
Aplicações da genômica na produção animal

Pamela Itajara Otto, Diego Ortunio Rosa Gobo, Daniele Oliveira, Marcelo José Böck, Arielly Oliveira Garcia, Mateus Guimarães Dos Santos, Thatiana Maitê Otto, Renata de Fátima Bretanha Rocha, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva, Darlene dos Santos Daltro, Renata Negri, Sabrina Kluska, Karine Assis Costa

<https://doi.org/10.4322/mp.978-65-84548-19-0.c6>

Resumo

A genômica revolucionou a produção animal, desempenhando papel crucial na seleção e criação de animais mais saudáveis, produtivos e sustentáveis. Essa ciência se concentra no estudo do genoma de organismos, fornecendo informações valiosas sobre os genes e suas interações. Uma das suas aplicações mais notáveis, dentro do melhoramento genético animal, é a seleção genômica, que têm permitido a predição dos valores genômicos dos animais de forma mais precisa, permitindo a seleção mais precisa dos animais com alto mérito genético, especialmente quando aplicada a animais jovens e até mesmo embriões. Essa abordagem não apenas aumenta a acurácia da seleção, mas também acelera o progresso genético, resultando em ganhos maiores para a produção animal e a sustentabilidade da indústria agropecuária. Parte destes avanços se deve a melhores estimativas do grau de parentesco e verificação de informações de pedigree, superando limitações da genealogia convencional, a qual poderia resultar em imprecisão na estimativa do valor genético dos animais em razão de erros no pedigree. Além disso, a genômica também tem desempenhado papel fundamental na conservação de raças e na diversidade genética. À medida que as técnicas de sequenciamento de DNA se tornam mais acessíveis, é possível identificar e preservar variações genéticas valiosas em populações animais, reduzindo assim o risco de extinção e a homogeneização genética. Ainda, estudos de mapeamento do genoma desempenham são de importância na pesquisa e identificação de genes candidatos ligados a características economicamente importantes na criação animal. Desta forma, a genômica na produção animal é uma ferramenta poderosa que impulsiona melhorias genéticas e aumentos na eficiência e na qualidade dos produtos e da sustentabilidade.

1. Introdução

A genômica na produção animal representa uma revolução significativa na forma de criação, gerenciamento e aplicação do melhoramento genético em diversas espécies de interesse econômico, como bovinos, aves, suínos, ovinos e muitas outras. Nos últimos anos, avanços tecnológicos na área da genômica permitiram o mapeamento e a análise detalhada do DNA dessas espécies, disponibilizando informações valiosas para produtores, criadores e pesquisadores, na busca de maximizar a criação.

As ferramentas moleculares, como campo de estudo, concentram-se na análise abrangente do genoma de um organismo, o conjunto completo de seus genes e sequências de DNA. Na produção animal, estas tecnologias possibilitaram examinar o código genético de animais de forma individual e comparativa, com precisão sem precedentes. Isso abre portas para uma série de aplicações cruciais que beneficiam tanto os produtores quanto os consumidores.

O melhoramento genético animal abrange processos seletivos e de direcionamento dos acasalamentos, com o intuito de aumentar a frequência de alelos com efeitos desejáveis ou de combinações genéticas vantajosas em uma população, visando otimizar a capacidade de produção dos animais de interesse econômico. A evolução da biologia molecular e desenvolvimento de técnicas de sequenciamento do genoma, juntamente com os avanços em biotecnologias reprodutivas possibilitaram a incorporação de informações de marcadores moleculares nos programas de seleção e de acasalamento (VAN TASSELL et al., 2008). Técnicas como seleção genômica, associação genômica, teste de paternidade, cálculo do parentesco e análises da ancestralidade e variabilidade genética das populações têm contribuído significativamente para melhor entendimento da arquitetura genética das diferentes espécies, estimativas mais precisas do valor genético dos animais e, como consequência, uma seleção mais eficaz dos melhores animais, construindo assim, para maiores avanços genéticos e rentabilidade das criações.

Neste capítulo, serão abordados de forma concisa algumas aplicabilidades práticas da genômica na produção animal, compartilhando

resultados de projetos em andamento e delineando as oportunidades de pesquisa que a equipe de trabalho da UFSM está explorando.

2. Aplicações da genômica na produção animal

2.1. Seleção genômica

Dentre diversas pesquisas científicas na área do melhoramento genético, a seleção genômica (SG) se destaca como uma ferramenta de grande aplicabilidade prática e essencial na criação de animais atualmente. Esta é uma metodologia avançada na área de melhoramento genético de plantas e animais que utiliza informações genômicas para aprimorar a eficiência e a precisão da seleção de características desejáveis.

Tradicionalmente os animais eram selecionados com base em valores genéticos (EBVs) estimados com base em informações de pedigree e avaliações fenotípicas diretas. Na bovinocultura, a avaliação genética dos touros, realizada por meio de esquemas de testes de progênie, implementados na maioria dos países desenvolvidos a partir dos anos 50, envolvem a distribuição de sêmen de reprodutores selecionados para rebanhos colaboradores, avaliação e registro de características de interesse econômico em suas progênies (WELLER; EZRA; RON, 2017). Este teste requer um período médio de seis anos para obtenção dos resultados iniciais, além de recursos financeiros e institucionais consideráveis. Tais investimentos englobam não apenas o âmbito institucional, mas também os custos individuais suportados pelos proprietários de touros, incluindo a manutenção desses animais em centrais de inseminação artificial.

Ao integrar técnicas de genômica, zootecnia, estatísticas e bioinformática, a SG revolucionou a maneira como as decisões de seleção são tomadas, permitindo um progresso mais rápido e eficiente no melhoramento animal. A técnica é fundamentada na inclusão estratégica de milhares de marcadores tipo SNP distribuídos por todo o genoma, visando prever os valores genéticos genômicos (GEBVs) de potenciais candidatos à seleção animal (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001).

A seleção genômica oferece muitas vantagens no que diz respeito à melhoria da taxa de ganho genético em programas de melhoramento. Os

principais fatores que contribuem para tal avanço genético mais rápido são o ganho genético anual, a maior acurácia na predição do mérito genético de animais e a significativa diminuição do intervalo de gerações. Além disso, estes ganhos são diretamente relacionados a maior intensidade da seleção, influenciada pelo aumento da população candidata à seleção e menor proporção de animais selecionados, e a utilização de uma matriz de relacionamento com o real parentesco dos animais avaliados (SCHEFERS; WEIGEL, 2012).

A predição genômica contribuiu para uma revolução significativa na criação de animais, e seus benefícios são particularmente evidentes quando aplicados aos animais jovens, que ainda não possuem progênes em produção. Um exemplo notável desse avanço foi observado pela nossa equipe de pesquisa em análises genômicas para peso ao nascimento (PN) e período gestacional (PG) em bovinos da raça Girolando. Os resultados mostram aumento na acurácia de 19 e 25% na predição genômica para PN e PG, respectivamente, em comparação às análises tradicionais. Os benefícios também se estendem aos animais com progênes avaliadas, onde a inclusão das informações moleculares contribuiu com um aumento de 7% na acurácia para PN e 5% para PG. Em uma análise mais ampla, os resultados, embora ainda não publicados, indicam que a genotipagem e fenotipagem de animais jovens resultam em aumentos de 34% na acurácia para PN e 44% para PG. Estes resultados demonstram as vantagens da seleção genômica para touros jovens, na predição mais precisa dos GEBVs, seleção precoce e mais eficaz desses animais, contribuindo para maiores ganhos genéticos na população.

Ressalta-se que a genotipagem pode ser realizada nas fases iniciais da vida do animal ou até mesmo antes de seu nascimento. O material genético pode ser coletado através de biópsia embrionária em laboratórios de reprodução (WELLER, J.I.; EZRA; RON, 2017). Esse avanço tem implicações importantes para a criação de animais, pois permite a avaliação genômica na fase embrionária, proporcionando uma visão antecipada do potencial genético dos animais. Estudo recente mostrou que a genotipagem de embriões, seguida de análises de imputação, permitiu uma predição genômica acurada para a produção de leite em uma população de bovinos da raça Gir, com alta correção (0,87) com o GEBV estimado para os respectivos animais nascidos vivos. Isto

demonstra que a seleção dos animais pode ser realizada ainda na fase embrionária, enfatizando o impacto da seleção genômica, com diminuição ainda maior do intervalo de geração e aumento do ganho genético ao longo das gerações (OLIVEIRA et al., 2023).

Em resumo, a predição genômica oferece oportunidades incríveis para aprimorar a criação de animais, especialmente quando aplicada a animais jovens e até mesmo embriões. Essa abordagem não apenas melhora a acurácia da seleção, mas também acelera o progresso genético, resultando em ganhos significativos para a produção animal e a sustentabilidade da indústria agropecuária.

2.2. Teste de paternidade e parentesco animal

Avanços na bioinformática e na biologia molecular também têm possibilitado avaliar a relação entre indivíduos através do genótipo. A obtenção de informações verdadeiras sobre o grau de relacionamento entre os animais de uma população é essencial para o melhoramento genético, uma vez que as avaliações genéticas dependem das relações entre os indivíduos. Informações corretas e completas de pedigree resultam em maiores acurácias na predição de valores genéticos e na estimativa de ganho genético (SENNEKE; MACNEIL; VAN VLECK, 2004), além de possibilitar estudos de características de baixa incidência, como doenças, defeitos genéticos e mortalidade.

A análise de parentesco é uma técnica molecular que busca identificar o genitor biológico de um indivíduo. O teste é realizado por meio da coleta, análise e comparação do material genético pertencente à progênie e aos supostos pais. A análise é baseada na lei de segregação mendeliana, que afirma que metade do material genético de um indivíduo é herdado da mãe e a outra metade vem do pai. Portanto, há uma comparação do DNA dos indivíduos em questão, a fim de identificar a herança do genótipo e nos dar um grau de relação entre eles.

Os testes de parentesco são comumente feitos com marcadores STR, que geralmente são altamente precisos (KNIBB et al., 2014). Contudo, recentemente, a genotipagem usando chips SNP de alta densidade tornou-se disponível a um custo mais baixo e está sendo cada vez mais usada em programas de pesquisa

genética e melhoramento, levando a um número crescente de estudos usando esses marcadores para validação e atribuições de parentesco (PANETTO et al., 2017).

Os testes de paternidade genômicos são úteis na verificação das informações contidas no pedigree convencional e na identificação de pais de indivíduos sem informações disponíveis, o que caracteriza a verificação e identificação de paternidade, respectivamente. De acordo com (RON et al., 1996), erros de paternidade podem atingir até 20% dos registros utilizando-se informações de pedigree, enquanto com análises genômicas esta taxa de erro é drasticamente reduzida para 0,01% (WERNER et al., 2004). Atualmente este teste pode ser realizado sem custos adicionais, utilizando-se informações de marcadores SNP de animais genotipados para a seleção genômica (WELLER et al., 2010).

O cálculo do real parentesco dos animais é outro fator de extrema importância no sucesso da avaliação genética e seleção dos animais, visando ganhos genéticos na população. Tradicionalmente, o valor genético é predito com base em informações entre parentes utilizando a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright obtida por meio de registros manuais, que apresenta as covariâncias genéticas entre os indivíduos. No entanto, o EBV pode não ser predito com a máxima eficiência devido a erros na anotação do pedigree e à dificuldade em estimar as reais relações entre os indivíduos. Em outras palavras, a matriz de parentesco baseada em pedigree, usada na avaliação tradicional, é substituída por uma matriz de parentesco estimada pelos marcadores. Tal procedimento é superior ao uso do pedigree, pois efetivamente captura a matriz de parentesco realizada e não uma matriz de parentesco médio associada ao pedigree (RESENDE et al, 2009).

De acordo com (WEIR; ANDERSON; HEPLER, 2006) se considerarmos dois indivíduos não relacionados, sua progênie herdará um alelo de cada loco, proveniente de cada genitor, e, portanto, como eles não compartilham um alelo idêntico por descendência (IBD), isso dará ao descendente um coeficiente de relação (r) igual a 0,5 com cada genitor. Irmãos completos podem compartilhar zero ($r = 0$), um ($r = 0,5$) ou dois ($r = 1$) alelos IBD para cada loco (VISSCHER et al., 2002). No entanto, na prática considera-se o valor médio ($r = 0,5$) para

quantificar a relação entre irmãos completos, muitas vezes causando sub ou superestimação da relação de parentesco, a qual poderá interferir diretamente na estimativa do valor genético do animal.

Antes da descoberta e uso de marcadores SNP, a baixa disponibilidade de marcadores sempre foi descrita como o principal fator limitante para o uso de marcadores moleculares na estimativa do parentesco da população (GARANT; KRUIK, 2005). VANRADEN, (2008) relatou que é possível estimar a relação dos animais com base em marcadores genéticos distribuídos ao longo do genoma, sendo a similaridade genética entre animais estimada com maior precisão do que usando informações de pedigree (FORNI; AGUILAR; MISZTAL, 2011). Os marcadores permitem estimar a proporção de loci compartilhados pelos indivíduos, pois identificam alelos IBD que podem ser compartilhados por ancestrais comuns não registrados no pedigree (POWELL; VISSCHER; GODDARD, 2010).

Desta forma, a análise genômica tornou-se altamente precisa e acessível para determinar o grau de parentesco e verificar informações de pedigree, superando limitações da genealogia convencional, que frequentemente resultava em erros na estimativa do valor genético dos animais. Estes testes não apenas aprimoraram a precisão das avaliações genéticas, mas também reduziram significativamente os erros de paternidade, o que é crucial para programas de melhoramento genético, visando correta seleção dos melhores reprodutores e melhor direcionamento dos acasalamentos, evitando-se problemas com consanguinidade no rebanho.

2.3. Composição racial e análise de ancestralidade

Animais cruzados apresentam grande importância para a pecuária do Brasil, pois apresentam alto potencial genético para produção e elevada capacidade de adaptação, características essenciais para a produção sustentável em regiões tropicais e subtropicais. Em bovinos, estes animais são produzidos, muitas vezes, a partir de cruzamentos entre *Bos taurus* e *Bos indicus*, sendo os esquemas de acasalamentos direcionados para a produção de animais bimestiços 5/8 taurino + 3/8 zebuino (Puro Sintético), como as raças

Girolando para produção de leite e Brangus e Braford para o corte. As associações de criadores, em geral, registram diversas composições raciais permitidas dentro da formação da raça, chamados de produtos de cruzamento sob controle de genealogia (CCG). Na raça Girolando, por exemplo, são registrados desde o CCG 1/4 Holandês + 3/4 Gir até o CCG 7/8 Holandês + 1/8 Gir. Estas frações são definidas com base na composição genética de seus pais, determinada pelas informações de pedigree, sendo um método acessível e muito utilizado entre as associações de raças. No entanto, está sujeito a erros de anotação, dados incompletos ou ausentes, além de ser uma estimativa probabilística dos efeitos da meiose, desconsiderando os processos de segregação independente e recombinação (*crossing-over*) que podem ocorrer nos cromossomos no momento da formação das células germinativas, podendo, portanto, não representar a real fração racial das raças puras (RON et al., 1996).

Os valores de composição racial são inseridos em modelos estatísticos para avaliação de características economicamente importantes em populações cruzadas, contribuindo para melhores estimativas do valor genético dos animais. Métodos que utilizaram dados de genoma completo já foram utilizados em espécies como bovinos, suínos e ovelhas para predição e estimação da composição racial genômica (GOBENA; ELZO; MATEESCU, 2018).

Informações genômicas têm o potencial de fornecer estimativas mais precisas da composição e distância genética de animais dentro e entre diferentes raças, em relação ao convencionalmente registrado com dados de pedigree (KELLEHER et al., 2017). Nossa equipe de pesquisa tem se dedicado à investigação da real composição racial de bovinos da raça Girolando, e as análises realizadas revelaram que as composições genômicas raciais diferem das estimadas com base nas informações de pedigree em todos os grupos raciais analisados (OLIVEIRA et al., 2022). Esses resultados demonstram que a classificação atualmente empregada para registros e inclusão no banco de dados da raça Girolando, baseada em informações de pedigree, pode não representar com fidelidade a verdadeira composição racial dos animais.

Da mesma forma, o uso de informações genômicas permite melhor entendimento da ancestralidade de animais de raças puras por meio da identificação e avaliação da origem de haplótipos dentro de populações,

contribuindo com estudos comparativos de diferentes raças e melhor entendimento da evolução genética destes animais. Essa compreensão da ancestralidade de cada região genômica é conhecida atualmente como ancestralidade local (CHEN et al., 2020).Essas regiões sobre seleção em ambientes desafiadores podem conter grande desvio de ancestralidade ao longo das gerações na direção de um dos fundadores e podem indicar forte pressão de seleção ou deriva genética (GAUTIER; NAVES, 2011).A comparação de todo o genoma de populações de diferentes regiões geográficas também pode detectar potenciais genes candidatos associados a adaptações ecológicas (EDEA et al., 2015; VERARDO et al., 2021).

Estudar a ancestralidade tem sido útil para entender a evolução das raças, o desenvolvimento do pool genético e o nível de diferenciação entre as raças, bem como para elaborar estratégias eficazes para melhorar, gerenciar e conservar os recursos genéticos dos animais de produção (EDEA et al., 2015).

2.4. Avaliação da diversidade genética populacional

A aplicação do melhoramento genético contribui para a formação de indivíduos mais produtivos, com melhores taxas reprodutivas e adaptados às adversidades climáticas. Este processo é baseado na seleção e acasalamentos de indivíduos com maior mérito genético para características de interesse, resultando no aumento da frequência e fixação de alelos desejáveis, contribuindo para formação de populações mais homogêneas, o que pode resultar na diminuição da variabilidade genética dos indivíduos. A genômica tem sido empregada rotineiramente para inferir a diversidade genética e estrutura populacional, na busca de melhor compreensão dos recursos genéticos disponíveis, da história evolutiva e demográfica das raças. Estudos prévios têm investigado a diversidade genética dentro e entre raças, em diferentes espécies zootécnicas, por meio do cálculo do coeficiente de endogamia e número efetivo populacional e análises de componentes principais (PCA) (VERARDO et al., 2021).

A endogamia é um termo usado para especificar o acasalamento entre indivíduos mais aparentados entre si do que a média populacional a que

pertencem. Indivíduos com um ancestral comum, ou mais, podem apresentar réplicas de alelos presentes no ancestral e, quando acasalados entre si, têm a chance de transmitir essas réplicas para suas progênies. Estes alelos idênticos do mesmo ancestral comum são chamados de alelos Idênticos por Descendência (IBD), enquanto alelos idênticos que não são herdados do mesmo ancestral comum são chamados alelos Idênticos por Estado (IBS) (FALCONER; MACKAY, 1996).

Acasalamentos endogâmicos resultam em aumento da homoziguidade e, conseqüentemente, diminuição da heteroziguidade, aumentando as chances do aparecimento de alelos IBD. Esta probabilidade é quantificada através do coeficiente de endogamia, um parâmetro base da genética de populações, que está intimamente relacionado ao conceito de parentesco.

Nos últimos anos, novas metodologias surgiram para melhorar as estimativas da endogamia e controlar seus efeitos deletérios em populações comerciais. Dentre elas podemos citar a estimativa da endogamia genômica (FROH) a partir da corrida de homozigose (ROH) (CURIK; FERENČAKOVIĆ; SÖLKNER, 2014). Esta técnica, por meio da comparação de milhares de marcadores do tipo SNP entre indivíduos de uma população, permitem identificar regiões genômicas contínuas compartilhadas entre os animais e assim, o estudo da variabilidade genética populacional (KIM et al., 2013).

Outro parâmetro de grande importância para o melhoramento é o número efetivo populacional (N_e), descrito por FALCONER e MACKAY, (1996) como o número efetivo de indivíduos que acasalam e pode dar origem a taxa de endogamia em uma dada situação. Estimado por meio de padrões de desequilíbrio de ligação (DL) entre marcadores moleculares (HAYES et al., 2003), esta é uma importante medida em estudos sobre teorias evolutivas, genética de populações quantitativa, distribuição da variação genética e conservação genética das espécies. Além disso, o N_e ajuda a prever a perda e a distribuição da variação genética, as probabilidades de fixação de alelos benéficos ou prejudiciais, aptidão e sobrevivência de uma população (WANG, 2005).

Embora a utilização de seleção genômica apresente menor taxa de endogamia por geração quando comparada à tradicional, a seleção de touros

jovens para a reprodução resulta em menor intervalo de geração e conseqüentemente maior taxa de endogamia por ano (FORUTAN et al., 2018). Aumentos nesta taxa podem resultar em menor variabilidade genética e resposta à seleção, além de maior risco de homozigose em alelos deletérios e letais. Desta forma, o estudo do FROH e Ne nas populações apresenta grande importância no processo de seleção e direcionamento do acasalamento, na busca da manutenção da diversidade genética das populações.

Aliado aos estudos sobre endogamia e número efetivo, para melhor entendimento da estrutura genética de uma população pode-se ainda trabalhar com análises de componentes principais (PCA). Esta análise permite a caracterização do distanciamento genético de indivíduos dentro de uma mesma raça e entre raças diferentes, proporcionando a comparação da semelhança e diversidade genética das populações (VERARDO et al., 2021). Ao analisar o padrão genômico de bovinos das raças Holandesa (HOL), Pardo Suíço (PS) e Jersey (JER), nossa equipe de pesquisa observou que animais HOL e PS demonstram uma maior similaridade genética entre si em comparação com o JER. Isso sugere que os animais HOL e PS podem estar mais suscetíveis a perdas decorrentes da depressão endogâmica e por isso, atenção especial deve ser dada aos esquemas de acasalamento das raças, evitando-se o uso massivo de poucos reprodutores, para prevenir perdas na variabilidade genética (dados não publicados).

Assim, o estudo da diversidade genética tem sido útil para entender a evolução das raças, o desenvolvimento do pool genético e o nível de diferenciação entre as raças, bem como para elaborar estratégias eficazes para melhorar, gerenciar e conservar os recursos genéticos dos animais de produção.

2.5. Estudos de desequilíbrio de ligação e de Associação Ampla do Genoma (GWAS)

O acesso às plataformas de genotipagem, com baixo custo, tornou os estudos de Associação Genômica Ampla (GWAS) uma prática comum. Esta é uma poderosa abordagem, tanto na genética humana quanto na pecuária e desempenha um papel fundamental na revelação das bases genéticas de

doenças complexas e traços fenotípicos em larga escala. Seu objetivo principal é identificar associações estatísticas entre variações genéticas comuns e características específicas.

No entanto, a compreensão do GWAS não pode ser completa sem considerarmos o desequilíbrio de ligação (DL), um fenômeno intrincado em que alelos apresentam associações não aleatórias. Isso tem um impacto significativo nas análises de GWAS, uma vez que estes alelos tendem a ser transmitidos juntos e assim, se apresentam com maior frequência do que esperado ao acaso na população (TAK; FARNHAM, 2015). Essa interligação de alelos também influencia a precisão das predições de valores genéticos genômicos e as técnicas de seleção genômica (SONESSON; MEUWISSEN, 2009).

Análises de DL podem contribuir na escolha adequada do número de marcadores genéticos a serem considerados nas análises, garantindo assim resultados mais precisos. Estudos como o de PÉREZ O'BRIEN et al., (2014) ressaltam a importância do entendimento da estrutura de DL, que impacta diretamente a eficácia das estratégias de seleção, avaliação de parentesco e detecção de doenças baseadas em marcadores genômicos. Portanto, o discernimento do DL desempenha um papel essencial na maximização da precisão e do sucesso das análises genômicas aplicadas em programas de melhoramento genético animal (UTSUNOMIYA et al., 2016).

O uso de marcadores moleculares distribuídos ao longo do genoma também possibilitou a realização de GWAS, que usam tecnologias de genotipagem de alto rendimento para identificar SNPs ou loci de características quantitativas (QTL) e relacioná-los com características de interesse. Esta análise representa uma das principais estratégias na investigação de mutações subjacentes aos marcadores em características complexas e por meio da identificação de regiões genômicas, possibilita a localização de genes potencialmente envolvidos com o fenótipo de interesse (OTTO et al., 2018b, 2019, 2021).

No entanto, a identificação de QTLs, SNPs e genes de interesse é apenas o primeiro passo em análises de GWAS. Estudos adicionais, de ontologia gênica, são necessários para identificar genes candidatos, ou seja, genes que apresentam alguma ligação funcional com a característica estudada. Diversos

estudos têm aplicado com eficiência o uso de análises de ontologia gênica, como a investigação de processos biológicos, para a identificação dos genes candidatos nas mais variadas espécies avaliando-se diferentes características de interesse econômico (OTTO et al., 2018, 2019; VERARDO et al., 2016).

Diversas bibliotecas e banco de dados podem ser utilizados como referência para comparação de estudos como Ensembl e QTL database (DURINCK et al., 2005; HU; PARK; REECY, 2022). Estes bancos são alimentados por pesquisadores, publicações científicas, colaboradores e parceiros, além de atualizações regulares. As plataformas requerem parâmetros para busca otimizada como: número e posição no cromossomo em pares de bases (*base pairs*) e tamanho de janelas de busca (regiões flangeadoras).

A abrangência da aplicabilidade de estudos de GWAS pode ser evidenciada na plataforma animal QTLdatabase, a qual disponibiliza atualmente informações de 277.931 QTLs de interesse, identificados em espécies de grande relevância na pecuária, como bovinos, aves, suínos, ovinos e caprinos (HU, Z.-L.; PARK; REECY, 2022).

A espécie animal mais avaliada é a bovina, que registra um total de 195.011 QTL descritos, representando aproximadamente 70% do número total de QTL identificados nas espécies de maior interesse. Para essa espécie, foram mapeadas regiões genômicas associadas a diversas características, incluindo, porcentagem de gordura no leite (11.939), idade a puberdade (10.623), circunferência escrotal (10.457), porcentagem de proteína no leite (9.973), bem como outras características de importância econômica como porcentagem da proteína da kappa caseína (4.836), peso corporal (3.893), força de cisalhamento/maciez (3.630) e ganho de peso diário (3.523) (HU; PARK; REECY, 2022).

Os estudos de GWAS desempenham um papel de fundamental importância na pesquisa em melhoramento animal, fornecendo informações valiosas sobre QTLs em diversas espécies. Por meio de bancos de dados, conseguimos acessar informações detalhadas sobre milhares de QTLs relacionados a características economicamente importantes, proporcionando ferramentas valiosas para impulsionar a pesquisa e o desenvolvimento na

indústria de produção animal, eficiência e a qualidade da produção animal em todo o mundo.

3. Considerações finais

Em conclusão, a genômica na produção animal representa uma revolução notável que tem impactado positivamente a agricultura e a pecuária. Os avanços tecnológicos permitiram uma análise detalhada do DNA dos animais, proporcionando insights valiosos para produtores, técnicos e pesquisadores. Essa abordagem tem implicações amplas, desde a seleção genômica até a conservação das raças e a compreensão das origens e herança genética.

A genômica está desempenhando um papel fundamental na transformação da agricultura e da pecuária, impulsionando práticas mais eficientes e sustentáveis, assegurando a produção de produtos de alta qualidade e contribuindo para a preservação das espécies e raças. Com a constante evolução da tecnologia genômica, podemos esperar ainda mais avanços e benefícios significativos para esses setores no futuro. No entanto, alguns dos principais aspectos limitantes para a aplicação destas e de outras tecnologias persistem, incluindo limitações na infraestrutura de manejo, a falta de registros de fenótipos confiáveis e a necessidade de ferramentas analíticas robustas para avaliar os dados. A padronização da coleta de dados fenotípicos pode desempenhar um papel crucial no avanço genético das espécies. A melhoria nesses aspectos é essencial para o sucesso das análises genômicas e a disseminação de material genético de alta qualidade, que, em um futuro próximo, pode até incluir animais geneticamente editados nos rebanhos.

4. Referências bibliográficas

- CHEN, Q. et al. Whole-genome resequencing reveals diversity, global and local ancestry proportions in Yunling cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.137, n.6, p.641–650, 2020.
- CURIK, I.; FERENČAKOVIĆ, M.; SÖLKNER, J. Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. **Livestock Science**, v.166, p.26–34, 2014.

- DURINCK, S. et al. BioMart and Bioconductor: a powerful link between biological databases and microarray data analysis. **Bioinformatics**, v.21, n.16, p.3439–3440, 2005.
- EDEA, Z. et al. Genome-wide genetic diversity, population structure and admixture analysis in African and Asian cattle breeds. **Animal**, v.9, n.2, p.218–226, 2015.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. Benjamin-Cummings Pub, 1996.
- FORNI, S.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. **Genetics Selection Evolution**, v.43, n.1, p.1, 2011.
- FORUTAN, M. et al. Inbreeding and runs of homozygosity before and after genomic selection in North American Holstein cattle. **BMC Genomics**, v.19, n.1, p.98, 2018.
- GARANT, D.; KRUIK, L. E. B. How to use molecular marker data to measure evolutionary parameters in wild populations. **Molecular Ecology**, v.14, n.7, p.1843–1859, 2005.
- GAUTIER, M.; NAVES, M. Footprints of selection in the ancestral admixture of a New World Creole cattle breed. **Molecular Ecology**, v.20, n.15, p.3128–3143, 2011.
- GOBENA, M.; ELZO, M. A.; MATEESCU, R. G. Population Structure and Genomic Breed Composition in an Angus–Brahman Crossbred Cattle Population., v.9, 2018.
- HAYES, B. J. et al. Novel Multilocus Measure of Linkage Disequilibrium to Estimate Past Effective Population Size. **Genome Research**, v.13, n.4, p.635–643, 2003.
- HU, Z.-L.; PARK, C. A.; REECY, J. M. Bringing the Animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services. **Nucleic Acids Research**, v.50, n.D1, p.D956–D961, 2022.
- KELLEHER, M. M. et al. Inference of population structure of purebred dairy and beef cattle using high-density genotype data. **Animal**, v.11, n.1, p.15–23, 2017.
- KIM, E.-S. et al. Effect of Artificial Selection on Runs of Homozygosity in U.S. Holstein Cattle. **PLoS ONE**, v.8, n.11, p.1–14, 2013.
- KNIBB, W. et al. Can genetic diversity be maintained in long term mass selected populations without pedigree information? — A case study using banana shrimp *Fenneropenaeus merguensis*. **Aquaculture**, v.428–429, p.71–78, 2014.

- 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.
- OLIVEIRA, L. A. et al. Aplicações da genômica no cálculo de Aplicações da genômica no cálculo da composição racial de animais Girolando da composição racial de animais Girolando. **37º Jornada Acadêmica Integrada**, 2022.
- OLIVEIRA, C. S. et al. Imputation accuracy for genomic selection using embryo biopsy samples in Gir. **Reproductive Biology**, v.23, n.2, p.100765, 2023.
- OTTO, P. I. et al. Genome-wide association studies for heat stress response in *Bos taurus* × *Bos indicus* crossbred cattle. **Journal of Dairy Science**, v.102, n.9, p.8148–8158, 2019.
- OTTO, P. I. et al. Genome-wide association studies for tick resistance in *Bos taurus* × *Bos indicus* crossbred cattle: A deeper look into this intricate mechanism. **Journal of Dairy Science**, v.101, n.12, p.11020–11032, 2018.
- OTTO, P. I. et al. Short communication: Genome wide association study for gastrointestinal nematodes resistance in *Bos taurus* x *Bos indicus* crossbred cattle. **Livestock Science**, v.245, p.104403, 2021.
- PANETTO, J. C. do C. et al. Parentage assignment using SNP markers, inbreeding and population size for the Brazilian Red Sindhi cattle. **Livestock Science**, v.204, p.33–38, 2017.
- PÉREZ O'BRIEN, A. M. et al. Linkage disequilibrium levels in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle using medium and high density SNP chip data and different minor allele frequency distributions. **Livestock Science**, v.166, p.121–132, 2014.
- POWELL, J. E.; VISSCHER, P. M.; GODDARD, M. E. Reconciling the analysis of IBD and IBS in complex trait studies. **Nature Reviews Genetics**, v.11, n.11, p.800–805, 2010.
- RESENDE, M. D. V. et al. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n.56, p.63-77, 2008
- RON, M. et al. Misidentification Rate in the Israeli Dairy Cattle Population and Its Implications for Genetic Improvement. **Journal of Dairy Science**, v.79, n.4, p.676–681, 1996.
- SCHEFERS, J. M.; WEIGEL, K. A. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. **Animal Frontiers**, v.2, n.1, p.4–9, 2012.
- SENNEKE, S. L.; MACNEIL, M. D.; VAN VLECK, L. D. Effects of sire misidentification on estimates of genetic parameters for birth and weaning

- weights in Hereford cattle¹². **Journal of Animal Science**, v.82, n.8, p.2307–2312, 2004.
- SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. Testing strategies for genomic selection in aquaculture breeding programs. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n.1, p.37, 2009.
- TAK, Y. G.; FARNHAM, P. J. Making sense of GWAS: using epigenomics and genome engineering to understand the functional relevance of SNPs in non-coding regions of the human genome. **Epigenetics & Chromatin**, v.8, n.1, p.57, 2015.
- UTSUNOMIYA, A. T. H. et al. Revealing misassembled segments in the bovine reference genome by high resolution linkage disequilibrium scan. **BMC Genomics**, v.17, n.1, p.705, 2016.
- VAN TASSELL, C. P. et al. SNP discovery and allele frequency estimation by deep sequencing of reduced representation libraries. **Nature Methods**, v.5, n.3, p.247–252, 2008.
- VANRADEN, P. M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **Journal of Dairy Science**, v.91, n.11, p.4414–4423, 2008.
- VERARDO, L. L. et al. After genome-wide association studies: Gene networks elucidating candidate genes divergences for number of teats across two pig populations¹. **Journal of Animal Science**, v.94, n.4, p.1446–1458, 2016.
- VERARDO, L. L. et al. Genome-Wide Analyses Reveal the Genetic Architecture and Candidate Genes of Indicine, Taurine, Synthetic Crossbreds, and Locally Adapted Cattle in Brazil. **Frontiers in Genetics**, v.12, 2021a.
- VISSCHER, P. M. et al. Estimation of Pedigree Errors in the UK Dairy Population using Microsatellite Markers and the Impact on Selection. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.9, p.2368–2375, 2002.
- WANG, J. Estimation of effective population sizes from data on genetic markers. **Philosophical Transactions of the Royal Society B Biological Sciences**, v.360, n.1459, p.1395–1409, 2005.
- WEIR, B. S.; ANDERSON, A. D.; HEPLER, A. B. Genetic relatedness analysis: modern data and new challenges. **Nature Reviews Genetics**, v.7, n.10, p.771–780, 2006.
- WELLER, J. I. et al. Paternity validation and estimation of genotyping error rate for the BovineSNP50 BeadChip. **Animal Genetics**, v.41, n.5, p.551–553, 2010.
- WELLER, J. I.; EZRA, E.; RON, M. Invited review: A perspective on the future of genomic selection in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.100, n.11, p.8633–8644, 2017.

WERNER, F. A. O. et al. Detection and characterization of SNPs useful for identity control and parentage testing in major European dairy breeds. **Animal Genetics**, v.35, n.1, p.44–49, 2004.

Autores

Pamela Itajara Otto¹, Diego Ortunio Rosa Gobo², Daniele Oliveira¹, Marcelo José Böck¹, Arielly Oliveira Garcia³, Mateus Guimarães Dos Santos³, Thatiana Maitê Otto⁴, Renata de Fátima Bretanha Rocha³, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva⁵, Darlene dos Santos Daltro⁶, Renata Negri⁷, Sabrina Kluska⁶, Karine Assis Costa⁷

1. Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil.
2. Biólogo, Mestre em Zootecnia e Doutor em Genética e Melhoramento Animal, Santa Maria, Brasil.
3. Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Brasil.
4. Curso de Farmácia, Centro Universitário Fundação Assis Gurgacz, Cascavel, Brasil.
5. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária- Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Brasil.
6. Associação Brasileira dos Criadores de Girolando, Uberaba, Brasil.
7. Departamento de Biologia e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Ilha Solteira, Brasil.