastián Baldi Rey^{1,3}

¹Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal, SP, Brazil

² Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto, SP, Brazil.

³ Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

*Autor correspondente: daniel.cardona@unesp.br

Resumo: Dados para estimação de componentes de (co)variância (CVar) são uma mistura de informações antigas e atuais (sob seleção genômica (SG)), ignorando diferenças entre a seleção por pedigree (SPed) e SG, que levam a mudanças nos CVar. O objetivo foi quantificar mudanças nos parâmetros genéticos, causadas pela implementação de SG, para pesos ajustados aos 120 e 450 dias e circunferência escrotal em bovinos Nelore. Os animais com fenótipos foram divididos em dois grupos: nascidos antes e após 2010 (ano de nascimento dos primeiros animais genotipados). Um modelo animal multicaracterísticas foi usado para estimar CVar e parâmetros genéticos. Quando considerados os animais nascidos depois de 2010, foram maiores as estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade para as três características, demonstrando mudanças nos CVar na população sob a SG. Estimativas de covariâncias genéticas também aumentaram, mas a correlação genética entre as características foi pouco afetada. Foram observadas mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos como consequência da SG, que devem ser consideradas para fazer predições genéticas.

Palavras-chave: Gado de corte, modelo animal, variância genética, correlação genética.

Impact of genomic selection on estimates of genetic parameters for growth and reproductive traits in Nellore cattle

Abstract: Data used for estimation of (co)variance components (CVar) are a mix of ancient and current (under genomic selection (SG)) information, ignoring differences between pedigree-based selection (SPed) and SG, that causes changes in CVar. The objective was to quantify changes in genetic parameters, caused by implementing SG, for weights adjusted at 120 and 450 days and scrotal circumference in Nellore cattle. Animals with phenotypes were divided two groups: born before and after 2010 (year of birth of the first genotyped animals). A multi-trait animal model was used to estimate CVar and genetic parameters. When considering animals born after 2010, genetic additive variance and heritability estimates were higher for the three traits, this confirms changes in CVar in the population under SG. Estimates of genetic covariances also increase but genetic correlation was slightly affected. Changes in genetic parameters estimates were observed with the use of SG and must be considered for genetic predictions.

Keywords: Beef cattle, animal model, genetic variance, genetic correlation.

Introdução

As bases de dados usadas na estimação de componentes de (co)variância (CVar), são uma mistura de informações antigas da população base submetida à seleção por pedigree (SPed), com informações atuais sob seleção genômica (SG); ignorando diferenças entre as metodologias e mudanças nos CVar através das gerações (Cesarini et al., 2020). Assim, podem existir diferenças nos CVar e parâmetros genéticos quando SG é aplicada depois de um período de SPed que, quando desconsideradas, geram vies nas estimativas dos CVar e na predição dos valores genéticos (Gao et al., 2019). O objetivo deste trabalho foi quantificar mudanças nas estimativas de parâmetros genéticos, causadas pela implementação da seleção genômica, em características de crescimento e reprodutivas em bovinos Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de animais do programa Nelore Brasil para melhoramento da raça Nelore, da Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto, SP, de fazendas nas regiões Sudeste, Centro-oeste e Norte do Brasil. As características estudadas foram: pesos ajustados aos 120 (P120) e 450 (P450) dias, e a circunferência escrotal ajustada para 365 dias (CE). Para cumprir o objetivo, os dados foram divididos em dois grupos: animais nascidos antes de 2010 (≤ 2010), representando a população base submetida à SPed e animais nascidos após 2010 (>2010), ano em que nasceram os primeiros animais genotipados para SG (Tabela 1).

Tabela 1. Estatística descritiva para animais nascidos ^bantes de 2010 (≤ 2010) e depois de 2010 (>2010)

^a Características	^b Base de dados	Média \pm ^c DP	Mínimo	Máximo	Número de Observações	^d PF	^e GC
CE (cm)	≤ 2010	22,8 \pm 3,1	11	37	67682	4627	2632
	>2010	24,97 \pm 3,4	14	39	80981	4931	3086
P455 (kg)	≤ 2010	273,6 \pm 53,0	99	655	184521	7460	7201
	>2010	305,7 \pm 57,9	119	625	176009	6650	6677
P120 (kg)	≤ 2010	124,5 \pm 19,5	47	239	318316	8044	12621
	>2010	134,9 \pm 20,6	47	238	376245	8386	14582

^aP120: peso ajustado a 120 dias; P450: peso ajustado a 450 dias; CE: circunferência escrotal; ^cDP: desvio padrão; ^dPF: número de pais com filhos com observações; ^eGC: número de grupos contemporâneos.

Para estimar CVar e parâmetros genéticos foi utilizada a metodologia BLUP (sem incluir informação genômica), aplicada em um modelo animal multi-características. Para as três características foram incluídos os efeitos fixos de grupo contemporâneo e idade da vaca ao parto; e os efeitos aleatórios genético aditivo e resíduo para cada animal; e para P120 foram adicionados, como aleatórios, os efeitos maternos, genético aditivo e ambiente permanente. As análises foram executadas através do algoritmo AIREML usado pelo programa AIREMLF90, da família BLUPF90 (Misztal et al., 2014) e o pacote YAMS para maior eficiência (Masuda et al., 2015).

Resultados e Discussão

Para as três características foi observado um aumento nas estimativas da variância genética aditiva e herdabilidade, direta e materna, da base ≤ 2010 para >2010 (Tabela 2). Wang et al. (2019), ressaltaram que quando existe genotipagem seletiva, usar BLUP baseado em fenótipos para estimar CVar, pode gerar altas estimativas de variância genética, o qual explicaria o observado (Tabela 2), pois normalmente nos programas de melhoramento dos bovinos Nelore são genotipados animais com melhor desempenho.

Tabela 1. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidades, com o seu erro padrão, para animais nascidos ^aantes de 2010 (≤ 2010) e depois de 2010 (>2010)

^a Base de dados	^b Cca	^c σ_a^2	^c σ_e^2	^c σ_m^2	^c σ_c^2	^d h^2	^d h^2_m
≤ 2010	P120	65,71 \pm 1,50	125,43 \pm 0,99	9,28 \pm 0,60	25,92 \pm 0,64	0,29 \pm 0,01	0,04 \pm 0,00
	P450	322,37 \pm 6,70	520,01 \pm 4,90	-	-	0,38 \pm 0,01	-
	CE	1,88 \pm 0,07	2,86 \pm 0,06	-	-	0,39 \pm 0,01	-
>2010	P120	84,25 \pm 1,70	127,78 \pm 1,06	12,16 \pm 0,70	29,5 \pm 0,65	0,33 \pm 0,01	0,05 \pm 0,00
	P450	419,80 \pm 7,70	459,79 \pm 5,4	-	-	0,47 \pm 0,01	-
	CE	2,58 \pm 0,08	2,66 \pm 0,06	-	-	0,49 \pm 0,01	-

^bCca: característica; P120: peso ajustado a 120 dias; P450: peso ajustado aos 450 dias; CE: circunferência escrotal; ^c σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_e^2 : variância residual; σ_m^2 : variância genética aditiva materna; σ_c^2 : variância de ambiente permanente materno; ^d h^2 : herdabilidade direta; h^2_m : herdabilidade materna.

Os resultados deste trabalho não corroboram com Gao et al. (2019) que, sugeriram que excluir fenótipos da fase de SPed para estimar CVar, subestimaria a variância genética e herdabilidade. Em



bovinos Simmental, Cesarini et al. (2020) encontraram maior estimativa desses parâmetros, ao estimar CVar usando informação genotípica e fenotípica de uma população antiga sob SPed, sugerem atualizar os CVar e evitar informações antigas, pois não correspondem com a seleção aplicada na população atual.

Embora as estimativas de covariâncias genéticas tenham aumentado da base ≤ 2010 para >2010 , as estimativas de correlações genéticas entre P455-CE e P120-CE diminuíram. Isto ocorreu porque houve um maior aumento das variâncias genéticas aditivas, em todas as características (Tabela 3). Por outro lado, a correlação genética entre P120 e P455 foi praticamente a mesma nos dois grupos. CE foi a característica com maior mudança na variância genética (37%) e P120 aquela com a menor (29%). A estimativa de covariância genética entre P120 e P450 apresentou a maior mudança, mas praticamente não houve mudança na estimativa da correlação genética. Os resultados do presente trabalho não concordam com os de Cesarini et al. (2020), que reportam fortes diminuições nas correlações genéticas estimadas com informação antiga ou atual. Cabe observar que esses autores, separaram os animais por geração.

Tabela 2. Estimativas de covariâncias e correlações genéticas \pm erro padrão, para animais nascidos ^aantes 2010 (≤ 2010) e depois de 2010 (>2010)

^a Base de dados	^b Característica	Covariância genética		Correlação genética	
		P120	P450	P120	P450
≤ 2010	P450	135,69 \pm 2,5	-	0,93 \pm 0,005	-
	CE	4,85 \pm 0,3	11,52 \pm 0,6	0,43 \pm 0,002	0,47 \pm 0,018
>2010	P450	176,72 \pm 2,9	-	0,94 \pm 0,005	-
	CE	5,79 \pm 0,28	14,67 \pm 0,6	0,39 \pm 0,002	0,44 \pm 0,016

^bP120: peso ajustado a 120 dias; P450: peso ajustado aos 450 dias; CE: circunferência escrotal.

Conclusão

Ocorreram mudanças nos parâmetros genéticos para P120, P450 e CE, causadas pela SG em bovinos Nelore. Apesar disso, a correlação genética positiva entre as três características teve pequena mudança, indicando que em ambos os grupos as características são influenciadas por genes em comum. É importante considerar as mudanças nos parâmetros genéticos e definir a melhor base de dados para as avaliações genéticas para evitar viés das predições.

Literatura citada

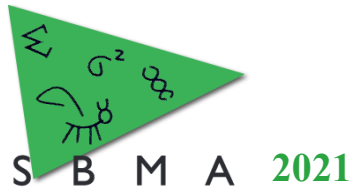
Cesarani A., Hidalgo J., Garcia A., Degano L., Vicario D., Masuda Y., Misztal I. & Lourenco D.A.L. 2020. Beef trait genetic parameters based on old and recent data and its implications for genomic predictions in Italian Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, 98(8), 242.

Gao H., Madsen P., Aamand G.P., Thomasen J.R., Sørensen A.C. & Jensen J. 2019. Bias in estimates of variance components in populations undergoing genomic selection: a simulation study. **BMC Genomics**, 20, 956.

Masuda Y., Aguilar I., Tsuruta S., & Misztal I. 2015. Acceleration of sparse operations for average-information REML analyses with supernodal methods and sparse-storage refinements. **Journal of Animal Science**, 93, 4670–4674.

Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D. A. L., Aguilar I., Legarra A., & Vitezica Z. 2014. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Disponível em: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf. Acesso em: 25 de junho de 2021.

Wang L., Janss L.L., Madsen P., Henshall J., Huang C-H., Marois D., Alemu S., Sørensen A.C., & Jensen J. 2020. Effect of genomic selection and genotyping strategy on estimation of variance components in animal models using different relationship matrices. **Genetics Selection Evolution**, 52, 31.



Aplicação de Árvores de Decisão em atributos extraídos via método Local Binary Patterns (LBP) para classificação do escore de marmoreio em bovinos de corte

Diógenes Lodi Pinto*¹, Lucas Tassoni Andrietta¹, Dan Tulpan², Gordon Vander Voort², Jasper Munro³, Roberto Carneiro⁴, Júlio Cesar de Carvalho Balieiro¹, Ricardo Vieira Ventura¹

¹Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil

²Department of Animal Biosciences, UoGuelph, Guelph, ON, Canada.

³AgSights, Elora, ON, Canada.

⁴Departamento de Genética e Melhoramento Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil

*Autor correspondente: *diogenes.pinto@usp.br*

Resumo: Objetivou-se investigar a implementação de um algoritmo para geração de atributos para posterior classificação do escore de marmoreio via técnicas de aprendizado de máquina (*Machine Learning*). Os atributos foram gerados a partir de imagens obtidas via corte transversal do músculo *longissimus dorsi*, em uma população de bovinos de corte. O banco de dados analisado consistiu de imagens JPG sem tratamento prévio (N = 600), compartilhadas pela empresa canadense AgSights, além dos seus respectivos escores de classificação de marmoreio, baseadas no acúmulo e distribuição de gordura intramuscular (GIM), localizadas na área de olho de lombo (AOL). O método LBP (*Local Binary Pattern*) possui ampla utilização em problemas relacionados ao reconhecimento de padrões em faces humanas, sendo adaptado neste estudo para a detecção de padrões de GIM. Tal metodologia se mostrou promissora para classificação de imagens associadas exclusivamente aos extremos de GIM, e seus resultados foram utilizados como entrada de dados (atributos ou *features*) durante a implementação do algoritmo de aprendizado de máquina supervisionado *Decision Tree* (DT). Vale ressaltar que tais imagens não passaram por tratamento de luminosidade ou redimensionamento. Nosso estudo preliminar também demonstrou a importância da escolha correta do tamanho de janelas a serem investigadas na imagem, assim como dos ajustes finos a serem inseridos quanto aos parâmetros exigidos pelo método LBP.

Palavras-chave: AOL, aprendizado de máquina, escore de marmoreio, LBP, Python e Sklearn.

Application of Decision Trees on features extracted via Local Binary Patterns (LBP) for the marbling score classification in beef cattle

Abstract: The study aims to investigate the implementation of a feature extraction algorithm for posterior classification of the marbling score using machine learning techniques. The attributes have been generated from images captured from the transversal cut of the muscle *Longissimus dorsi* from carcasses of a taurine beef cattle population. Our database comprised raw JPG images (N = 600), shared by the canadian company AgSights. In addition, information regarding the marbling score of each image was also available. The LBP (Local Binary Pattern) algorithm, widely used for facial recognition problems, was applied in this study to detect intramuscular fat patterns. Attributes extracted from this method showed promising results during image classification implemented by the machine learning supervised algorithm Decision Tree (DT), exclusively for the groups showing intramuscular fat extremes. Noteworthy that any treatment or re-dimension was applied to the images. Our preliminary study showed the importance of the LBP window size used for slicing the image, among other parameters required for the LBP method.

Keywords: LBP, machine learning, marbling score, python, ribeye area, sklearn.

Introdução

Visão Computacional (VC) é uma área da Ciência da Computação, voltada ao estudo de métodos e algoritmos que fazem uso de câmeras e computadores com foco na extração de atributos visuais de diferentes objetos (SZELISKI, 2011). O desafio de tal procedimento está diretamente associado com a escolha dos melhores atributos de uma imagem, pois cada tipo de aplicação possui propriedades especiais. A classificação de imagens (*image classification*) consiste em atribuir um rótulo (label) a uma

imagem de um conjunto predefinido de categorias (ROSEBROCK, 2017). O presente estudo objetivou utilizar métodos e algoritmos de VC com foco na predição do escore de marmoreio no músculo *Longissimus dorsi*, por meio da análise de imagens sem tratamento prévio.

Material e Métodos

Um total de 600 imagens foram disponibilizadas pela empresa canadense AgSights, em formato JPG, com resolução 800x598 pixels. As respectivas imagens foram extraídas de cortes cárneos transversais do músculo *Longissimus dorsi* obtidos entre as 12^a e 13^a vértebras de animais taurinos, sem composição racial prévia definida. Além das imagens, foram também disponibilizadas as informações sobre os respectivos escores de marmoreio. As classificações de escore foram adotadas para uma subdivisão inicial das imagens em três grupos (200 imagens em cada) relacionados com nível de gordura intramuscular (G1, G2 e G3). O primeiro (G1) foi caracterizado por apresentar poucos traços de gordura intramuscular na AOL, o segundo (G2) por apresentar uma quantidade mediana e traços longos concentrados em determinadas regiões, e o terceiro (G3) representado por traços curtos e abundantes de GIM distribuídos uniformemente ao longo de toda a AOL. Todas as imagens foram tratadas individualmente com auxílio do programa de edição de imagens GIMP, para fins de segmentação da AOL e padronização do *background* (verde). Adicionalmente, um objeto de referência foi incluído no canto superior esquerdo de todas as imagens (quadrado 9 cm²), cuja métrica foi obtida sobrepondo um dos lados em relação à escala (cm) da régua (objeto de referência) contida em todas as figuras. Três regiões de interesse (ROI) foram definidas e rotuladas via programa Labelme: *steak*, AOL e objeto de referência. Um script foi desenvolvido em Python (com auxílio das bibliotecas *Numpy* e *OpenCV*) para a divisão das matrizes de pixels em pequenos quadrados deslizantes contendo apenas elementos não nulos conforme Figura 1. Aos quadrados aplicou-se o método *Local Binary Pattern* (LBP), realizando-se um adaptação do código disponibilizado por ROSEBROCK (2015), algoritmo este que propõe a utilização do LBP para a classificação de texturas em imagens (OJALA, PIETIKAINEN, MAENPAA, 2002), o qual se encontra disponível via biblioteca *skimage*. Por fim, a Figura 2 ilustra parte das saídas do LBP que são armazenadas em vetores unidimensionais para uso em algoritmos de classificação. Posteriormente, o algoritmo de aprendizado de máquina supervisionado *Decision Tree* (DT) foi aplicado sem alteração de hiperparâmetros. Diferentes métricas para o LBP ([8, 1], [16,2] e [24,3]) foram aplicadas e também três tamanhos distintos de submatrizes de ordem quadrada (20, 30 e 40) para percorrerem a AOL adjacientemente, sem *overlap*. Avaliações independentes foram geradas, ora utilizando-se apenas um subgrupo formado pelos extremos para GIM (G1 e G3), ora contemplando todas as amostras em um único banco de dados (G1, G2 e G3).

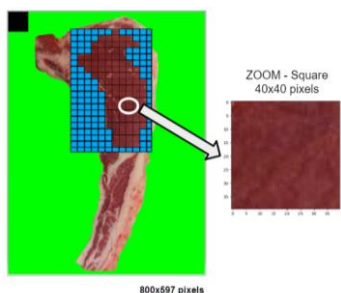


Figura 1: Matrizes quadradas de elementos não nulos percorrendo a imagem e selecionando a AOL.

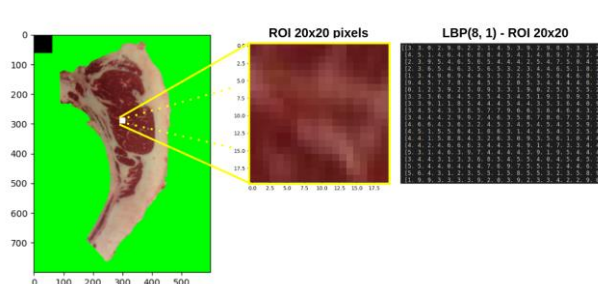
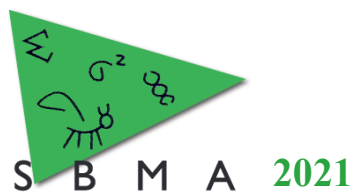


Figura 2: Aplicação do LBP (8,1) para uma região 20x20 selecionada dentro da AOL.

Resultados e Discussão

Observa-se na Tabela 1, os melhores resultados obtidos no estudo, quando considerados apenas os cenários onde os extremos (grupos G1 e G3, respectivamente representando valores baixos ou em abundância para GIM) para escore de marmoreio foram mantidos (N = 400, sendo 200 imagens parte do grupo G1 e outras 200 do G3). Dois subconjuntos foram formados para composição do conjunto de dados de treinamento e teste do algoritmo empregado (DT), na proporção de 70 para 30, respectivamente. Um



conjunto extra para fins de validação independente não foi associado neste passo devido ao reduzido tamanho amostral analisado até a data na qual este projeto piloto foi conduzido.

Tabela 1. Comparativo entre diferentes métricas LBP para uma amostra de 400 imagens de extremos G1 e G3 e suas respectivas acurácias obtidas via *Decision Tree* (DT)

Método	Acurácia DT (%)	Método	Acurácia DT (%)	Método	Acurácia DT (%)
LBP(8, 1) – 20x20	83.33	LBP(16, 2) – 20x20	80	LBP(24, 3) – 20x20	82.5
LBP(8, 1) – 30x30	86.67	LBP(16, 2) – 30x30	84.17	LBP(24, 3) – 30x30	80.83
LBP(8, 1) – 40x40	90.83	LBP(16, 2) – 40x40	79.16	LBP(24, 3) – 40x40	75

Conforme observado na Tabela 1, uma acurácia igual a 90.83% foi obtida usando o método LBP(8,1) composto por matrizes quadradas de ordem 40. De um total de 120 imagens pertencentes ao conjunto teste, o algoritmo DT fez predição correta de 108 delas, classificando erroneamente 12 imagens. Vale ressaltar que a inserção de amostras com valores medianos em relação a GIM (G2) acarretaram na redução da acurácia para 57,78% (valores não reportados na tabela anterior). Ao inserir o grupo intermediário, podemos notar que os vetores gerados pelo método LBP, a partir dos grupos G2 e G3, possuíam alta semelhança. Apesar de ambos os grupos conterem traços de GIM, o que os diferencia é a distribuição e configuração deste padrão de gordura ao longo da AOL. Vislumbramos, além do apresentado, empregar outros métodos de *machine learning*, além da extração de novas *features* com o intuito de otimizar a classificação de amostras com padrão intermediário (G2) de GIM.

Conclusão

Estudos preliminares utilizando o método LBP mostraram resultados expressivos na classificação de extremos para gordura intramuscular, porém ainda há uma necessidade evidente de melhorar o entendimento dos aspectos biológicos e visuais que acarretaram na queda acentuada da acurácia de classificação após inserção de grupos intermediários de gordura intramuscular. Nosso estudo inicial também demonstrou a importância da escolha correta do tamanho de janelas a serem investigadas na imagem, assim como dos ajustes finos a serem inseridos quanto aos parâmetros exigidos pelo método LBP. Resultados adicionais, usando-se outros métodos de *Machine Learning* e tamanho amostral expandido, estão sendo compilados pelo mesmo grupo de pesquisadores.

Agradecimentos

Agradecimentos especiais à empresa AgSights, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), representada pelos processos de número 2016/19514- 2 e 2020/04461-6.

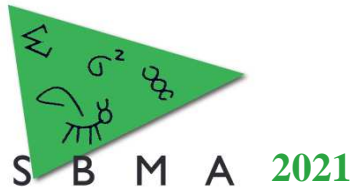
Literatura citada

Ojala T., Pietikäinen M., Mäenpää. T. 2002. Multiresolution gray-scale and rotation invariant texture classification with local binary patterns. **IEEE**, 24, 971-987.

Rosebrock A. 2017. **Deep Learning for Computer Vision with Python**. Starter Bundle: PyImageSearch.

Rosebrock A. 2015. **Local Binary Patterns with Python & OpenCV**. Disponível em: <https://www.pyimagesearch.com/2015/12/07/local-binary-patterns-with-python-opencv/>. Acesso em: 10 de agosto de 2021.

Szeliski R. **Computer vision: algorithms and applications**. (1st Edition). London: Springer Verlag.



Impacto nos parâmetros e valores genéticos de consumo alimentar residual causado pela adoção de análises bivariadas com medidas de eficiência hídrica em bovinos Senepol

Gabriel de Moraes Pereira^{1*}, Andréa Alves do Egito², Karla Izidio Latta¹, André Luis Romeiro de Lima³, Christian Borges de Souza⁴, Rodrigo da Costa Gomes², Marcelo Neves Ribas⁵, Roberto Augusto de Almeida Torres Junior², José Antônio Fernandes Júnior⁶, Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes²

¹Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, Brasil.

²Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

³Programa de Pós graduação em Ciência Animal da UEMS, Aquidauana, MS, Brasil.

⁴Curso de Zootecnia da Universidade Católica Dom Bosco, Campo Grande, MS, Brasil.

⁵Intergado Ltda., Contagem, MG, Brasil.

⁶Fazenda Santo Antonio da Grama, Pirajuí, SP, Brasil.

*Autor correspondente: gabriel_m_p@hotmail.com

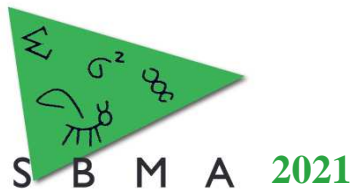
Resumo: O consumo alimentar residual (CAR) tem sido utilizado em bovinos de corte com o intuito de reduzir os custos de alimentação, entretanto, é de difícil mensuração por apresentar alto custo de implantação. Já a eficiência hídrica possui um menor custo de mensuração e está relacionada à eficiência alimentar, aumentando o número de informações fenotípicas para avaliação genética dessas características. Desta forma, objetivou-se investigar o impacto nos parâmetros e valores genéticos estimados para o consumo alimentar residual causados pela adoção de análises bivariadas com medidas de eficiência hídrica em bovinos da raça Senepol. Dados de 1116 animais para consumo alimentar e hídrico foram registrados por meio de cochos e bebedouros eletrônicos para estimação do CAR, consumo hídrico residual independente do ganho de peso médio diário (CHR_{GMD}) e consumo hídrico residual independente do consumo de matéria seca (CHR_{CMS}) em animais da raça Senepol. Foi estimado componentes de (co)variâncias, valores genéticos e acurácias através de análises uni e bivariadas. As estimativas de herdabilidade para as características de eficiência hídrica foram maiores quando analisadas em conjunto com o CAR. Não houve diferença entre os valores genéticos nas análises uni ou bivariadas, entretanto, análises bivariadas apresentaram maiores acurácias quando comparadas com análises univariadas para todas as características. Houve um incremento em acurácia para o CAR quando estimado em análises bivariadas.

Palavras-chave: consumo hídrico residual, eficiência alimentar, herdabilidade.

Impact on genetic parameters and breeding values of residual feed intake caused by the adoption of bivariate analyzes with water efficiency measures in Senepol cattle

Abstract: Residual feed intake (RFI) has been used in beef cattle to reduce feeding costs, however, it is a difficult trait to measure because it has high implementation cost. On the other hand, water efficiency has a lower cost of measurement and is associated to feed efficiency, which increases the number of phenotypic information for genetic evaluation of these traits. Thus, the aim of this paper was to investigate the impact on genetic parameters and breeding values estimated for residual feed intake caused by the adoption of bivariate analyzes with water efficiency measures in Senepol cattle. Data from 1116 animals for feed and water intake were recorded using electronic feed and water bunks to estimate RFI, residual water intake independent of average daily gain (RFI_{ADG}) and residual water intake independent of dry matter intake (RFI_{DMI}) in Senepol cattle. Covariance components, expected breeding values (EBV) and accuracies were estimated through uni and bivariate analyses. Heritability estimates for water efficiency traits were higher when analyzed with RFI. There was no difference on the EBV between uni or bivariate analyzes, however, bivariate analyzes showed greater accuracies when compared to univariate analyzes for all traits. There was an increase in accuracy for RFI when it was estimated in bivariate analyzes.

Keywords: heritability, residual feed intake, residual water intake.



Introdução

A utilização do consumo alimentar residual (CAR) em bovinos de corte se intensificou através do uso da seleção de animais eficientes, mostrando-se como alternativa interessante para reduzir os custos com a alimentação de animais terminados a pasto e em confinamento (Damiran et al., 2018). Entretanto, as estratégias para coleta de dados para o cálculo do CAR possuem altos custos de implantação, dificultando a sua utilização em grandes populações e, conseqüentemente, reduzindo a confiança na estimação dos parâmetros e valores genéticos.

Uma maneira de melhorar este cenário seria adotar abordagem multivariada a fim de se aproveitar da associação genética de outras características com o CAR. Pereira et al. (2020) relataram, respectivamente, correlações genéticas de 0,64 e 0,51 entre CAR e consumo hídrico residual independente de ganho de peso médio diário (CHR_{GMD} – Pereira et al., 2020) e consumo hídrico residual independente de consumo de matéria seca (CHR_{CMS} – Alhberg et al., 2019). Somado a isto, o consumo hídrico residual possui maior facilidade de mensuração, visto que um bebedouro eletrônico pode ser utilizado para coleta de dados de 35 animais, a ponto que no mesmo período, um cocho eletrônico é suficiente apenas para oito animais. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi investigar o impacto nos parâmetros e valores genéticos estimados para CAR causado pela adoção de análises bivariadas com CHR_{GMD} e CHR_{CMS} em bovinos Senepol.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 1116 animais da raça Senepol, provenientes de nove edições de teste de desempenho realizados entre 2014 e 2019 na Fazenda Santo Antônio da Grama, município de Pirajuí, São Paulo. Os animais foram divididos em dois grupos por edição, os quais eram compostos por indivíduos do mesmo sexo e com amplitude de idade máxima de 90 dias. Foram utilizados 48 cochos e 12 bebedouros eletrônicos Intergado® (Intergado® Ltda., Contagem, Minas Gerais, Brasil), para obtenção automática e individual do consumo de alimento e água ao longo do período de confinamento. Os animais passaram por um período de adaptação de aproximadamente 14 dias e, em média, os testes tiveram duração de 77 dias efetivos, com livre acesso à alimento e água.

As características estudadas foram o consumo alimentar residual (CAR, kg de MS/dia), o consumo hídrico residual independente do ganho de peso médio diário (CHR_{GMD} , l de água/dia) e o consumo hídrico residual independente do consumo de matéria seca (CHR_{CMS} , l de água/dia) calculados de acordo com Pereira et al., (2020).

As informações de pedigree contendo 2.396 animais sendo 285 touros e 2.111 matrizes, foram obtidas no banco de dados pertencente ao Programa Embrapa Geneplus e à Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol. Os grupos de contemporâneos foram formados pelo grupo dentro de cada edição do teste e a fazenda de origem do animal, totalizando 110 grupos. Foi adotado modelo animal misto com efeito fixo de grupo contemporâneo, efeito linear da idade do animal no início do teste aninhada no grupo contemporâneo como covariável, efeito aleatório genético aditivo direto e resíduo.

A estimação dos componentes de (co)variâncias e a predição de valores genéticos e suas acurácias (ACC) foram realizadas através de análises uni e bivariadas, sendo o CAR a característica âncora. Foi utilizado inferência Bayesiana através dos softwares GIBBS3F90 e Postgibbsf90 (Misztal et al., 2002). O diagnóstico de convergência aplicado seguiu o Critério de Geweke (1992), através do pacote “Coda” do Software R (Plummer et al., 2006).

Resultados e Discussão

Todos as análises atingiram a convergência de acordo com o teste de Geweke ($P < 0,05$). Os valores de herdabilidades foram semelhantes para CAR tanto em análise uni (0,11) quanto em análise bivariada (0,10), não apresentando diferença nas variâncias genética aditiva e residual. Entretanto, para o CHR_{GMD} e o CHR_{CMS} , as herdabilidades aumentaram em 0,03 pontos quando adicionado o CAR em análises bivariadas. Os valores de herdabilidades para as medidas de eficiência hídrica foram semelhantes aos valores relatados por Ahlberg et al. (2019).

A média dos valores genéticos foi semelhante nas análises uni ou bivariadas para as características avaliadas. Entretanto, houve ganho em ACC para todas as três características analisadas quando utilizada análises bivariadas para a predição dos valores genéticos. Esse aumento no valor da

acurácia dos valores genéticos é explicada, em parte, pela correlação genética entre estas características (Pereira et al., 2020).

A utilização de análises bivariadas gera previsões mais robustas, dado ao maior aproveitamento dos dados e também a influência das correlações entre as características sobre as estimativas dos componentes de variância. Tais resultados são interessantes do ponto de vista do melhoramento genético, visto o aumento da confiança no momento de seleção dos animais, principalmente em animais jovens.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância, herdabilidades e acurácias das características de eficiência alimentar e hídrica em análises uni e bivariadas em bovinos Senepol.

¹ Característica	² Estimativas univariadas				² Estimativas bivariadas			
	σ^2_a	σ^2_e	$h^2 \pm EP$	ACC	σ^2_a	σ^2_e	$h^2 \pm EP$	ACC
CAR	0,05	0,43	0,11 \pm 0,06	0,35	0,05	0,44	0,10 \pm 0,06	0,40
CHR _{GMD}	3,29	6,58	0,33 \pm 0,09	0,49	3,65	6,39	0,36 \pm 0,09	0,50
CHR _{CMS}	2,65	6,14	0,30 \pm 0,09	0,47	2,99	5,96	0,33 \pm 0,09	0,50

¹CAR: consumo alimentar residual; CHR_{GMD}: consumo hídrico residual independente do ganho de peso médio diário; CHR_{CMS}: consumo hídrico residual independente do consumo de matéria seca; ² σ^2_a : componente de variância genética aditiva; σ^2_e : componente de variância residual; h^2 : herdabilidade; EP: erro-padrão; ACC: acurácias.

Conclusão

As estimativas de herdabilidade foram superiores para as características de eficiência hídrica quando analisadas em conjunto com o consumo alimentar residual. Houve um incremento em acurácia para o consumo alimentar residual ao adotar análises bivariadas com as medidas de eficiência hídrica.

Agradecimentos

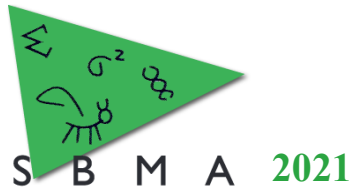
Os autores gostariam de agradecer à equipe da Fazenda Santo Antônio da Grama, à Embrapa Gado de Corte, ao Programa Embrapa Geneplus, à Intergado Ltda. e à Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol pela coleta e fornecimento dos dados, à Universidade Federal de Mato Grosso do Sul e à CAPES pela oportunidade de crescimento acadêmico e a bolsa de mestrado concedida ao primeiro autor.

Literatura citada

- Ahlberg C.M., Allwardt K., Broocks A., Bruno K., Taylor A., McPhillips L., Krehbiel C.R., Calvo-Lorenzo M., Richards C.J., Place S.E., DeSilva U., VanOverbeke D.L., Mateescu R.G., Kuehn L.A., Weaber R., Bormann J. & Rolf M.M. 2019. Characterization of water intake and water efficiency in beef cattle. **Journal of Animal Science**, 97, 4770–4782.
- Damiran D., Penner G.B., Larson K. & Lardner H.A. 2018. Use of residual feed intake as a selection criterion on the performance and relative development costs of replacement beef heifers. **The Professional Animal Scientist**, 34, 156–166.
- Geweke J. 1992. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments**. In: Bernardo J.M., Berger J.O., Dawid A.P. & Smith A.F.M. (Eds.), Bayesian statistics 4. (pp. 625-631), New York: Oxford University, 1992.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T. & Lee D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Anais... In: Proceedings of 7th World Congress of Genetics Applied for Livestock Production, 2017, Montpellier, France, Communication 28-07.
- Pereira G.M., Egito A.A., Gomes R.C., Ribas M.N., Torres Junior R.A.A., Fernandes Junior J.A. & Menezes G.R.O. 2020. Water requirements of beef production can be reduced by genetic selection. **Animal**, 15(3), 100142.
- Plummer M., Best N., Cowles K. & Vines K. 2006. CODA: Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC. **R News**, 6, 7–11.

Ensino em Melhoramento





Projeto de ensino nas Disciplinas de Inverno na área de Melhoramento Genético Animal da UFJ

Camila Alves dos Santos^{1*}, Milena Aparecida Ferreira Campos², Adriana Luize Bocchi²

¹Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Instituto Federal de educação ciência e tecnologia Goiano, Rio Verde, GO, Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Biociência Animal; Unidade Acadêmica de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Jataí UFJ, Jataí, GO, Brasil.

*Autor correspondente: camilaalvesdossantos240@gmail.com

Resumo: A integração entre graduação e pós-graduação além de permitir o apoio necessário, cria uma oportunidade bilateral de aprendizagem, onde o discente de graduação recebe todo o apoio necessário da equipe, como também o aluno de pós-graduação precisa se dedicar estudando e aprofundando os conhecimentos, para que possa fornecer o apoio esperado. Objetivou-se com o projeto de ensino possibilitar apoio na fixação de conhecimentos, auxiliar na elucidação de dúvidas, realizar atividades e aplicar metodologias digitais aos alunos matriculados nas disciplinas de Inverno da Universidade Federal de Jataí. O sistema de tutoria contemplou o objetivo do projeto de ensino de forma a auxiliar a fixação de conhecimentos, aplicação de novas metodologias por meio de ferramentas tecnológicas, transpassando os desafios do ensino remoto.

Palavras-chave: aprendizado, avaliação, graduação, tutoria.

Abstract: The integration between undergraduate and graduate, in addition to allowing the necessary support, creates a bilateral learning opportunity, where the undergraduate student receives all the necessary support from the team, as well as the graduate student needs to dedicate himself to studying and deepening the knowledge, so that they provide the expected support. The aim of the teaching project was to provide support in correcting knowledge, help clarify doubts, carry out activities and apply digital methodologies to students enrolled in winter courses at the Federal University of Jataí. The tutoring system contemplated the objective of the teaching project in order to assist in obtaining knowledge, applications of new methodologies through technological tools, overcoming the challenges of remote learning

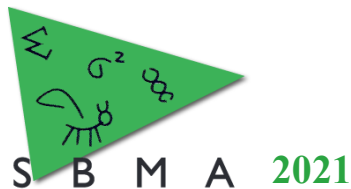
Keywords: assessment, graduation, learning, tutoring.

Introdução

Com o enfrentamento dos novos desafios impostos pela pandemia do COVID-19, a sociedade se reinventa tornando crises em possibilidade de evolução em todas as áreas. Na área da educação novas metodologias estão em desenvolvimento para possibilitar maior qualidade de ensino (Coutinho et al., 2020). O ensino remoto possibilita atender um número maior de alunos que a capacidade física das instalações de uma universidade, entretanto para manter um ensino de qualidade, esse discente precisa ter apoio para dúvidas, realização de atividades e exercícios, como forma de fixação do conhecimento. Desta forma se faz necessário um acompanhamento por uma equipe, juntamente com o professor responsável da disciplina, para melhor monitorar o rendimento dos alunos participantes.

A integração entre graduação e pós-graduação além de permitir o apoio necessário, cria uma oportunidade bilateral de aprendizagem, onde o discente de graduação recebe todo o apoio necessário da equipe, como também o aluno de pós-graduação precisa se dedicar estudando e aprofundando os conhecimentos, para que possa fornecer o apoio esperado.

Objetivou-se com o projeto de ensino possibilitar apoio na fixação de conhecimentos, auxiliar na elucidação de dúvidas, realizar atividades e aplicar metodologias digitais aos alunos matriculados na disciplina de Melhoramento Genético Animal para a Veterinária, Melhoramento Genético Animal Aplicado para a Zootecnia e Tópicos Especiais: Melhoramento Genético na Bovinocultura de Corte, disciplinas ministradas remotamente durante o período de inverno de 2020.



Material e Métodos

O sistema de tutoria foi aplicado às três disciplinas durante o período de 28 de setembro de 2020 a 31 de dezembro de 2020 e foi composta por duas alunas de pós-graduação, com projetos de mestrado na área de melhoramento genético animal, juntamente com a docente responsável pelas disciplinas. As plataformas digitais utilizadas para desenvolvimento das atividades interativas foram: Google Meet, Kahoot, PadLet, Geniol, Sistema Integrado de Gestão das Atividades Acadêmicas (SIGAA) para as atividades avaliativas da disciplina e e-mail e Whatsapp para comunicação entre alunos e monitores sobre dúvidas acerca do conteúdo. Para avaliação da percepção dos alunos com relação à eficácia da metodologia foi elaborado questionário via Google Forms, com 11 questões referentes ao desempenho das tutoras e efetividade das atividades propostas

Resultados e Discussão

Um total de 24 alunos responderam as questões de avaliação do programa de tutoria. A porcentagem de alunos participantes das disciplinas de Melhoramento Genético para Veterinária, Melhoramento Genético Animal Aplicado e Tópicos Especiais: Melhoramento em Bovinocultura de Corte e que avaliaram o programa foram de 33,3%, 16,7% e 54,2%, respectivamente.

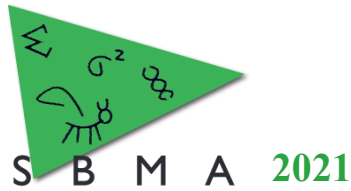
Pode-se observar que 45,8% (Tabela 1) dos alunos que responderam o questionário de avaliação buscaram auxílio na tutoria, o que demonstra que há necessidade por parte dos alunos de auxílio no estudo dos conteúdos. A tutoria, assim como as aulas ministradas via ensino remoto, proporciona temporariamente suporte aos conteúdos que em outro momento estariam sendo ministrados de forma presencial (Carmo, 2020).

Apesar de nem todos os discentes terem procurado atendimento das tutoras, 100% daqueles que utilizaram desse suporte demonstraram interesse que ele continue em outras disciplinas, ajudando na aprendizagem das atividades propostas, assim como todos também concordaram que a metodologia serviu para fixação do conteúdo. De acordo com Duarte et al., (2020), a metodologia precisa ser pensada de modo que os discentes tenham autonomia para estudar e mais importante aprender, além de serem intuitivas para que o objetivo da atividade seja alcançado.

Com percentual de 91,7%, para os alunos a tutoria forneceu um sentimento de amparo, onde eles puderam buscar de maneira informal e, de acordo com suas necessidades, ajuda com o conteúdo ofertado pela professora. Quando questionados sobre o esclarecimento das dúvidas, quando buscavam o suporte das tutoras, 87,5% dos alunos responderam que tiveram seus questionamentos esclarecidos. Em outras instituições os alunos relataram até 74,3% de piora na aprendizagem com a utilização dos métodos não presenciais, devido principalmente à falta de adaptação ao modelo (Farias et al., 2020).

Tabela 1- Proporção das respostas das questões objetivas do questionário de avaliação da tutoria.

Questão	Descrição	Sim	Não
2	Você buscou auxílio das tutoras	45,8%	54,2%
3	Elas conseguiram elucidar suas dúvidas ou direcionar seus estudos?	87,5%	12,5%
4	Você se sentiu amparado?	91,7%	8,3%
5	As atividades apresentadas por elas serviram para fixação de conhecimento?	100%	0
7	Você gostaria que a Tutoria continuasse em outras disciplinas?	100%	0



A metodologia interativa de games mais votada em termos de aprendizagem foi o QUIZ online Kahoot. A explicação provável é devido ao modelo de alternativas curtas variando em múltiplas escolhas ou verdadeiro/falso e por simular um jogo onde há tempo para as respostas e classificação dos participantes, proporcionando a interatividade dos alunos. Oliveira et al., (2020) afirma que o que se espera do uso das tecnologias de informação durante esse período é justamente atividades interativas e didáticas que estimulem o empenho do aluno e não uma transferência do conteúdo físico para tela dos aparelhos digitais.

O ensino remoto abriu a possibilidade da utilização das tecnologias digitais tanto no ensino a distância, quanto em atividades extras nas aulas presenciais. Entretanto é necessário respeitar e compreender quais ferramentas trarão melhor proveito para aproveitamento dos alunos, somente assim o objetivo pedagógico poderá ser alcançado (Barros Moraes, 2020). A geração contemporânea ou denominada Geração “Net” já nasceu com facilidade do acesso à informação e facilidades tecnológicas, o que pode os ter tornado imediatistas na forma de lidar com a obtenção de resultados (Silva et al., 2013).

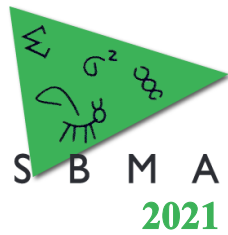
Conclusão

O sistema de tutoria contemplou o objetivo do projeto de ensino de forma a auxiliar a fixação de conhecimentos, aplicação de novas metodologias por meio de ferramentas tecnológicas, transpassando os desafios do ensino remoto. Contribuiu para a evolução acadêmica dos estudantes de graduação e das alunas de pós-graduação envolvidas, além de possibilitar a integração entre graduação e pós-graduação na Universidade Federal de Jataí e instituições externas. A utilização de diferentes plataformas digitais permitiu o desenvolvimento e fixação do aprendizado, com percepção positiva dos alunos, possibilitando a interação e discussão. Novas plataformas devem ser utilizadas para que contemple as diversas formas de aprendizado de cada aluno, incentivando o raciocínio e a curiosidade

Literatura citada

- Carmo, C. R. S.; Carmo, R. D. O. 2020. S. Tecnologias de informação e comunicação na educação a distância e no ensino remoto emergencial. **Conhecimento & Diversidade**, 28, 24, 2020.
- Coutinho, C.; Lisboa, E. 2011. Sociedade da informação, do conhecimento e da aprendizagem: desafios para educação no século XXI. **Revista de Educação**, 18, 5-22,
- Duarte, K.; Medeiros, S. 2020. Desafios dos docentes: as dificuldades da mediação pedagógica no ensino remoto emergencial. In: **Congresso Nacional de Educação**. nº7, 2020, Maceió. Anais. 2020.
- Farias, F. M. A., Júnior, G. P. S., Moraes, H. L. B., & do Nascimento, S. M. 2020. De ensino presencial para o remoto emergencial: adaptações, desafios e impactos na pós-graduação. **Interfaces Científicas - Educação**, 10, 180–193.
- Oliveira, R. M. de; Corrêa, Y.; Morés, A. Ensino Remoto Emergencial em Tempos de COVID-19: Formação Docente e Tecnologias Digitais. **Revista Internacional de Formação de Professores (RIFP)**, Itapetininga. vol. 5, p. 1–18, 2020.
- Silva, S. L. **Construção da profissionalidade de jovens trabalhadores na cultura do imediatismo**. Dissertação (Mestrado em Educação) - Programa de Pós-Graduação em Educação do Centro Universitário La Salle – UNILASALLE. Canoas, p. 98. 2013.

Realização/Organização



Patrocinador



Parceiros

