



Descoberta de conhecimento em banco de dados de bovinos Nelore por meio de métodos não estruturados.

Urbano G. P. Abreu¹, Patrícia Tholon², Eriklis Nogueira³, Gilberto Menezes³,
Juliana Silva³, Roberto Higa⁴, Ivan Carvalho Filho⁵

¹Embrapa Pantanal - Corumbá, MS - Brasil; ²Embrapa Pecuária Sudeste – São Carlos, SP – Brasil;
³Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS-Brasil; ⁴Embrapa Agricultura Digital, Campinas – SP –
Brasil; ⁵Programa Embrapa Geneplus, Campo Grande, MS - Brasil

{urbano.abreu,patricia.tholon,eriklis.nogueira,gilberto
menezes,juliana.correa,roberto.higa}@embrapa.br,
ivan.carvalho@geneplus.com.br

Abstract. *The objective of this study was to extract knowledge from data from three herds using unstructured methods. The first three principal components accounted for 83.55% of the variance, and the main traits were weaning weight (WW), weaning conformation (WCF), marbling (Mar), subcutaneous fat thickness (SFT), and inbreeding (Endogamia). By using exploratory factor analysis (EFA), two factors were identified: the first one grouped the variables WW, WCF, and Inbreeding, and the second the variables SFT and Mar. The observed relationship between characteristics reinforces the challenges of improving economic characteristics while minimizing the negative impacts of inbreeding which requires innovative selection and mating management strategies.*

Resumo. *O objetivo deste trabalho foi, por meio de métodos não estruturados, extrair conhecimento dos dados de três rebanhos. Os três primeiros componentes principais foram responsáveis por 83,55% da variância, e as principais características foram Peso a Desmama (PD), Conformação Frigorífica a Desmama CFD), Marmoreio (Mar), Espessura de Gordura Subcutânea (EGS) e Consanguinidade (Consag). Por meio da análise de fatores exploratória (AFE) foram identificados dois fatores: e o primeiro agrupa as variáveis PD, CFD e Consag, e o segundo as variáveis EGS e Mar. A inter-relação observada entre as características reforçam os desafios de melhorar as características econômicas e, ao mesmo tempo, minimizar os impactos negativos da consanguinidade, o que exige estratégias inovadoras de seleção e manejo de acasalamento.*

1. Introdução

Estudos têm demonstrado que estimativas de correlações genéticas entre características de crescimento em rebanhos Nelore indicam resultados favoráveis para processos seletivos (Santana, et al., 2013). Adicionalmente, também é conhecido que a estrutura dos rebanhos Nelore é influenciada pelas interações genótipo-ambiente (Ige) e, portanto, também dever ser avaliadas. Além disso, a interação entre diferentes ambientes auxilia



os pesquisadores a compreender como os fatores ambientais contribuem para as expressões genéticas, refinando, assim, estratégias de seleção para diversas práticas de manejo (Santana et al., 2023).

A avaliação da dinâmica do rebanho, como tamanho e estrutura populacional, possui um papel crucial no processo de seleção. Estudos destacam que a estratificação populacional e os padrões de seleção em rebanhos Nelore podem ser modelados usando variáveis latentes, contribuindo para uma melhor compreensão da diversidade genética e fornecendo suporte a tomada de decisões de manejo seletivo (Santos et al., 2024). A síntese desses estudos genéticos revelou a complexidade das interações entre crescimento, eficiência alimentar e características reprodutivas, ressaltando a importância de uma abordagem interativa ao desenvolvimento dos rebanhos de seleção Nelore. A interação de abordagens de biologia de sistemas, como a análise de (co)expressão gênica, acrescenta outra camada à compreensão dos processos de seleção em bovinos Nelore (Gonçalves et al., 2018).

Neste contexto, o uso de análise de fatores exploratório (EFA) para estimar variáveis latentes em processos de seleção genética, especialmente em rebanhos Nelore, oferece uma possibilidade para análise de características de importância econômica, para a compreensão da diversidade genética, e das interações ambientais dentro dos diferentes rebanhos Nelore do Brasil. Variáveis latentes podem fazer a síntese de características complexas que não são diretamente mensuráveis, mas o são indiretamente a partir das variáveis observáveis.

Assim, o objetivo deste trabalho é, por meio do uso da análise fatorial exploratória, extrair conhecimento dos processos de seleção genética de rebanhos de bovinos Nelore em diferentes ambientes, o que proporciona insights significativos sobre as características que impulsionam o desempenho dos rebanhos.

2. Material e Métodos

Neste estudo, foram analisadas as estimativas de Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) de 11.209 bovinos dos rebanhos da Embrapa, sendo da Embrapa Gado de Corte – Fazenda Modelo (4.908); Embrapa Pecuária Sudeste - Fazenda Canchim (4.289 animais) e da Embrapa Pantanal - Fazenda Nhumirim (2,012 animais), utilizando a metodologia de análise genômica desenvolvida pelo Programa Geneplus (Rosa, et al., 2013). As DEPs analisadas correspondem a 16 características genéticas: peso ao nascer (pn_dep), peso à desmama (pd_dep), total maternal (tmd_dep), peso ao sobreano (os_dep), ganho pós-desmama (gpd_dep), conformação frigorífica à desmama (cfd_dep), conformação frigorífica ao sobreano (cfs_dep), habilidade de permanência (HP_dep), perímetro escrotal ao sobreano (pés_dep), idade ao primeiro parto (ipp_dep), relação de desmama (rd_dep), área de olho de lombo (aol_dep), espessura de gordura subcutânea (egs_dep), marmoreio (mar_dep), consumo alimentar residual (car_dep) e índice de qualificação genética (IQG_dep). Além das DEPs, também integraram a análise as estimativas de consanguinidade (Consang) diretamente calculada da matriz de parentesco entre os animais.



A Análise Fatorial (AF) e abordagens relacionadas a variáveis latentes têm sido utilizadas para elucidar a estrutura das relações entre características e para formar novas variáveis compostas que resumem fenótipos correlacionados. Tais construções latentes podem então ser utilizadas para prever mérito genético ou orientar decisões de seleção em programas de melhoramento genético multicausal (Montesinos-López et al., 2018). Isso é relevante quando a estrutura latente reflete vias fisiológicas vinculadas ou quando a resposta correlacionada à seleção é uma preocupação que os criadores desejam gerenciar (Silva et al., 2021).

Em paralelo, as variáveis latentes são características não observadas diretamente, sendo combinações lineares que representam dimensões (construtos) que resumem o conjunto original de variáveis observadas. No melhoramento genético animal são utilizados para reduzir a dimensionalidade, capturar estruturas causais ou correlacionais entre características e melhorar a precisão da predição de mérito genético. Por meio da modelagem de variação compartilhada e interdependências das características analisadas. Essa abordagem é particularmente valiosa quando múltiplas características economicamente importantes são medidas, e quando as correlações entre características influenciam a resposta de seleção (Montesinos-López et al., 2018). A integração de abordagens de variáveis latentes com seleção genômica está alinhada com a visão de que múltiplas características correlacionadas podem ser otimizadas em conjunto, aproveitando a arquitetura genética compartilhada para melhorar a resposta de seleção e reduzir respostas correlacionadas desfavoráveis (Hickey et al., 2017). Por outro lado, os modelos de variáveis latentes dependem de tamanhos amostrais adequados, e de seleção criteriosa de características para garantir que os construtos latentes derivados sejam biologicamente significativos, e não artefatos de erro de medição ou viés de amostragem.

Inicialmente, a metodologia multivariada de Componentes Principais (CP) foi utilizada para obter uma síntese das variáveis analisadas. As variáveis e suas combinações que mais retiveram a variância das dezesseis características analisadas nos três rebanhos, retendo aquelas responsáveis pela maior variância retida no banco de dados. Este então foi submetido a Análise de Fatores Exploratória (AFE) com extração dos fatores por meio de componentes principais, utilizando as cinco variáveis identificadas como as mais significativas para o estabelecimento de variáveis latentes. A rotação fatorial oblíqua, que identifica o grau em que cada fator está correlacionado, foi utilizada com o objetivo de facilitar a interpretação gráfica da solução fatorial.

A medida de adequação da amostra de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) foi utilizada para avaliar se os dados são apropriados para a análise fatorial. Ele compara as correlações parciais e as correlações simples entre as variáveis, com valores mais próximos de 1 indicando que a amostragem é adequada. Valores acima de 0,5 para matriz indicam a adequação da amostra (Hair et al., 2009).



3. Resultados e Discussão

As médias e medianas da Consanguinidade e das Diferenças Esperadas a Progenie (DEPs), para cada rebanho, são observadas na Tabela 1.

Os três primeiros componentes principais (PRIN1, PRIN2 e PRIN3) foram responsáveis por 83,55% da variância explicada, sendo que as principais características dominantes (maiores correlações entre os CPs e as características) foram pd_dep cfd_dep com PRIN1; mar_dep e PRIN2; Consag e PRIN3 (Tabela 2). Ou seja, a variável de estrutura genética do rebanho (Consang), uma variável de produtividade de rebanho (pd_dep) e três de qualidade de carcaça (cfd_dep, egs_dep e mar_dep) são responsáveis pela maior parte da variância explicada.

A interpretação das correlações das variáveis com os CPs reflete as variáveis como indicadores de área muscular e tamanho corporal correspondem à variação relacionada ao crescimento, enquanto aqueles com altas cargas em características de gordura e marmoreio refletem a variação da adiposidade (Meyer, 2007). A seleção para crescimento (pd_dep) está alinhada com melhorias no rendimento e na qualidade da carcaça (cfd_dep). Isso justifica o uso de resumos multivariados baseados em CP para embasar estratégias de seleção que considerem a estrutura de características correlacionadas (Crews et al., 2004).

Tabela 1 – Média e mediana dos DEPs dos bovinos avaliados por meio da metodologia de avaliação genômica, realizada pelo programa de avaliação do Geneplus.

Unidades	Embrapa Gado de Corte			Embrapa Pantanal			Embrapa Pecuária Sudeste		
	Nº	média	mediana	Nº	média	mediana	Nº	média	mediana
consang	4908	1,1569	0,0837	2012	0,7806	0	4289	0,4005	0
pd_dep	4908	0,3077	-1,024	2012	0,7013	0,4361	4289	-0,008	-0,6012
cfd_dep	4908	0,4446	-0,324	2012	0,6704	0,6787	4289	0,2419	-0,1973
egs_dep	4908	0,3606	0,3732	2012	0,3628	0,3732	4289	0,3386	0,3732
mar_dep	4908	0,1523	0,0047	2012	-0,1453	-0,0290	4289	0,2349	0,0441

Consang-Consanguinidade, pd_dep-Diferença Esperada na Progenie do Peso a Desmama, cfd_dep- Diferença Esperada na Progenie da Conformação Frigorífica à Desmama, egs_dep - Diferença Esperada na Progenie da Espessura de Gordura Subcutânea, mar_dep - Diferença Esperada na Progenie do Marmoreio.

A correlação entre gordura da carcaça (egs_dep) e marmoreio (mar_dep) também varia entre espécies e conjuntos de dados. Por exemplo, um estudo com gado Charolês encontrou uma correlação positiva entre a porcentagem de gordura na carcaça e a pontuação de marmoreio ($r = 0,41$, $P < 0,05$), indicando que, embora o desenvolvimento da gordura intramuscular (MAR) se correlacione com a deposição geral de gordura, não é perfeitamente colinear com a profundidade da gordura subcutânea (Pacheco et al., 2011). Essa observação corrobora a visão de que diferentes depósitos de gordura (subcutâneos vs. intramusculares) podem covariar, embora tenham associações funcionais distintas com o rendimento e a produtividade.

As cinco variáveis previamente identificadas (Consang, pd_dep, cfd_dep, egs_dep e mar_dep) foram então submetidas à Análise Fatorial Exploratória (AFE) com extração dos fatores que representam construtos latentes (não observáveis), buscando explicar as covariâncias entre as variáveis. As estimativas do teste KMO para verificar a



adequacidade das variáveis foram: consang (0,8965), pd_dep (0,5362), cfd_dep (0,535369), egs_dep (0,5398) e mar_dep (0,6296), respectivamente. além disso os dois primeiros Fatores (Factor1 e Factor2) tiveram seus autovalores estimados maiores que um, sendo então selecionados para análise.

Tabela 2 – Correlações entre as variáveis observáveis e os componentes principais, e o percentual cumulativo da variância explicada por cada componente principal.

	Correlações (variáveis com os componentes principais)					Autovalores cumulativo
	consag	pd_dep	cfd_dep	egs_dep	mar_dep	
PRIN1	0.38105	0.87432	0.90831	0.55297	0.45113	44,88%
PRIN2	-0.58773	-0.23241	-0,17145	0.53387	0.63767	67,29%
PRIN3	0.71218	-0.30364	-0.27258	0.16298	0.33599	83,55 %

Consang - Consanguinidade, pd_dep - Diferença Esperada na Progênie do Peso a Desmama, cfd_dep - Diferença Esperada na Progênie da Conformação Frigorífica à Desmama, egs_dep - Diferença Esperada na Progênie da Espessura de Gordura Subcutânea, mar_dep - Diferença Esperada na Progênie do Marmoreio, PRIN1 – primeiro componente principal, PRIN2- segundo componente principal, PRIN3 – terceiro componente principal.

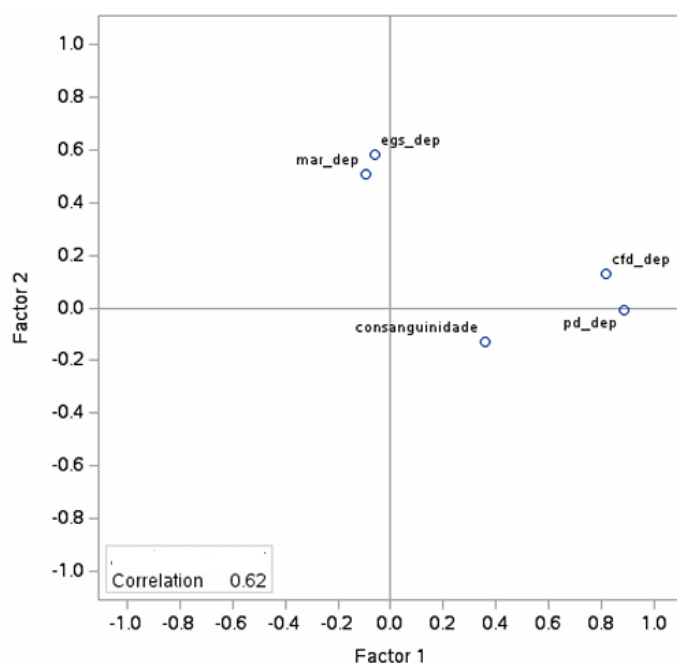
Foi assumido que os dois Fatores estimados são correlacionados, tal que os construtos subjacentes (Fatores) possuem alguma relação. Em vez de manter os eixos perpendiculares, isso permite que eles se movam para encontrar a melhor posição para um ajuste simples, o que permite análise mais realista dos Fatores resultantes.

A rotação oblíqua Promax foi utilizada para simplificar a estrutura dos fatores e facilitar sua interpretação. Observa-se na Figura 1, que a correlação entre os fatores foi estimada em 0,62, e que as variáveis consang, pd_dep e cfd_dep estão representadas no Factor1. As (co)variações entre peso ao desmame, conformação, consanguinidade apresentam dinâmicas complexas influenciadas por fatores genéticos e ambientais. Acredita-se que a conformação, ou constituição física do animal, possui correlação positiva com características de crescimento, incluindo o peso ao desmame. Um estudo focado em bovinos de corte enfatizou o valor econômico do peso ao desmame, sugerindo que pesos maiores ao desmame são benéficos para a produtividade e devem ser um objetivo de melhoramento genético (Laske et al., 2012).

Por outro lado, a consanguinidade é associada a efeitos adversos nos parâmetros reprodutivos e nas taxas de crescimento, o que pode, em última análise, influenciar os pesos ao desmame. Estudos indicam que populações consanguíneas podem apresentar redução no crescimento, visto que a idade materna e o peso corporal são determinantes para eficiência do desmame. A interação entre endogamia e características maternas sugere que a seleção considerando tanto a diversidade genética quanto as características maternas favoráveis é crucial para maior eficiência dos resultados ao desmame (Crews, 2006). Para maximizar os pesos ao desmame e melhorar a conformação, gerenciando os riscos associados à consanguinidade é necessária uma abordagem que incorpore avaliações genéticas, manejo ambiental e estratégias de reprodução direcionadas. Essa abordagem alavancaria a natureza inter-relacionada dessas características para aumentar a produtividade da pecuária de forma eficaz.



O outro agrupamento de variáveis observado compreende *egs_dep* e *mar_epd* no eixo do Factor2 (Figura 1). A covariação entre o marmoreio e a distribuição de gordura na carne é um aspecto crítico da qualidade da carne, influenciando tanto os atributos sensoriais quanto as percepções do consumidor. O marmoreio, definido como a gordura intramuscular dispersa no músculo, possui correlação significativa com características gerais de qualidade da carne, como maciez, suculência e sabor. Essa relação pode ser mediada por diversos mecanismos biológicos e genéticos, enfatizando a necessidade de compreender essas correlações.



Consang - Consanguinidade, *pd_dep* - Diferença Esperada na Progenie do Peso a Desmama, *cfp_dep* - Diferença Esperada na Progenie da Conformação Frigorífica à Desmama, *egs_dep* - Diferença Esperada na Progenie da Espessura de Gordura Subcutânea, *mar_dep* - Diferença Esperada na Progenie do Marmoreio

Figura 1 Análise de Fatores Exploratória rotacionados pelo método do PROMAX dos dois Fatores, em relação às variáveis selecionadas da base de dados dos três rebanhos Nelore da Embrapa.



Estudos mostram forte correlação genética entre o marmoreio e as notas de qualidade. Por exemplo, a pontuação de marmoreio apresentou alta correlação com a pontuação de textura e a nota de qualidade, com valores de -0,96 e -0,99, respectivamente (Do et al., 2016). A correlação entre a porcentagem de gordura na carcaça e a pontuação de marmoreio foi positiva e significativa ($r = 0,41$, $P < 0,05$), reforçando a associação entre esses dois fatores (Pacheco et al., 2011). Notavelmente, a qualidade da carne bovina não depende apenas da pontuação de marmoreio, mas também de atributos como a distribuição de gordura e a composição geral da carcaça (Kruk et al., 2023).

Além disso, as implicações fisiológicas do marmoreio são substanciais. Um maior teor de gordura intramuscular melhora a textura e o perfil de sabor da carne. O aumento do marmoreio melhora a suculência e aprimora a percepção do sabor, estimulando as glândulas salivares quando consumida (Benli & Yildiz, 2023). A correlação positiva entre o marmoreio e a aceitabilidade do consumidor enfatiza sua importância na diferenciação do produto no mercado. Em um estudo comparativo, vários índices que medem o marmoreio foram fortemente correlacionados com o teor de gordura intramuscular, revelando uma clara ligação entre essas características visuais e bioquímicas (Lee & Choi, 2019). Pesquisas também destacaram que as características da carcaça contribuem para a variação genética observada nas características de marmoreio. Por outro lado, aspectos como a composição da ração e a duração da alimentação afetam as taxas de deposição de gordura intramuscular. Por exemplo, o aumento do tempo em jejum está correlacionado com o aumento da maciez da carne bovina devido à infiltração de gordura (Holló et al., 2018). Essa interação sugere que as estratégias de manejo da raça e da dieta desempenham papéis vitais para alcançar a distribuição de gordura desejável e maximizar os benefícios associados ao marmoreio.

A correlação e a covariação entre marmoreio e distribuição de gordura na carne são essenciais para a compreensão da qualidade da carne e da aceitabilidade do consumidor. A interação entre genética, composição da ração e resultados fisiológicos relacionados à deposição de gordura continua sendo uma área de ampla pesquisa, enfatizando a importância do desenvolvimento de estratégias de melhoramento genético e alimentação que otimizem o marmoreio para melhorar a qualidade da carne.

Finalmente para mitigar possíveis vieses nas estimativas de variáveis latentes há necessidade de tamanhos de amostra adequados dentro e entre rebanhos, delineamentos balanceados quando possível e a modelagem explícita do rebanho como um efeito aleatório ou fixo, e melhorar a generalização. Para evitar atribuir efeitos de manejo a construtos biológicos latentes, os modelos devem incorporar ou ajustar fatores ambientes e de manejo. Fatores latentes podem gerar hipóteses testáveis sobre a biologia subjacente (por exemplo, domínios latentes de reprodução ou carcaça), mas devem ser seguidos por análises genéticas ou estudos funcionais para corroborar seu significado biológico (Anas et al., 2025).



4. Conclusão

A inter-relação entre as características produtivas da carcaça e a consanguinidade constitui uma área crítica de foco para geneticistas e produtores. Os desafios de melhorar as características econômicas dos rebanhos e, ao mesmo tempo, minimizar os impactos negativos da consanguinidade exigem estratégias de seleção inovadoras, manejo populacional cuidadoso, e compreensão profunda dos princípios genéticos para aperfeiçoar os resultados nos sistemas de produção de bovinos de corte.

Referências

Anas, M., Zhao, B., Yu, H., Dahlen, C. R., Swanson, K. C., Ringwall, K. A., & Hanna, L. L. H. (2025). Multi-trait phenotypic modeling through factor analysis and bayesian network learning to develop latent reproductive, body conformational, and carcass-associated traits in admixed beef heifers. *Frontiers in Genetics*, 16.

<https://doi.org/10.3389/fgene.2025.1551967>

Benli, H. and Yildiz, D. G. (2023). Consumer perception of marbling and beef quality during purchase and consumer preferences for degree of doneness. *Animal Bioscience*, 36(8), 1274-1284. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0003>

Crews, D. H., Jr., M. L., Caron, N., & Kemp, R. A. (2004). Genetic parameters among growth and carcass traits of canadian charolais cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 84(4), 589-597. <https://doi.org/10.4141/a04-019>

Crews, D. H. (2006). Age of dam and sex of calf adjustments and genetic parameters for gestation length in charolais cattle1. *Journal of Animal Science*, 84(1), 25-31. <https://doi.org/10.2527/2006.84125x>

Do, C., Park, B., Kim, S., Choi, T., Yang, B., Park, S., & Song, H. (2016). Genetic parameter estimates of carcass traits under national scale breeding scheme for beef cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 29(8), 1083-1094. <https://doi.org/10.5713/ajas.15.0696>

Gonçalves, T. M., Regitano, L. C. d. A., Koltés, J. E., Cesar, A., Andrade, S. C. d. S., Mourão, G. B., Gasparin, G., Moreira, G.C.M., Fritz-Waters, E., Reecy, J. M. & Coutinho, L. L. Gene co-expression analysis indicates potential pathways and regulators of beef tenderness in Nellore cattle. *Frontiers in Genetics*, v.9, n. 441, p. 1-18, 2018. . <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00441>

Hair, J. F., Black, W. C., Babin, B. J., Anderson, R. E., & Tatham, R. L. (2009). *Análise multivariada de dados*. Bookman editora.

Hickey, J. M., Chiurugwi, T., Mackay, I., & Powell, W. (2017). Genomic prediction unifies animal and plant breeding programs to form platforms for biological discovery. *Nature Genetics*, 49(9), 1297-1303. <https://doi.org/10.1038/ng.3920>



Holló, G., Húth, B., Holló, I., & Anton, I. (2018). X-ray computed tomography evaluation of intramuscular fat content in hungarian simmental cattle. *Acta Alimentaria*, 47(2), 220-228. <https://doi.org/10.1556/066.2018.0002>

Kruk, O., Ugnivenko, A., Antoniuk, T., Kolisnyk, O., Nosevych, D., Tolok, S., Kolesnikova, O., Zhurenko, V., Brovenko, T., & Vakulenko, V. (2023). Quality of bull beef of the Ukrainian black and white dairy breed in dependence on the development of subcutaneous adipose tissue. *Potravinárstvo Slovak Journal of Food Sciences*, 17, 997–1008. <https://doi.org/10.5219/1917>

Laske, C. H., Teixeira, B. B. M., Dionello, N. J. L., & Cardoso, F. F. (2012). Breeding objectives and economic values for traits of low input family-based beef cattle production system in the state of rio grande do sul. *Revista Brasileira De Zootecnia*, 41(2), 298-305. <https://doi.org/10.1590/s1516-35982012000200010>

Lee, B. and Choi, Y. M. (2019). Correlation of marbling characteristics with meat quality and histochemical characteristics in longissimus thoracis muscle from hanwoo steers. *Food Science of Animal Resources*, 39(1), 151-161. <https://doi.org/10.5851/kosfa.2019.e12>

Meyer, K. (2005). Genetic principal components for live ultrasound scan traits of angus cattle. *Animal Science*, 81(3), 337-345. <https://doi.org/10.1079/asc50850337>

Montesinos-López, O. A., Montesinos-López, A., Crossa, J., Gianola, D., Hernández-Suárez, C., & Martín-Vallejo, J. (2018). Multi-trait, multi-environment deep learning modeling for genomic-enabled prediction of plant traits. *G3 Genes|Genomes|Genetics*, 8(12), 3829-3840. <https://doi.org/10.1534/g3.118.200728>

Pacheco, P. S., Restle, J., Alves Filho, D. C. A., Brondani, I. L., Pascoal, L. L., Kuss, F., Menezes, L.F.G. de & Neiva, J. N. M. (2011). Carcass physical composition and meat quality of charolais cattle of different categories. *Revista Brasileira De Zootecnia*, 40(11), 2597-2605. <https://doi.org/10.1590/s1516-35982011001100043>

Rosa, A. do N., Martins, E. N., Menezes, G. R. de O. & Silva, L. O. C. da (2013). Melhoria genética aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa; Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2013. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/980414>

Santana, M., Eler, J. P., Bignardi, A. B., & Ferraz, J. B. S. (2013). Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: a parallel between nelore and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*, 91(6), 2566-2574. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5856>



Santana, M., Bignardi, A. B., Pereira, R. J., Oliveira, G., Freitas, A. de P., Carneiro, R., Eler, J., Ferraz, J.B.S., Cyrillo, J. N. S. G. & Mercadante, M. E. Z. (2023). Genotype by prenatal environment interaction for postnatal growth of nelore beef cattle raised under tropical grazing conditions. *Animals*, 13(14), 2321. <https://doi.org/10.3390/ani13142321>

Santos, R. M. de, Aganete, I. A., Botrel, B. D., Menezes, G. R. d. O., Nieto, L. M., Souza Jr, M. D. de & Toral, F. L. B. (2024). Multivariate analysis of herd structure and genetic resource indicators in seedstock beef cattle herds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 142(2), 131-144. <https://doi.org/10.1111/jbg.12891>

Silva, H. T., Paiva, J. T., Botelho, M. E., Carrara, E. R., Lopes, P. S., Silva, F. F. Veroneze, R., Ferraz, J.B.S., Eler, J.P., Mattos, E.C. & Gaya, L. G. (2022). Searching for causal relationships among latent variables concerning performance, carcass, and meat quality traits in broilers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 139(2), 181-192. <https://doi.org/10.1111/jbg.12653>