Serviço Público Federal
Ministério da Educação
Fundação Universidade Federal de Mato Grosso do Sul

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
CURSO DE DOUTORADO

INFORMAÇÕES GENÔMICAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS SENEPOL

Gabriel de Morais Pereira

CAMPO GRANDE, MS
2024

Serviço Público Federal
Ministério da Educação
Fundação Universidade Federal de Mato Grosso do Sul

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
CURSO DE DOUTORADO

INFORMAÇÕES GENÔMICAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS SENEPOL

Gabriel de Morais Pereira

Orientadora: Profa. Dra. Andréa Alves do Egito

Coorientador: Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes

Tese apresentada à Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, como requisito à obtenção do título de Doutor em Ciência Animal.
Área de concentração: Produção Animal.

CAMPO GRANDE, MS
2024

Serviço Público Federal
Ministério da Educação
Fundação Universidade Federal de Mato Grosso do Sul

Certificado de aprovação

GABRIEL DE MORAIS PEREIRA

INFORMAÇÕES GENÔMICAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS SENEPOL

GENOMIC INFORMATION IN THE SENEPOL CATTLE GROWTH TRAITS GENETIC EVALUATION

Tese apresentada à Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, como requisito para obtenção do título de Doutor em Ciência Animal. Área de concentração: Produção Animal.

Aprovado em: 20-02-2024

BANCA EXAMINADORA:

_____

Dra. Andréa Alves do Egito

(EMBRAPA) – Presidente

_____

Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes

(EMBRAPA)

_____

Dr. Ivan Carvalho Filho

(GENEPLUS)

_____

Dra. Mariana Mamedes de Moraes

(GENEPLUS)

_____

Dra. Susana Amaral Teixeira

(UFMS)

Documento assinado eletronicamente por **Ivan Carvalho Filho**, **Usuário Externo**, em 22/02/2024, às 07:33, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.

Documento assinado eletronicamente por **Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes**, **Usuário Externo**, em 22/02/2024, às 07:47, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.

Documento assinado eletronicamente por **Andrea Alves do Egito**, **Usuário Externo**, em 22/02/2024, às 18:29, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.

Documento assinado eletronicamente por **Mariana Mamedes de Moraes**, **Usuário Externo**, em 23/02/2024, às 16:12, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.

Documento assinado eletronicamente por **Susana Amaral Teixeira**, **Professora do Magistério Superior**, em 28/02/2024, às 11:52, conforme horário oficial de Mato Grosso do Sul, com fundamento no § 3º do art. 4º do Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020.

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufms.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **4671646** e o código CRC **8B95A1D0**.

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus pela oportunidade da vida, sustentando o caminho para as minhas realizações.

À minha família, em especial a minha esposa Gabriela por todo incentivo, carinho, amor, paciência e por todo o apoio em todas as etapas necessárias para a conclusão deste trabalho. Agradeço também a minha esposa por estar gerando nossa filha Luiza, que é fundamental como inspiração e motivação em minha vida.

A todos meus familiares que me apoiaram para a formação acadêmica, em especial ao meu pai Rozevaldo e minha mãe Élida, por todo o apoio, carinho, esforço e oportunidades que me proporcionaram.

Agradeço em especial à minha professora orientadora Dra. Andréa Alves do Egito, pela paciência, orientação e confiança depositada, que sempre me auxiliou na elaboração deste trabalho. E ao meu coorientador Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, por todas as oportunidades que me proporcionou, por todos os ensinamentos por ele concedidos nesse período na Embrapa Gado de Corte, me mostrando direções para elaboração desta tese e para a vida pessoal e profissional.

A todos os mestres que se dedicaram em lecionar os conteúdos de produção animal, transmitindo com prazer sua sabedoria.

Aos meus colegas e amigos da universidade e da vida pessoal, que também me auxiliam nas reflexões das dificuldades e positividades do dia a dia, em especial aos colegas do Programa Embrapa-Geneplus, Gustavo, Hugo, Ivan e Mariana, por todo auxílio e orientação nas análises deste trabalho.

Àqueles que fomentaram a pesquisa e possibilitaram que o trabalho fosse desenvolvido, à CAPES pela fonte de financiamento código 001, a empresa Embrapa Gado de Corte pela oportunidade e viabilização dos recursos e infraestrutura sem os quais este trabalho não seria realizado, enfatizando a consciência social da empresa, incentivando a pesquisa, desenvolvimento e disseminação de tecnologias de produção.

Ao programa Embrapa Geneplus, a Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol e ao Programa de Melhoramento Genético da raça Senepol por disponibilizarem os dados para elaboração deste trabalho.

Àqueles que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho, a minha eterna gratidão! Muito Obrigado!

“The best thing a human being can do is to help another human being know more”. (Charlie Munger)

Resumo

PEREIRA, G.M. Informações genômicas na avaliação genética de características de crescimento em bovinos Senepol. 2024. 78f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, 2024.

A raça Senepol, caracterizada como uma raça taurina adaptada, se destaca por associar adaptabilidade ao ambiente tropical com elevados índices de fertilidade, habilidade materna e maciez da carne. Entretanto, não há na literatura mundial estudos que tenham apresentado os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos com o uso de informações genômicas para características de crescimento na raça Senepol, bem como o impacto da genômica nas estimativas e predições. Desta forma, objetivou-se neste estudo avaliar os efeitos da inclusão das informações genômicas na estimação dos componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos para características de crescimento na raça Senepol. Foram utilizados fenótipos de 73.547 e genótipos de 6.463 animais da raça Senepol para peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias (P120), peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso pós desmama (GPD). Os componentes de co(variância) e os parâmetros genéticos foram estimados através de BLUP convencional e *single-step genomic* BLUP (ssGBLUP) em análises uni e bicaracterísticas com todas as combinações possíveis entre as características consideradas. Além disso, a estimação dos valores genéticos (VGEs) foram realizadas a partir das análises bi características de cada peso com o PS, com ou sem a inclusão da genômica. A habilidade de predição das análises foi realizada através do método de regressão linear (RL), em dois cenários de validação com banco de dados completo e reduzidos, o primeiro (I) com a retirada dos fenótipos de animais jovens e o segundo (II) com a retirada dos fenótipos de touros genotipados e de suas progênies. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,05 a 0,30 e de 0,05 a 0,29 para análises sem e com genômica, respectivamente. A inclusão da genômica no modelo não provocou grandes mudanças nas estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações para nenhuma das características avaliadas. O PS foi a característica que apresentou a maior estimativa de herdabilidade, indicando uma maior resposta à seleção quando comparadas com outras características. As estimativas de correlações genéticas foram todas positivas entre as características, variando de 0,19 a 0,95, indicando que a seleção para peso em determinada idade influenciará, no mesmo sentido, o peso nas demais idades. Quanto às predições dos valores genéticos, a inclusão da genômica nas análises levou ao aumento de, em média, 5% e 11%, dos valores de acurácia nos cenários I e II, respectivamente. Além disso, a inclusão da genômica também proporcionou aumento das correlações entre o valor genético estimado com os dados completos e com os dados reduzidos e reduziu o viés de predição em ambos os cenários de validação. O PS também apresentou os maiores valores de acurácia, o que poderá proporcionar uma maior resposta a seleção em relação às outras características avaliadas. A inclusão de genômica tem pouca influência nas estimativas de herdabilidade de bovinos Senepol, porém proporciona ganhos em acurácia para as características de crescimento avaliadas, gerando maiores ganhos genéticos relacionados à seleção genômica. Ganhos genéticos indiretos para pesos podem ser

obtidos através da seleção e o PS é a característica que proporcionará maior resposta à seleção na raça Senepol.

Palavras-chave: acurácia, bovinos tropicais, herdabilidade, seleção genômica, ssGBLUP.

Abstract

PEREIRA, G.M. Genomic information in the Senepol cattle growth traits genetic evaluation. 2024. 78f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, 2024.

Senepol cattle, classified as an adapted taurine breed, stands out for associating adaptability to tropical environment and high fertility rates, maternal ability and meat tenderness. However, there are no studies in the world literature that have presented the components of (co)variance and genetic parameters using genomic information for growth traits in the Senepol breed, as well as the impact of genomics on estimates and predictions. Therefore, the aim of this study is to evaluate the effects of including genomic information in the estimation of (co)variance components, genetic parameters and prediction of genetic values for growth traits in Senepol cattle. Phenotypes from 73,547 and genotypes from 6,463 Senepol cattle were used for birth weight (BW), weight at 120 days (W120), weaning weight (WW), yearling weight (YW) and post-weaning weight gain (PWG). Covariance components and genetic parameters were estimated using conventional BLUP and single-step genomic BLUP (ssGBLUP) in uni- and bi- trait analyzes with all possible combinations between traits. In addition, the estimation of genetic values was carried out based on bi-trait analyzes of each weight with YW with or without the inclusion of genomics. The prediction ability of the analyzes was performed using linear regression method (LR), in two validation scenarios with complete and reduced databases, the first (I) with the removal of phenotypes from young animals and the second (II) with the removal of phenotypes from genotyped bulls and their progenies. Heritability estimates ranged from 0.05 to 0.30 and from 0.05 to 0.29 for analyzes without and with genomics, respectively. The inclusion of genomics in the model did not cause major changes in the values of variances, heritabilities and correlations estimates for any of the traits evaluated. YW was the trait that presented the highest heritability estimated, indicating a greater response to selection when compared to other traits. The genetic correlations estimates were all positive between the traits, ranging from 0.19 to 0.95, indicating that selection for weight at a certain age will influence, in the same direction, weight at other ages. Regarding predictions of genetic values, the inclusion of genomics in the analyzes led to an increase of, on average, 5% and 11% in accuracy values in scenarios I and II, respectively. Furthermore, the inclusion of genomics also provided an increase in correlations between complete and reduced breeding value and reduced prediction bias in both validation scenarios. YW presented the highest accuracy values, which would provide a greater response to selection in relation to the other traits evaluated. The inclusion of genomics has little influence on the heritability values of Senepol cattle but provides gains in accuracy for growth traits, providing greater genetic gains related to genomic selection. Indirect genetic gains for weight can be obtained through selection and YW would provide the greatest response to selection in the Senepol cattle.

Keywords: accuracy, genomic selection, heritability, ssGBLUP, tropical cattle.

Lista de abreviaturas e siglas

BLUP	*Best Linear Unbiased Prediction*
DEP	Diferença Esperada na Progênie
EBVs	*Estimated Breeding Values*
FIV	Fertilização *in Vitro*
GEBVs	*Genetic Estimated Breeding Values*
GC	Grupo de Contemporâneos
GGP	*GeneSeek Genomic Profiler*™
GPD	Ganho de Peso Pós-Desmana
PD	Peso à Desmama
PM	Peso Maternal
PMGS	Programa de Melhoramento Genético do Senepol
PN	Peso ao Nascimento
PS	Peso ao Sobreano
REML	*Restricted Maximum Likelihood*
SCBA	*Senepol Cattle Breeders Association*
ssGBLUP	*Single Step Genomic Best Linear Unbiased Prediction*
SPNs	*Single Nucleotide Polymorphisms*
TE	Transferência de Embrião
VGEs	Valores Genético Estimados
VGGs	Valores Genéticos Genômicos

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO 12
OBJETIVOS 15
Objetivo Geral 15
Objetivos Específicos 15
CAPÍTULO 1: REVISÃO DE LITERATURA 16
Senepol – raça taurina adaptada aos trópicos 17
Estimação de componentes de variância 20
Parâmetros genéticos 20
Parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos de corte 22
Predição de valores genéticos 26
Predição de valores genéticos genômicos 27
Considerações finais 29
REFERÊNCIAS 30
CAPÍTULO 2: PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA SENEPOL COM O USO DE DADOS GENÔMICOS 40
Resumo 40
Introdução 41
Material e Métodos 43
Dados fenotípicos e de pedigree 43
Genótipos 44
Análise estatística 45
Resultados 47
Discussão 51
Conclusões 54
Referências 55
CAPÍTULO 3: GANHO EM ACURÁCIA E HABILIDADE DE PREDIÇÃO COM A INCLUSÃO DE INFORMAÇÕES GENÔMICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS SENEPOL 55
Resumo 59

Introdução 60
Material e Métodos 62
Dados 62
Modelo 63
Análise 64
Cenários de validação 65
Resultados 67
Discussão 70
Conclusões 73
Referências 73
CONSIDERAÇÕES FINAIS 77

INTRODUÇÃO

O Brasil caracteriza-se como um dos maiores produtores de alimentos do mundo, sendo o segundo maior produtor de carne bovina e o maior exportador mundial deste produto (ABIEC, 2023). Entretanto, sabe-se que áreas que antes eram destinadas a pecuária, tem sido cada vez mais utilizadas para agricultura (Embrapa, 2017), forçando o setor de produção de carne bovina a buscar maior eficiência produtiva.

Além disso, a disponibilidade de diversas raças bovinas com grandes diferenças adaptativas e produtivas permite que as raças se adaptem a diferentes ambientes, capacidades de gestão e mercados, maximizando assim a produtividade e a rentabilidade, seja através da utilização como raças puras ou através do cruzamento entre raças (Rosa *et al*., 2013). Desta forma, a raça Senepol, caracterizada como taurina adaptada, teve a chegada dos primeiros animais ao país por volta dos anos 2000 (Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol - ABCB Senepol, 2023).

A população da raça Senepol teve grande crescimento, sendo uma opção de recurso genético taurino para a produção eficiente de carne de alta qualidade em condições tropicais (Guimarães *et al*., 2017). Os objetivos de seleção, almejados pelos criadores da raça Senepol, envolvem melhorar o desempenho ponderal, qualidade de carcaça, habilidade materna e fertilidade, além da fixação do caráter mocho (ABCB Senepol, 2023; Senepol Cattle Breeders Association – SCBA, 2023). Nesta perspectiva, a raça tem sido utilizada como alternativa em sistemas de cruzamento com raças zebuínas, com a finalidade de aumentar a produtividade e maciez de carne aliada a uma boa adaptabilidade aos ambientes tropicais.

A raça Senepol conta com avaliação genética anual desde 2011, a qual tem sido realizada através do Programa Embrapa Geneplus em parceria com a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol (ABCB Senepol), no âmbito do Programa de Melhoramento Genético do Senepol (PMGS). Ao longo dos anos, avanços metodológicos foram incorporados no processo de avaliação a fim de gerar melhores predições de valores genéticos estimados (VGEs) para as características adotadas na seleção nos rebanhos. Em 2019, de forma pioneira no mundo para a raça Senepol, informações genômicas foram incorporadas em sua avaliação no Brasil, provendo aos criadores os valores genéticos genômicos (VGGs) ou como

mais comumente conhecidos, as DEPs genômicas (DEP significa diferença esperada na progênie, sendo a metade do VGE).

Os VGGs apresentam maior acurácia quando comparados com as predições obtidas através do método convencional (uso exclusivo de fenótipos e pedigree, sem uso de dados genômicos), especialmente para animais jovens permitindo distinguir precocemente os indivíduos candidatos à seleção, diminuindo assim, o intervalo entre gerações e aumentando o ganho genético no rebanho (VanRaden *et al*., 2009).

Misztal *et al*. (2009) propuseram o método conhecido como *single-step genomic Best Linear Unbiased Prediction* (ssGBLUP), em que indivíduos genotipados e não genotipados podem ser avaliados simultaneamente. Neste método, a matriz de parentesco baseada no pedigree (A) e a matriz de parentesco baseada em informações genômicas (G), são combinadas em uma única matriz, a matriz H (Legarra *et al*., 2009; Misztal *et al*., 2009). O ssGBLUP apresenta a vantagem de construir a matriz H única para todas as características da população avaliada, desta forma, a inversa da matriz H tem uma forma simples e pode substituir a inversa da matriz A por meio de equações já existentes (Aguilar *et al*., 2010). Este método é mais simples, aplicável a modelos mais complexos e pode ser tão preciso quanto os métodos de várias etapas, como GBLUP (BLUP genômico) (Ibanez *et al*., 2014).

Além disso, o ssGBLUP pode levar em conta o viés de seleção, quando a seleção é baseada apenas em genótipos (VanRaden, 2012). Vários estudos de seleção genômica demonstraram as vantagens do ssGBLUP em espécies domésticas, incluindo bovinos de corte (Gordo *et al*., 2016; Lee *et al*., 2017; Onogi *et al*., 2014), bovinos de leite (Tsuruta *et al*., 2011; VanRaden, 2012), suínos (Forni *et al*., 2011; Xiang *et al*., 2016) e aves (Chen *et al*., 2011).

Apesar de desde 2019 ser disponibilizado VGGs preditos por ssGBLUP para as características avaliadas no PMGS da raça Senepol, avanços metodológicos para avaliação dos animais da raça podem ser implementados. A estimação dos componentes de (co)variância, por exemplo, é fundamental para obtenção dos VGGs, mas ainda é realizada sem incorporação das informações genômicas.

Além disso, existe apenas um trabalho que relatou componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso ao desmame em bovinos Senepol (Wright *et al*., 1991) e ainda não há trabalho realizado de forma ampla e sistemática

relatando o impacto da incorporação da genômica na avaliação genética da raça. Assim sendo, o presente estudo foi realizado visando avaliar a inclusão da genômica na avaliação da raça Senepol, algo que é estratégico para que os criadores continuem os investimentos nessa nova tecnologia.

OBJETIVOS

Objetivo geral

Avaliar os efeitos da inclusão das informações genômicas na estimação dos componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos para características de crescimento na raça Senepol.

Objetivos específicos

Estimar e comparar componentes de (co)variância para características de crescimento, estimados através da metodologia BLUP convencional e *single-step genomic* BLUP, em abordagens uni e bicaracterísticas na raça Senepol.

Predizer e comparar os valores genéticos aditivos para características de crescimento, utilizando-se o método BLUP convencional e *single-step genomic* BLUP, em abordagens bicaracterísticas na raça Senepol.

Predizer e comparar a acurácia dos valores genéticos estimados para características de crescimento, através da metodologia BLUP convencional e *single-step genomic* BLUP, em abordagens bicaracterísticas na raça Senepol.

CAPÍTULO 1: REVISÃO DE LITERATURA

O Brasil é caracterizado como um grande produtor de alimentos, e está em constante evolução, principalmente em relação à produção de carne, destacando-se a bovinocultura de corte, a qual desempenha um papel fundamental para economia, contribuindo significativamente para o fornecimento de alimentos de alta qualidade e em quantidade suficiente para atender à demanda mundial. No Brasil, encontra-se o maior rebanho comercial de bovinos do mundo (234,4 milhões de cabeças de bovinos) (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE, 2023), sendo o maior exportador mundial e o segundo maior produtor de carne bovina (ABIEC, 2023).

No entanto, de acordo com Malafaia e Biscola (2023), é fundamental o fortalecimento da pesquisa, desenvolvimento e inovação na pecuária de corte, a fim de alavancar a produção de carne e garantir a permanência do Brasil no mercado consumidor e sua competitividade com outros setores de produção. Além desses desafios, destaca-se ainda a maior exigência dos consumidores nacionais e internacionais, o acirramento das disputas por mercado com outras cadeias de proteína animal, as preocupações relacionadas à conservação ambiental e o aumento da produtividade em áreas de menor fertilidade de solo (Embrapa, 2020).

Devido à gradativa demanda pela carne e pela competitividade por área com outros sistemas de produção, se faz necessário investir em eficiência produtiva na bovinocultura de corte, ou seja, produzir mais carne em menor tempo e área, e com um custo reduzido, oferecendo mais empregos e diminuindo os impactos ambientais (Veroneze *et al*., 2016).

Uma das principais formas para aumento de produtividade na bovinocultura de corte é através do melhoramento genético, por meio da seleção de raças puras ou através da utilização de cruzamentos utilizando raças taurinas e raças zebuínas. No entanto, a introdução de raças taurinas em ambientes tropicais apresenta desafios consideráveis atribuídos principalmente à dificuldade em sustentar níveis ótimos de produtividade em condições climáticas quentes (Morenikeji *et al*., 2020).

Dessa forma, se faz necessário conhecer a origem e evolução das raças utilizadas para produção de carne, visto que representa o potencial de adaptação dos animais a diferentes ambientes de produção. Sabe-se que durante o período colonial, os bovinos foram trazidos para o continente americano pelos europeus, onde os animais da Península Ibérica se espalharam por toda a América, sendo

conhecidas como raças crioulas, nativas locais ou naturalizadas (Egito *et al.*, 2007). Essas raças adaptaram-se a uma ampla diversidade de ambientes, e mais recente, esses animais que já se encontravam na América, receberam influências de outras origens, incluindo animais zebu (Primo *et al.,* 1992).

O gado crioulo, desempenhou um papel crucial na exploração e desenvolvimento das novas colônias na América, sendo a maioria do gado importado originário da Espanha. Entretanto, devido a origem colonial do Brasil, o país foi o único que recebeu raças Portuguesas (Mariante; Egito, 2002). Dessa forma, a influência desses bovinos na América Latina e no Sudeste dos Estados Unidos foi significativa, povoando diversos tipos de ambientes e ecossistemas.

Além dessas raças crioulas provenientes da Península Ibérica, novas raças foram desenvolvidas através de cruzamento entre raças, como o Projeto Montana Tropical (Ferraz *et al.,* 2000) e o Senepol (Hupp, 1978). Essas raças surgiram com o objetivo de maior adaptação ao ambiente tropical, sendo utilizadas para manter a produtividade com adaptabilidade a condições climáticas adversas (Hammond *et al*., 1996).

Com início relativamente recente no Brasil, por volta dos anos 2000, a raça Senepol foi introduzida no país como uma alternativa para produção de carne, aliando uma boa adaptabilidade ao ambiente tropical e elevados índices de fertilidade, habilidade materna e maciez da carne, típica dos taurinos (Rosa *et al*., 2013).

Senepol – raça taurina adaptada aos trópicos

De acordo com Associação dos Criadores de Bovinos Senepol (*Senepol Cattle Breeders* Association - SCBA, 2023), a raça Senepol foi desenvolvida no início do séc. XX, com origem no Caribe, nas Ilhas Virgens de Saint Croix. O rebanho nativo da região era predominantemente formado por bovinos crioulos, cujos ancestrais eram os animais de origem espanhola que chegaram durante a segunda viagem de Cristóvão Colombo em 1493 à ilha conhecida como La Española, atualmente sede da República Dominicana e Haiti (Primo, 1992; Ginja *et al.,* 2010).

O rebanho crioulo nativo não era capaz de suprir a demanda local, sendo basicamente formado pela raça N`Dama, uma raça taurina senegalesa, apresentando resistência ao calor, insetos, parasitas e doenças, bem como

habilidade de sobrevivência em regiões de pastagens de baixa qualidade nutricional (Hupp, 1978; Paula *et al.*, 2018; SCBA, 2023).

Com o objetivo de aumentar a habilidade materna, a fertilidade e a fixação do carácter mocho à raça N'Dama, o rebanho dessa raça foi acasalado com bovinos da raça Red Poll, produzindo animais com níveis superiores de produção de acordo com as condições ambientais das Ilhas Virgens (Sepúlveda *et al*., 2012), formando assim a raça Senepol. Além disso, a seleção realizada na raça foi caracterizada pela contínua busca por habilidade de sobreviver as condições climáticas e nutricionais adversas na região de Saint Croix (SCBA, 2023).

No entanto, trabalhos avaliando a ancestralidade da raça Senepol, através de análises de polimorfismos de nucleotídeo único, não suportam a sua origem proveniente apenas dos animais taurinos da África Ocidental (Flori *et al.,* 2012; Ginja *et al.,* 2019; Suniga, 2019). Flori *et al.* (2012) identificaram uma introgressão de 10,4% de genes zebuínos, 89% de genes da raça europeia Red Poll e apenas 0,6% relacionado a raça taurina africana N'Dama, ao avaliarem a diversidade genética de 153 animais Senepol provenientes da Venezuela. Da mesma forma, Suniga (2019) também encontraram uma composição genética semelhante para a raça Senepol no Brasil, onde 86% dos genes são de ascendência taurina europeia, 12,5% de origem zebuína e apenas 1,5% de origem taurina africana. Além disso, Siqueira *et al.* (2009) observaram que animais da raça Senepol apresentaram uma maior distância genética da raça Angus (0,57) do que da raça Nelore (0,44).

Conforme Hupp (1978), o rebanho da raça N'Dama levou nove anos para ser constituídos nas ilhas caribenhas, a partir de importações e cruzamentos com as raças crioulas para aumento do plantel. Dessa forma, a ascendência do gado taurino da África Ocidental, se ocorreu, foi provavelmente contra selecionada nas primeiras gerações pelos objetivos de seleção destinados a aumentar a produção de carne e o fenótipo sem chifres (Flori *et al.,* 2012).

Ginja *et al.* (2019) também verificaram que a raça Senepol apresenta uma menor distância genética com raças africanas, semelhante a raças crioulas das Américas. Além disso, esses autores demonstraram no agrupamento de raças que o Senepol se encontra no mesmo conjunto das raças crioulas das Américas (descendentes da Península Ibérica), sendo a raça Senepol descendente da colonização espanhola.

Estes fatores elucidam o potencial de resistência a parasitas e tolerância ao calor da raça, condições peculiares do clima tropical. Além disso, Flori *et al.* (2012) identificaram mutações relacionadas ao gene *Slick Hair* na raça Senepol, relacionado à pelos curtos e finos, permitindo melhor troca de calor. Da mesma forma, Huson *et al.* (2014) também identificaram mutações relacionadas ao gene *Slick Hair*, semelhante a raça Romosinuano e Criollo Limoneiro, evidenciando também a possibilidade da descendência do Senepol de raças crioulas.

Assim, acredita-se que raças crioulas de origem Ibérica desempenharam um papel significativo na formação da raça Senepol, visto que não havia bovinos nativos no Continente Americano antes da colonização (Egito *et al.,* 2007; Felius *et al.,* 2011; Primo, 1993). Alba (1986) menciona ainda a existência de cruzamentos de animais da raça Senepol com bovinos crioulos que já existiam na ilha de Saint Croix.

Essa combinação de influência genéticas contribuiu para o caráter de adaptação aos trópicos, e de acordo com a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol (ABCB Senepol, 2023) os objetivos de seleção traçados dentro da raça atualmente buscam aumentar a produção de carne, melhorar a habilidade materna, aprimorar a fertilidade e buscar um caráter mocho aos animais, mantendo a adaptabilidade da raça a ambientes tropicais, tanto ao calor quanto aos parasitas.

Segundo Ahlberg (2017), a adaptabilidade deve se tornar um caráter de seleção chave para a indústria da carne bovina. Os animais não só precisam se adaptar para sobreviver, mas necessitam manter a alta produtividade. Entretanto, a seleção para características de adaptabilidade é um processo lento e difícil, sendo desafiador a definição e mensuração, mas que se não for realizado, corre o risco de perder produtividade no futuro.

Sob essa perspectiva, a raça tem sido utilizada no Brasil como alternativa em sistemas de cruzamento com raças zebuínas, com o objetivo de aumentar a produtividade e a maciez da carne combinada com boa adaptabilidade a ambientes tropicais (Guimarães *et al*., 2017). Além disso, a raça destaca-se por manter a temperatura corporal normal durante o estresse térmico, podendo ser tolerante ao calor semelhante a animais zebuínos (Olson *et al*., 2003; Paula-Lopes *et al.,* 2003).

A raça Senepol tem avaliação genética anual desde 2011, realizada através do Programa Embrapa Geneplus em parceria com a ABCB Senepol, no âmbito do Programa de Melhoramento Genético do Senepol (PMGS; ABCB Senepol, 2023).

Estimação de componentes de variância

A seleção baseia-se na análise na predição do valor genético dos indivíduos para os fenótipos de interesse possibilitando, assim, a identificação dos animais geneticamente superiores (Moreira *et al*., 2015). Para que esses fenótipos sejam úteis em programas de melhoramento genético, ou seja, para que estes contribuam no mérito genético na direção desejada, é necessário estimar, de forma acurada, os componentes de (co)variância, os parâmetros genéticos (herdabilidade e correlações) e o valor genético do animal para as características avaliadas (Henderson, 1953; Yokoo *et al*., 2007).

É importante evidenciar que os parâmetros genéticos são estimativas específicas de cada população ou rebanho, sendo alterados em consequência da seleção genética, das mudanças no ambiente e do uso de diferentes métodos de estimação. Entretanto, observa-se que para a raça Senepol, existem, até o momento, apenas três trabalhos que estimaram parâmetros genéticos, sendo esses o de Wright *et al*. (1991), os quais realizaram a estimação de componentes de co(variância) para peso à desmama, Novo *et al*. (2021) para características relacionadas à eficiência alimentar e à carcaça, e Pereira *et al*. (2021) para características relacionadas às eficiências alimentar e hídrica. Além do reduzido número de publicações, nos três estudos, os autores trabalharam com um banco de dados relativamente pequeno (4634, 1393 e 1116 animais respectivamente), indicando a necessidade de novas estimativas de parâmetros genéticos da raça contendo uma amostra representativa para um maior entendimento de como as características de interesse produtivo se expressam na raça Senepol.

Parâmetros genéticos

A estimativa de herdabilidade (h^2) é um parâmetro genético importante para na determinação da consistência (confiabilidade) da utilização do fenótipo (desempenho produtivo do animal) na determinação do valor genético de uma característica na população, uma vez que representa a proporção herdável da variabilidade total de determinada característica (Eler, 2015).

De acordo com Falconer e Mackay (1996), os coeficientes de herdabilidade determinam a capacidade de transmissão da característica avaliada para a sua

progênie, expressando quanto da variabilidade fenotípica de uma característica é de origem genética e, assim, se possui resposta à seleção. Portanto, as estimativas de herdabilidade são fundamentais para o melhoramento genético de uma raça, visto que o seu valor é alterado dependendo da população (banco de dados) que se está trabalhando e ainda a herdabilidade é necessária para a estimação dos valores genéticos.

A magnitude e sentido das respostas correlacionadas são determinados, principalmente, pela correlação genética entre as características envolvidas. As correlações genéticas entre duas características mostram a extensão em que os mesmos genes afetam a sua expressão (Eler, 2015), ou seja, calcula a probabilidade de duas características diferentes serem afetadas pelos mesmos genes (Falconer, 1981; Pereira, 2008).

A correlação fenotípica também é uma medida da associação entre dois caracteres (X e Y), mas que podem ser observados a partir da correlação entre dois fenótipos no mesmo individuo, sendo influenciada por efeitos combinados do genótipo e do meio ambiente. É importante notar que a correlação fenotípica pode ser influenciada tanto pela herança quanto pelo ambiente, ou por ambos (Falconer; Mackay, 1996).

Essas informações de correlações genéticas e fenotípicas são interessantes para o melhoramento genético dos animais, visto que elas representam o grau de associação entre as características que estão sendo consideradas, demonstrando possíveis antagonismos, como por exemplo a correlação genética entre o ganho médio diário e o marmoreio na raça Senepol (Novo *et al*., 2021), em que ao selecionar para aumento do ganho de peso dos animais pode reduzir o grau de marmoreio na carne.

Além disso, é importante conhecer essas inter-relações genéticas entre as características de interesse para uma população, com o objetivo de controlar o efeito da seleção de uma característica sobre as outras, a fim de conduzir o processo de seleção de forma mais equilibrada. É importante mencionar que as correlações podem ser favoráveis ou desfavoráveis para a seleção, independente da magnitude e direção, de acordo com o que se almeja para cada característica (Bourdon, 2014; Pereira, 2008).

Outro fator interessante é que a partir do conhecimento da correlação entre duas características é possível realizar seleção indireta, principalmente em

características que possuem dificuldade de mensuração ou avaliação, baixa herdabilidade ou expressão tardia ou restrita a um gênero. Em algumas ocasiões, o progresso genético através de respostas correlacionadas (seleção indireta) pode ser até maior do que a seleção direta para determinada característica (Falconer; Mackay, 1996).

Parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos de corte

As características de crescimento são utilizadas como critério de seleção em programas de melhoramento genético de bovinos de corte, pois são facilmente mensuráveis, estão relacionadas à produtividade e rentabilidade do produtor e apresentam herdabilidade com magnitude de média a alta, o que sugere que a seleção pode levar ao progresso genético (Razook *et al*., 2001).

Entre essas características, visando o aumento de produtividade e mantendo a qualidade do produto final, destacam-se os pesos corporais medidos em diferentes fases de desenvolvimento do animal e as taxas de crescimento, como o ganho de peso entre essas fases, as quais quando incluídas em programas de melhoramento contribuem para uma melhor relação entre custo e benefício de produção, proporcionando, assim, maior rendimento na comercialização dos animais (Nieto *et al*., 2013).

As medidas de peso de um animal em diferentes fases da vida são importantes, pois cada fase pode ser influenciada por fatores diferentes, como efeitos maternos e/ou ambientais, com maior ou menor intensidades. Quanto maior a associação entre essas características, ou seja, quando existe correlação positiva entre as medidas de peso nas diferentes idades, a seleção em uma característica pode afetar outras características na mesma direção. Isso significa que, se houver seleção para aumentar o peso em uma determinada fase, outras características relacionadas ao peso também podem mudar na mesma direção (Alencar, 2010).

Dentre as medidas de peso às diferentes idades, o peso ao nascimento é o primeiro fenótipo que pode ser medido logo após o nascimento do bezerro. Essa característica proporciona o conhecimento do crescimento pré-natal do animal e apresenta impacto na proporção de problemas relacionados ao parto (partos distócicos), sendo fundamental monitorar o aumento do peso ao nascer, e ao

mesmo tempo, pesos ao nascer muito baixos podem resultar no aumento da taxa de mortalidade pós nascimento (Bellows; Short, 1978).

Estimativas de correlações genéticas indicam que a seleção para pesos em diferentes fases do desenvolvimento proporciona também incremento no peso ao nascer das futuras gerações (Baldi *et al*., 2010; Gathura *et al.*, 2020; Pires *et al*., 2017). Esta característica mostra correlações genéticas positivas com os demais pesos e ganhos de pesos nas idades subsequentes, sendo determinada não apenas por efeito genético aditivo, mas também é influenciada por efeitos genéticos maternos e de ambiente (Baldi *et al*., 2010; Gathura *et al.*, 2020; Scarpati; Lôbo, 1999).

Estimativas de herdabilidade para peso ao nascer na raça Nelore variam de 0,23 a 0,41 (Boligon *et al*., 2009; Boligon *et al*., 2013; Chud *et al.,* 2014; Gunski *et al*., 2001; Lopes *et al*., 2008; Oliveira *et al*., 2017), 0,27 a 0,29 para a raça Angus (Cardoso *et al*., 2001; Weber *et al*., 2009), 0,26 para a raça Canchim (Pires *et al.*, 2017), 0,19 a 0,25 para a raça Romosinuano (Rocha *et al.*, 2018; Sarmiento; Garcia, 2007), 0,22 para raça Simental (Marques *et al.*, 2000) e 0,34 a 0,38 para a raça Caracu (Pereira *et al.*, 2006, 2008). Além disso, em uma meta-análise realizada por Gathura *et al.* (2020) abrangendo 32 raças de bovinos, tanto zebuínos quanto taurinos, criadas nos trópicos encontrou herdabilidade direta média de 0,26 e herdabilidade materna de 0,07 para peso ao nascer.

Para avaliar a habilidade materna das matrizes e o potencial de crescimento dos bezerros, é utilizado peso do bezerro ajustados aos 120 dias de idade, conhecido como peso à fase materna ou peso maternal. O crescimento pré-desmama está relacionado ao potencial de crescimento pré e pós-natal do bezerro, e essa característica permite prever o mérito genético do animal para o crescimento e a produção de carne. Além disso, o peso do bezerro aos 120 dias de idade está fortemente relacionado à habilidade materna das vacas do rebanho, que envolve desde a produção de leite até os cuidados com a cria (Alencar, 2010; Dias *et al*., 2005).

O peso maternal é influenciado pela habilidade materna das vacas, que é afetada pelo efeito genético aditivo materno e ambiente permanente da vaca, em que a inclusão do efeito genético aditivo materno nas avaliações genéticas é importante, pois a não inclusão pode superestimar o efeito genético aditivo direto do animal (Meyer, 1992). Além disso, o efeito de ambiente permanente da vaca, que se

expressa principalmente na produção de leite, também é um fator importante a ser considerado (Meyer, 1992; Willham, 1972).

Herdabilidades de peso aos 120 dias variam entre 0,05 e 0,58 para zebuínos e apresentam correlações genéticas positivas com o peso à desmama (0,81 a 0,94), evidenciando alta relação entre as duas características (Baldi *et al*., 2010; Garnero *et al*., 2010; Gathura *et al*., 2020; Mercadante; Lôbo, 1997; Oliveira *et al*., 2017; Souza *et al*., 2011; Yokoo *et al*., 2007). Marques *et al.* (2000) e Mota *et al.* (2013) encontraram herdabilidade de 0,08 e 0,04 para peso aos 120 dias para a raça Simental, respectivamente, já Pereira *et al.* (2006) relataram herdabilidade de 0,11 para a raça Caracu.

O peso à desmama é uma característica importante para avaliar o mérito genético do animal para crescimento e a habilidade materna das vacas. Geralmente, é ajustado aos 240 dias de idade e reflete a ação direta dos genes do animal (Eler *et al*., 1996). Além disso, o peso à desmama está diretamente relacionado com o produto final, e a idade da vaca à parição também pode afetar tanto o peso aos 120 dias quanto o peso à desmama do bezerro, pois vacas mais jovens tendem a produzir menor quantidade de leite do que vacas adultas (Giannoni; Giannoni, 1983).

O peso à desmama é frequentemente utilizado como um critério de seleção em programas de melhoramento genético (Guidolin *et al*., 2012), visto que possui correlações genéticas de elevadas magnitudes e positivas com características de peso mensuradas em outras idades (Alencar *et al*., 1993). Isto indica que a seleção para peso à desmama também proporciona progresso genético nas demais características de peso do animal.

Wright *et al*. (1991) estimaram componentes de variância para a raça Senepol para peso ao desmame (PD) e relataram herdabilidade direta de 0,21 e materna de 0,47 para a característica, sendo o trabalho pioneiro para a raça. Rocha *et al.* (2018) também encontraram o mesmo valor de 0,21 e Sarmiento e Garcia (2007) encontraram 0,34, ambos para a raça Romosinuano, Weber *et al.* (2009) relataram herdabilidade de 0,24 para raça Angus, Pereira *et al.* (2006, 2008) relataram 0,13 e 0,27 para a raça Caracu, respectivamente. Marques *et al.* (2000) e Mota *et al.* (2013) encontraram 0,13 e 0,11 para raça Simental, respectivamente.

Em uma meta-análise com bovinos criados nos trópicos, Gathura *et al.* (2020) relataram herdabilidade de 0,24 para peso à desmama, e estimativas de herdabilidades variam entre 0,14 e 0,34 para raças zebuínas (Baldi *et al*., 2010;

Chud *et al*., 2014; Garnero *et al*., 2010; Oliveira *et al*., 2017; Souza *et al*., 2011; Yokoo *et al*., 2007), indicando a possibilidade de progresso genético através da seleção para essa característica.

Um dos pesos mais utilizados à idade adulta em bovinos de corte é o peso ao sobreano, mensurado aos 18 meses, por estar relacionado ao peso de abate e demonstrar o potencial genético do animal após serem desmamados, já que com o passar da idade, essas características sofrem menor influência materna (Eler *et al*., 1996). Estimativas de herdabilidades para peso ao sobreano para animais zebuínos variam de 0,19 a 0,68 (Alencar *et al*., 1993; Baldi *et al*., 2010; Borba *et al*., 2011; Buzanskas *et al*., 2010; Castro-Pereira *et al*., 2007; Mascioli *et al*., 1996; Meirelles *et al*., 2010; Oliveira *et al*., 2017). Marques *et al.* (2000) e Mota *et al.* (2013) relataram herdabilidade de 0,24 e 0,31 para a raça Simental e Sarmiento e Garcia (2007) encontraram herdabilidade de 0,33 para a raça Romosinuano. Pereira *et al.* (2006, 2008) relataram 0,42 e 0,37 para peso ao sobreano na raça Caracu. Gathura *et al.* (2020) encontraram herdabilidade de 0,26 para peso ao sobreano de bovinos criados em ambiente tropical. Estimativas de correlações genéticas indicam que a seleção para o aumento do peso ao sobreano reflete no aumento do peso em idades mais jovens (Baldi *et al*., 2010; Caetano *et al*., 2013; Eler *et al*., 1996; Gathura *et al*., 2020; Meirelles *et al*., 2010; Oliveira *et al*., 2017; Yokoo *et al*., 2010).

O ganho de peso pós-desmama consiste na diferença entre o peso ao sobreano e o peso ao desmame, e é uma medida importante na avaliação genética de bovinos de corte, pois reflete a capacidade individual de crescimento em uma fase próxima ao produto final e com menor influência direta dos efeitos maternos (Cardoso *et al*., 2004). As estimativas de herdabilidade direta para o ganho de peso pós-desmama em animais zebuínos variam entre 0,16 e 0,37 (Caetano *et al*., 2013; Castro-Pereira *et al*., 2007; Oliveira *et al*., 1983; Paneto *et al*., 2002; Rezende *et al*., 2014). Weik *et al.* (2021) relataram herdabilidade de 0,35 para Angus e Hereford e Sarmiento e Garcia (2007) encontraram herdabilidade de 0,17 para ganho de peso pós-desmama na raça Romosinuano. Pereira *et al.* (2006) relataram herdabilidade de 0,13 e 0,31 para fêmeas e machos da raça Caracu respectivamente. Além disso, as estimativas de correlações genéticas indicam que a seleção para ganho de peso pós-desmama também proporciona ganhos genéticos em pesos mensurados em diversas fases de desenvolvimento do animal (Castro-Pereira *et al*., 2007).

Predição de valores genéticos

A seleção de características fenotípicas de interesse econômico e zootécnico em bovinos de corte tem evoluído significativamente nas últimas décadas. O método BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) via equações de modelos mistos (Henderson, 1973) e o modelo animal (Quaas; Pollak, 1980) foram desenvolvidos para aprimorar essa seleção e aplicação em programas de melhoramento.

A sigla BLUP significa melhor predição linear não viesada, pois maximiza a correlação entre o valor genético predito ($\hat{a}$) e o valor genético verdadeiro (a), minimizando a variância do erro de predição. Além disso, é uma função linear dos dados e não viesada por apresentar a esperança do valor genético predito igual a esperança do valor genético verdadeiro $[E(\hat{a} = E\ (a)]$ (Mrode, 1996).

Desde que foi criada, essa metodologia tem evoluído e é utilizada em diversos modelos, incorporando a matriz A, que contém informações sobre os coeficientes de parentesco ou de relacionamento (Wrigth, 1922), e informações fenotípicas para prever valores genéticos. Quando ordenados, esses valores permitem identificar animais com superioridade genética (Mrode, 1996).

Além disso, esta avaliação pode ser realizada tanto em modelos com uma, duas ou mais características (Graser *et al.,* 1987; Meyer*,* 1991; Thompson *et al.*, 1995) e análises utilizando duas ou mais características permite utilizar a correlação genética, fenotípica e ambiental entre as características utilizadas, o que melhora as estimativas dos parâmetros genéticos e a precisão das avaliações (Cameron, 1977 Henderson; Quaas,1976; Mascioli *et al.*, 2001; Mrode, 1996; Schneeberger, *et al.*, 1992).

Mascioli *et al.* (2001) e Baldi *et al.* (2010) observaram maiores estimativas de variâncias genéticas aditivas e menores estimativas de variâncias residuais, resultando assim em maiores herdabilidades para o modelo com duas ou mais características em comparação com o modelo uni característico para medidas de peso em bovinos da raça Canchim. Esta melhora na estimativa das análises bi características esta relacionada à redução no viés provocado pela seleção (Meyer, 1995) e pela correlação genética existente entre as medidas de peso. Jia e Jannink (2012) e Calus e Veerkamp (2011) demonstraram também que análises com mais de uma caraterística (bi ou multicaracterística) apresenta vantagens em relação a análises uni característica, tanto em dados simulados e quanto em dados reais.

Predição de valores genéticos genômicos

A predição de valores genéticos genômicos é uma metodologia que utiliza informações de fenótipos, pedigree e genótipos com o objetivo de melhorar a acurácia da avaliação genética. Essa técnica permite a seleção de animais ainda jovens, antes mesmo que determinados fenótipos se manifestem, reduzindo o intervalo de gerações e impactando diretamente na taxa anual de ganho genético do rebanho (VanRaden *et al*., 2009). A genômica também permite a validação do *pedigree*, identificando e resolvendo erros e incertezas de paternidade em relação a produtos nascidos de matrizes expostas a vários touros, tanto de inseminação artificial quanto de repasse (Menezes *et al*., 2013).

Existem vários métodos que foram desenvolvidos e implementados para realizar a predição genômica dos valores genéticos dos animais, sendo hoje o *Single-Step Genomic BLUP* (ssGBLUP - Legarra *et al*., 2009) o mais utilizado em avaliações genéticas internacionalmente. A metodologia ssGBLUP permite utilizar todas as informações disponíveis de animais genotipados e não genotipados, pedigree e genótipos em um procedimento de único passo.

No ssGBLUP a lógica do BLUP é mantida e somente a inversa da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wrigth (1922) (A^{-1}) é substituída pela inversa da matriz de parentesco realizado (H^{-1}) (Legarra *et al*., 2009) nas equações de modelos mistos (Henderson, 1973; Quass; Pollak, 1980).

Para calcular o parentesco realizado entre todos os animais genotipados e não genotipados, a matriz H^{-1} combina as matrizes A^{-1} e a inversa da matriz de parentesco genômico (G^{-1}) (VanRaden, 2008) de acordo com Aguilar *et al*. (2010):

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

em que $\boldsymbol{A^{-1}}$ é a inversa da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de todos os animais, já $\boldsymbol{A_{22}^{-1}}$refere-se a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco dos animais genotipados e $\boldsymbol{G^{-1}}$ é a inversa da matriz de parentesco genômico dos animais genotipados, obtida de acordo com o método proposto por VanRaden (2008):

$$\boldsymbol{G} = \frac{\boldsymbol{ZZ'}}{\boldsymbol{2\sum_{i=1}^{m} p_i(1-p_i)}}$$

onde m é o número total de SNPs (*Single Nucleotide Polimorphism* – Polimorfismo de nucleotídeo único), $\boldsymbol{p_i}$ é a frequência alélica para o loco $\boldsymbol{i}$ e $\boldsymbol{Z}$ é a matriz de genótipos centrados dos SNPs.

O método ssGBLUP apresenta vantagens em relação ao BLUP convencional, como por exemplo em considerar a pré-seleção dos animais (Legarra *et al*., 2014; VanRaden; Wright, 2013). Outra vantagem é em relação ao cálculo de consanguinidade dos animais, que se torna mais preciso, o que possibilita aperfeiçoar os programas de acasalamentos de modo a dispersar a contribuição genética de forma eficaz, o que reduz assim a endogamia dos rebanhos (Aguilar *et al*., 2010; Chen *et al*., 2011; Christensen, 2012; Vitezica *et al*., 2011; Zhang *et al*., 2016).

O ssGBLUP traz ainda como vantagem em relação ao BLUP o fato de contabilizar a amostragem mendeliana, que está relacionada as diferenças genéticas entre irmãos completos por exemplo, onde através da genômica, melhora a estimativa de parentesco entre todos os indivíduos avaliados simultaneamente, determinando relações que antes eram desconhecidas e/ou distantes (Legarra *et al*., 2009).

Visando avaliar a inclusão de informações genômicas na estimação de valores genéticos, Legarra e Reverter (2018) propuseram uma metodologia de validação utilizando regressão linear (RL). De acordo com esses autores, são estimados valores genéticos (VGEs) com todos os dados disponíveis, com e sem a inclusão da genômica. Posteriormente, são construídos diferentes cenários de validação, utilizando banco de dados parciais, onde são retirados fenótipos de alguns animais, como a retirada de dados de animais jovens, ou de filhos de touros jovens, por exemplo, e assim estimados os valores genéticos utilizando os bancos de dados parciais, tanto sem quanto com genômica.

De acordo com esses autores, os valores genéticos estimados com o banco completo ($\hat{\mathrm{a}}_c$) são considerados os valores genéticos verdadeiros, e a partir disto é avaliado o quanto os valores genéticos estimados pelo banco parcial ($\hat{\mathrm{a}}_p$) se aproximam dos valores do banco completo, utilizando medidas de correlação

($cor(\hat{a}_c\hat{a}_p)$), acurácia (ACC_{LR}), viés (β_0) e dispersão (β_1) dos valores genéticos A acurácia é calculada da seguinte maneira:

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

onde $\hat{a}_p$ e $\hat{a}_c$ são os VGEs conforme descrito acima, $\bar{F}$ é o coeficiente médio de endogamia e σ_g^2 é a variância genética derivada da análise com ou sem genômica do conjunto de dados completos. Também descrito por Legarra e Reverter (2018), o β_0 foi calculado como sendo a diferença média entre os valores genéticos completos e parciais ($\overline{\hat{a}_c} - \overline{\hat{a}_p}$) e β_1 como a inclinação de regressão das estimativas dos dados completos e parciais ($cov(\hat{a}_c\hat{a}_p)$ / var ($\hat{a}_p$)). A correlação é obtida entre os valores genéticos estimados utilizando os dados completos ($\hat{a}_c$) ou parciais ($\hat{a}_p$), indicando a associação entre VGEs, sendo usada como medida de consistência entre as avaliações subsequentes.

Diversos trabalhos foram realizados utilizando esta metodologia para avaliar a inclusão da genômica na predição de valores genéticos em diferentes raças (Bonifazi *et al.*, 2022; Campos *et al.*, 2022; Hidalgo *et al.*, 2021; Jang *et al.*, 2022; Koo *et al.,* 2023; Londoño-Gil *et al.,* 2023; Mancin *et al.,* 2021; Mehrban *et al.*, 2019; Mehrban *et al.,* 2021; Sungkhapreech *et al.,* 2022), mas ainda carecem informações a respeito de valores genéticos em raças taurinas adaptadas criadas em ambientes tropicais, como a raça Senepol.

Considerações finais

Diante do exposto, objetiva-se neste trabalho contribuir para o melhoramento genético de bovinos de corte da raça Senepol, através da estimação de parâmetros genéticos em análises uni e bicaracterísticas com e sem genômica para avaliar características relacionadas ao crescimento, avaliadas através do Programa de Melhoramento Genético da raça e do Programa Embrapa-Geneplus.

A seleção genômica tem o potencial de fornecer valores genéticos preditos mais acurados, o que possibilitará o aumento da taxa anual de ganho genético dos rebanhos. Isso beneficiará a produtividade e a competitividade da pecuária nacional,

fortalecendo a posição do Brasil como um expoente na produção de genética e de carne bovina sustentável no cenário mundial.

REFERÊNCIAS

ABCB SENEPOL - **ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE BOVINOS SENEPOL**. 2023. Disponível em: < https://senepol.org.br/caracteristicas/#> Acesso: 23 nov. 2023.

ABIEC - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES. **Beef Report 2023: Perfil da Pecuária no Brasil.** 2023. Disponível em: https://www.abiec.com.br/catpub/impressos/. Acesso: 10 nov. 2023.

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D.L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR T. J. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**. 93(2), 743-752. 2010.

AHLBERG, C. M. **The importance of Water efficient and adaptable Beef Cattle**. Beef Improvement Federation – Annual Convention. Georgia. 2017.

ALBA, J. **Criolo cattle of Latin America**. In: HODGES, J., ed. Animal Genetic Resources: Strategies for Improved Use and Conservation FAO Animal Production and Health. Rome, Italy. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 231, 17-40. 1986.

ALENCAR, M. M. **Critérios de seleção em bovinos de corte**, in: Curso de melhoramento de gado de corte da Embrapa - Geneplus, 22., 2010, Campo Grande, MS. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte. 2010.

ALENCAR, M. M.; BARBOSA, P. F.; BARBOSA, R. T.; VIEIRA, R. C. Parâmetros genéticos para peso e circunferência escrotal em touros da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 22, 572-58. 1993.

BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 39(11), 2409-2417. 2010.

BELLOWS, R. A.; SHORT, R. E. Effects of Precalving Feed Level on Birth Weight, Calving Difficulty and Subsequent Fertility. **Journal of Animal Science**. 46(6), 1522–1528. 1978.

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.** 38(12), 2320-2326. 2009.

BOLIGON, A. A.; SALA, V. E.; MERCADANTE, M. E. Z.; RIBEIRO, E. G.; CYRILLO, J. N. S. G.; ALBUQUERQUE, L. G. Parâmetros genéticos para diferentes relações de peso ao nascer e à desmama em vacas da raça Nelore. **Ciência Rural**. 43(4), 676-81. 2013.

BONIFAZI, R.; CALUS, M. P. L.; NAPEL, J. P.; VEERKAMP, R. F.; MICHENET, A.; SAVOIA, S.; CROMIE, A.; VANDENPLAS, J. International single-step SNPBLUP beef cattle evaluations for Limousin weaning weight. **Genetics Selection Evolution.** 54, 57. 2022.

BORBA, L. H. F.; REY, F. S. B.; SILVA, L. O. C.; BOLIGON, A. A.; ALENCAR, M. M. Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodução de bovinos da raça Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 46, 1570-1578. 2011.

BOURDON, R. M. **Understanding animal breeding**. 2nd ed. Pearson New International Edition. 513p. 2014.

BUZANSKAS, M. E.; GROSSI, D. A.; BALDI, F.; BAROZZO, D.; SILVA, L. O. C.; TORRES JUNIOR, R. A. A.; MUNARI, D.; ALENCAR, M. M. Genetic associations between stayability and reproductive and growth traits in Canchim beef cattle. **Livestock Science**. 132, 107-112. 2010.

CAETANO, S. L.; SAVEGNAGO, R. P.; BOLIGON, A. A.; RAMOS, S. B.; CHUD, T. C. S.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science**. 155(1), 1-7. 2013.

CALUS, M. P.; VEERKAMP, R. F. Accuracy of multi-trait genomic selection using different methods. **Genetics Selection Evolution.** 43: 26. 2011.

CAMERON, N. D. **Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding**. 1.ed. Edinburg, UK: CAB International, 201p. 1977.

CAMPOS, G. S.; CARDOSO, F. F.; GOMES, C. C. G.; DOMINGUES, R.; REGITANO, L. C. A.; OLIVEIRA, M. C. S.; OLIVEIRA, H. N.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L. G.; MILLER, S.; MISZTAL, I.; LOURENÇO, D. Development of genomic predictions for Angus cattle in Brazil incorporating genotypes from related American sires. **Journal of Animal Science.** 100(2), 1-13. 2022.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros Angus criados no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 30, 41-48. 2001.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 33, 2. 2004.

CASTRO-PEREIRA, V. M.; ALENCAR, M. M.; BARBOSA, P. F. Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 36(4), 1037-1044. 2007.

CHEN, C. Y.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; MUIR, W. M. Effect of different genomic relationship matrices on accuracy and scale. **Journal of Animal Science**. 89, 2673-2679. 2011.

CHRISTENSEN, O. F. Compatibility of pedigree-based and marker-based relationship matrices for single-step genetic evaluation. **Genetics Selection Evolution**. 44, 37. 2012.

CHUD, T. C. S.; CAETANO, S. L.; BUZANSKAS, M. E.; GOSSI, D. A.; GUIDOLIN, D. G. F.; NASCIMENTO, G. B.; ROSA, J. O.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Genetic

analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. **Livestock Science.** 170, 16-21. 2014.

DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 34(6), 1914-1919. 2005.

EGITO, A. A.; PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; MARIANTE, A. S.; ALMEIDA, L. D.; CASTRO, S. R.; GRATTAPAGLIA, D. Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. **BMC Genetics.** 8, 83. 2007.

ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: I bases do melhoramento genético animal**. Pirassununga, 308p. 2015.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; SILVA, P. R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.** 48, 203-213. 1996.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **O futuro da cadeia produtiva da carne bovina brasileira: uma visão para 2040**. Relatório técnico. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2020.

EMBRAPA – EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Ocupação e uso de terras no Brasil a partir do Cadastro Ambiental Rural – CAR. **Revista da APEAESP**. 3, 11p. 2017.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics. 2nd ed**. London, Longman Group Corp. 1981.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. C. **Introduction to quantitative genetics. 4a ed**. New York: Longman Scientific e Technical. 1996.

FELIUS, M.; KOOLMEES, P. A.; THEUNISSEN, B.; European Cattle Genetic Diversity Consortium; LENSTRA, J. A. On the breeds of cattle-historic and current classifications**. Diversity**. 3(4), 660-692. 2011.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. **Desenvolvimento de bovinos de corte compostos no Brasil: o desafio do projeto Montana Tropical**. In: III SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000. Anais... Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2000.

FLORI, L.; GONZATTI, M. I.; THEVENON, S.; CHANTAL, I.; PINTO, J.; BERTHIER, D.; ASO, P. M.; GAUTIER, M. A quasi-exclusive European ancestry in the Senepol tropical cattle breed highlights the importance of the slick locus in tropical adaptation. **Plos One**. 7, e36133. 2012.

FORNI, S.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. **Genetics Selection Evolution**. 43, 1. 2011.

GARNERO, A. V. A.; MUÑOZ, M. C. C. D.; MARCONDES, C. R.; LÔBO, R. B.; LIRA, T.; GUNSKI, R. J. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós-desmama na raça nelore. **Archivos de Zootecnia**. 59(226), 307-310. 2010.

GATHURA, D. M.; MUASYA, T. K.; KAHI, A. K. Meta-analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. **Livestock Science**. 242, 104306. 2020.

GIANNONI, M. A.; GIANNONI, M. L. **Genética e melhoramento de rebanhos nos trópicos.** São Paulo: Nobel, 463p. 1983.

GINJA, C.; PENEDO, M. C.; MELUCCI, L.; QUIROZ, J.; MARTÍNEZ LÓPEZ, O.R.; REVIDATTI, M.A.; MARTÍNEZ-MARTÍNEZ, A.; DELGADO, J.V.; GAMA, L.T. Origins and genetic diversity of New World Creole cattle: inferences from mitochondrial and Y chromosome polymorphisms. **Animal Genetics**. 41(2), 128-141. 2010.

GINJA, C.; GAMA, L. T.; CORTÉS, O.; BURRIEL, I. M.; VEGA-PLA, J. L.; PENEDO, C.; SPONENBERG, P.; CAÑÓN, J.; SANZ, A.; EGITO, A. A.; ALVAREZ, L. A.; GIOVAMBATTISTA, G.; AGHA, S.; ROGBERG-MUÑOZ, A.; LARA, M. A. C.; BIOBOVIS CONSORTIUM; DELGADO, J. V.; MARTINEZ, A. The genetic ancestry of American creole cattle inferred from uniparental and autosomal genetic markers. **Scientific Reports**. 1(15), 1-16. 2019.

GORDO, D. G.; ESPIGOLAN, R.; TONUSSI, R. L.; JUNIOR, G. A.; BRESOLIN, T.; MAGALHAES, A. F.; FEITOSA, F. L.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; TONHATI, H.; OLIVEIRA, H. N.; CHARDULO, L. A. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores including or not genomic information. **Journal of Animal Science**. 94, 1821-1826. 2016.

GRASER, H. U.; SMITH, S. P.; TIER, B. A derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**. 64, 1362-1370. 1987.

GUIDOLIN, D. G. F.; BUZANSKAS, M. E.; RAMOS, S. B.; VENTURINI, G. C.; LOBO, R. B.; PAZ, C. C. P.; MUNARI, D. P.; OLIVEIRA, J. A. Genotype-environment interaction for post-weaning traits in Nellore beef cattle. **Animal Production Science**. 52, 975-980. 2012.

GUIMARÃES, A. L.; MERCADANTE, M. E. Z.; CANESIN, R. C.; BRANCO, R. H.; LIMA, M. L. P.; CYRILLO, J. N. S. G. Phenotypic association between feed efficiency and feeding behavior, growth and carcass traits in Senepol cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 46, 47-55. 2017.

GUNSKI, R. J.; GARNERO, A. D. V.; BEZERRA, L. A. F.; CORRADO, M. P.; LÔBO, R. B. Idade ao primeiro parto, período de gestação e peso ao nascimento na raça nelore. **Ciência Agronômica.** 32(1/2), 46-52. 2011.

HAMMOND, A. C.; CHASE, C. C.; BOWERS, E. J.; OLSON, T. A.; RANDEL, R. D. Heat tolerance in Tuli-, Senepol-, and Brahman-sired F1 Angus heifers in Florida. **Journal of Animal Science**. 76 1568–1577. 1996.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**. 9, 226-252. 1953.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**. 43, 1188-1197. 1976.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. **Journal of Animal Science**, **Issue Symposium**. 3, 10-41. 1973.

HIDALGO, J.; LOURENÇO, D.; TSURUTA, S.; MASUDA, Y.; MILLER, S.; BERMANN, M.; GARCIA, A. L. S.; MISZTAL, I. Changes in genomic predictions when new information is added. **Journal of Animal Science.** 99(2), 1-10. 2021.

HUPP, H. D. **History and development of Senepol cattle.** Saint Croix: Agricultural Experiment Station, College of the Virgin Islands. 1978. 12 p.

HUSON, H. J.; KIM, E. S.; GODFREY, R. W.; OLSON, T. A.; MCCLURE, M. C.; CHASE, C. C.; SONSTEGARD, T. S. Genome-wide association study and ancestral origins of the slick-hair coat in tropically adapted cattle. **Frontiers in Genetics**, 5, 101. 2014.

IBANEZ, N.; DAVIS, S.; NOGUERA, J. L.; VARONA, L. Genomic information in pig breeding: Science meets industry needs. **Livestock Science**. 166, 94-100. 2014.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Rebanho de Bovinos (Bois e Vacas)**. Brasília, DF. IBGE. 2023.

JANG, S.; LOURENÇO, D.; MILLER, S. Inclusion of sire by herd interaction effect in the genomic evaluation for weaning weight of American Angus. **Journal of Animal Science.** 100, 1-12. 2022.

JIA, Y.; JANNINK, J. L. Multiple-trait genomic selection methods increase genetic value prediction accuracy. **Genetics.** 192(4),1513-1522. 2012.

KOO, Y.; ALKHODER, H.; CHOI, T. J.; LIU, Z.; REENTS, R. Genomic evaluation of carcass traits of Korean beef cattle Hanwoo using a single-step marker effect model. **Journal of Animal Science.** 101, 1-8. 2023.

LEE, J.; CHENG, H.; GARRICK, D.; GOLDEN, B.; DEKKERS, J.; PARK, K.; LEE, D.; FERNANDO, R. Comparison of alternative approaches to single-trait genomic prediction using genotyped and non-genotyped Hanwoo beef cattle. **Genetic Selection Evolution**. 49, 2. 2017.

LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science.** 92(9), 4656-4663. 2009.

LEGARRA, A.; CHRISTENSEN, O. F.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Single Step, a general approach for genomic selection. **Livestock Science**. 166, 54-65. 2014.

LEGARRA, A.; REVERTER, A. Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genetics Selection Evolution.** 50(1), 1-18. 2018.

LONDOÑO-GIL, M.; CARDONA-CIFUENTES, D.; ESPIGOLAN, R.; PERIPOLLI, E.; LÔBO, R. B.; PEREIRA, A. S. C.; AGUILAR, I.; BALDI, F. Genomic evaluation of commercial herds with different pedigree structures using the single-step genomic BLUP in Nelore cattle. **Tropical Animal Health and Production.** 55, 95. 2023.

LOPES, J. S.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T.; BOLIGON, A. A.; COMIN, J. G.; DORNELLES, M. A. Efeito da interação genótipo 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(1), 54-60. 2008.

MALAFAIA, G. C.; BISCOLA, P. H. N. **Anuário CiCarne da cadeia produtiva da carne bovina-2023**. Campo Grande, MS. Embrapa Gado de Corte, 2023.

MANCIN, E.; TULIOZI, B.; SARTORI, C.; GUZZO, N.; MANTOVANI, R. Genomic Prediction in Local Breeds: The Rendena Cattle as a Case Study. **Animals.** 11, 1815. 2021.

MARIANTE, A.S.; EGITO, A.A. Animal genetic resources in Brazil: result of five centuries of natural selection. **Theriogenology.** 57, 223-235. 2002.

MARQUES, L. F. A.; PEREIRA, J. C. C.; OLIVEIRA, H. N. D.; SILVA, M. A.; BERGMANN, J. A. G. Análise de características de crescimento da raça Simental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. 52(5), 527-533. 2000.

MASCIOLI, A. S.; ALENCAR, M. M.; BARBOSA, P. F.; NOVAES, A. P.; OLIVEIRA, M. C. S. Estimativas de parâmetros genéticos e proposição de critérios de seleção para pesos na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 25(1), 72-82. 1996.

MASCIOLI, A. S.; FREITAS, A. R.; ALENCAR, M. M. **A eficiência da análise bivariada em relação a univariada no melhoramento animal**. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba, SP. Anais... Piracicaba: SBZ. p.636-637. 2001.

MEHRBAN, H.; NASERKHEIL, M.; LEE, D. H.; IBÁÑEZ-ESCRICHE, N. Multi-trait single-step GBLUP improves accuracy of genomic prediction for carcass traits using yearling weight and ultrasound traits in Hanwoo. **Frontiers in Genetics**. 12, 692356. 2021.

MEHRBAN, H.; LEE, D. H.; NASERKHEIL, M.; MORADI, M. H.; IBÁÑEZ-ESCRICHE, N. Comparison of conventional BLUP and single-step genomic BLUP evaluations for yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle using single trait and multi-trait models. **PLoS One.** 14, e0223352. 2019.

MEIRELLES, S. L. C.; ALENCAR, M. M.; OLIVEIRA, H. N.; REGITANO, L. C. A. Efeitos de ambiente e estimativas de parâmetros genéticos para características de carcaça em bovinos da raça Canchim criados em pastagem. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 39, 1437-1442. 2010.

MENEZES, G. R. O.; REGITANO, L. C. A.; SILVA, M. V. G. B.; CARDOSO, F. F.; SILVA, L. O. C.; SIQUEIRA, F.; EGITO, A. A. **Genômica aplicada ao melhoramento genético de gado de corte**, in: ROSA, A. N.; MARTINS, E. N.; MENEZES, G. R. O.; SILVA, L. O. C. Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa, primeira ed. Embrapa, Brasília, DF, p. 213-225. 2013.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B. Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 26, 1124-1133. 1997.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**. 44,125-137. 1995.

MEYER, K. Estimating variance and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetics Selection Evolution**. 23, 67-83. 1991.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**. 31, 179-204. 1992.

MISZTAL, I.; LEGARRA A.; AGUILAR I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**. 92, 4648-4655. 2009.

MORENIKEJI, O. B.; AJAYI, O. O.; PETERS, S. O.; MUJIBI, F. D.; DONATO, M.; THOMAS, B. N.; IMUMORIN, I. G. RNA-seq profiling of skin in temperate and tropical cattle. **Journal of Animal Science and Technology**. 62(2), 141. 2020.

MOREIRA, L. H.; BUZANSKAS, M. E.; MUNARI, D. P.; CANOVA, E. B.; LOBO, R. B.; PAZ, C. C. P. Reproductive traits selection in Nelore Beef Cattle. **Ciencia Agrotecnologica**. 39, 355-362. 2015.

MOTA, R. R.; LOPES, P. S.; MARQUES, L. F. A.; SILVA, L. P. D.; RESENDE, M. D. V. D.; TORRES, R. D. A. The influence of animals from embryo transfer on the genetic evaluation of growth in Simmental beef cattle by using multi-trait models. **Genetics and Molecular Biology.** 36, 43-49. 2013.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Guildford: Biddles. p.187. 1996.

NIETO, L. M.; ALENCAR, M. M.; ROSA, A. N. **CRITÉRIOS DE SELEÇÃO**, 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, primeira ed. Embrapa, Brasília, DF, p. 109-122. 2013.

NOVO, L. C.; GONDO, A.; GOMES, R. C.; FERNANDES JUNIOR, J. A.; RIBAS, M. N.; BRITO, L. F.; LAUREANO, M. M. M.; ARAUJO, C. V.; MENEZES, G. R. O. Genetic parameters for performance, feed efficiency, and carcass traits in Senepol heifers. **Animal.** 15(3), 100160. 2021.

OLIVEIRA, H. J.; VENTURA, H. T.; COSTA, E. V.; PEREIRA, M. A.; VERONEZE, R.; DUARTE, M. S.; SIQUEIRA, O. H. G. B. D.; SILVA, F. F. 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). 2017.

OLIVEIRA, J. A.; DUARTE, F. A. M.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Genetic analysis of performance traits in Canchim cattle. II. Weight gain. **Revista Brasileira de Genética**. 6(1), 81-92. 1983.

OLSON, T. A.; LUCENA, C.; CHASE, C. C.; HAMMOND, A. C. Evidence of a major gene influencing hair length and heat tolerance in *Bos taurus* cattle. **Journal of Animal Science**. 81, 80–90. 2003.

ONOGI, A.; OGINO, A.; KOMATSU, T.; SHOJI, N.; SIMIZU, K.; KUROGI, K.; YASUMORI, T.; TOGASHI, K.; IWATA, H. Genomic prediction in Japanese Black cattle: Application of a single-step approach to beef cattle. **Journal of Animal Science**. 92, 1931-1938. 2014.

PAULA, D.; CORSI, F.; CORSI, M. H. **Linhagens do Senepol. Os Genearcas da Raça – de Saint Croix para o Brasil e do Brasil para o Mundo**. 1. ed. Uberlândia – MG. 2018.

PAULA-LOPES, F. F.; CHASE, C. C.; AL-KATANANI, Y. M.; KRININGER, C. E.; RIVERA, R. M.; TEKIN, S.; MAJEWSKI, A. C.; OCON, O. M.; OLSON, T. A.; HANSEN, P. J. Genetic divergence in cellular resistance to heat shock in cattle: differences between breeds developed in temperate versus hot climates in

responses of preimplantation embryos, reproductive tract tissues and lymphocytes to increased culture temperatures. **Reproduction**. 125, 285-294. 2003.

PANETO, C. C.; LEMOS, D. C.; BEZERRA, L. A. F.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R. B. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.** 31(2), 668-674. 2002.

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. Water requirements of beef production can be reduced by genetic selection. **Animal.** 15(3), 100142. 2021.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**, quinta ed. FEPMVZ, Belo Horizonte. 2008.

PEREIRA, M. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; ALBUQUERQUE, L. G.; RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A. Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento em um rebanho Caracu selecionado para peso ao sobreano. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 35(4), 1669-1676. 2006.

PEREIRA, M. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; ALBUQUERQUE, L. G. D. Results of 23 years of selection for post-weaning weight in a Caracu beef herd. **South African Journal of Animal Science.** 38(2), 136-144. 2008.

PIRES, B. C.; THOLON, P.; BUZANSKAS, M. E.; SBARDELLA, A. P.; ROSA, J. O.; SILVA, L. O. C; TORRES JÚNIOR, R. A. A.; MUNARI, D. P.; ALENCAR, M. M. Genetic analyses on bodyweight, reproductive, and carcass traits in composite beef cattle. **Animal Production Science.** 57, 415-421. 2017.

PRIMO, A. T. El ganado bovino ibérico en las Américas: 500 años después. **Archivos de Zootecnia**. 41, 13. 1992.

QUAAS, R. L.; POLLAK, E. J. Mixed Model Methodology for Farm and Ranch Beef Cattle Testing Programs. **Journal of Animal Science.** 51, 1277-1287. 1980.

RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; NARDON, R. F.; CYRILLO, J. N. S. G.; RUGGIERI, A. C. Efeitos de raça e da seleção para peso pós-desmame sobre características de confinamento e de carcaça da progênie dos rebanhos Zebu e Caracu de Sertãozinho (SP). **Revista Brasileira de Zootecnia.** 30(1), 115-124. 2001.

REZENDE, M. P. G.; SILVEIRA, M. V.; SILVA, R. M.; SILVA, L. O. C.; GONDO, A.; RAMIRES, G. G.; SOUZA, J. C. Ganho de peso pré e pós desmame em bovinos da raça Nelore criados no Pantanal Sul Mato-Grossense. **Ciência Animal**. 24(2), 20-27. 2014.

ROCHA, R. E. M.; VALVERDE, R. R.; DOMÍNGUEZ, R. N.; MUÑIZ, J. G. G. Genetic parameters and trends of growth traits for Romosinuano cattle in Mexico. **Nova Scientia**. 10(2), 310-325. 2018.

ROSA, A. N.; MENEZES, G. R. O.; EGITO, A. A. **Recursos genéticos e estratégias de melhoramento**, 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, primeira ed. Embrapa, Brasília, DF, p. 11-26. 2013.

SARMIENTO, R. M.; GARCIA, J. P. Estimation of genetic parameters and variance components for growth traits in Romosinuano cattle in the Colombian humid tropics. **Genetics and Molecular Research**. 6(3), 482-491. 2007.

SCARPATI, M. T. V.; LÔBO, R. B. Modelos animais alternativos para estimação de componentes de (co) variância e de parâmetros genéticos e fenotípicos do peso ao nascer na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 28(3), 512–518. 1999.

SCBA - SENEPOL CATTLE BREEDERS ASSOCIATION. **Senepol History.** 2023. Disponível em: < https://www.senepolcattle.com/index.php/about> Acesso: 24 nov. 2023.

SCHNEEBERGER, M.; BARWICH, S. A.; CROW, G. H.; HAMMOND, C. K. Economic indices using breeding values predicted by BLUP. **Journal of Animal Breeding and Genetics**.109, 180-187. 1992.

SEPÚLVEDA, J. C.; ÁNGEL-MARÍN, P. A.; TORO, A.; CORRALES, J. D.; MORENO, M. A.; CERÓN-MUÑOZ, M. F. Genetic variability of Senepol cattle in Colombia using molecular markers. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**. 25(2), 183-190. 2012.

SIQUEIRA, F.; TORRES JUNIOR, R. A. A.; REGITANO, L. C. A.; SILVA. L. O. C.; ALENCAR, M. M.; GOUVEIA, J. J. S.; CERVINI, M. **Diversidade genética de bovinos de corte por meio de marcadores microssatélites.** In: 46ª REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 46., 2009. Anais… Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009.

SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; GONDO, A.; FREITAS, J. A.; MALHADO, C. H. M.; SERENO, J. R. B.; LAMBERSON, W. R. Parâmetros e tendência genética de peso de bovinos criados a pasto no Brasil. **Archivos de Zootecnia.** 60, 457–465. 2011.

SUNGKHAPREECHA, P.; CHANKITISAKUL, V.; DUANGJINDA, M.; BUABAN, S.; BOONKUM, W. Determining Heat Stress Effects of Multiple Genetic Traits in Tropical Dairy Cattle Using Single-Step Genomic BLUP. **Veterinary Sciences**. 9, 66. 2022.

SUNIGA, P. A. P. **Ancestralidade Genética da Raça Senepol por meio da análise de Painéis de Polimorfismos de Nucleotídeo Único**. 2019. 43 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande. 2015.

THOMPSON, R.; CRUMP, R. E.; JUGA, J.; VISSCHER, P. M. Estimating variances and covariances for bivariate animal models using scaling and transformation. **Genetics Selection Evolution.** 27(1), 33-42. 1995.

TSURUTA, S.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I.; LAWLOR, T. J. Multiple-trait genomic evaluation of linear type traits using genomic and phenotypic data in US Holsteins. **Journal of Dairy Science**. 94, 4198-4204. 2011.

VANRADEN, P. M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **Journal of Dairy Science**. 91(11), 4414-23. 2008.

VANRADEN, P. M. Avoiding bias from genomic pre-selection in converting daughter information across countries. **Interbull Bulletin**. 45. 2012.

VANRADEN, P. M.; WRIGHT, J. R. Measuring genomic pre-selection bias in theory and in practice. In: Proceedings of the 2013 **Interbull meeting**. 47, 147-150. 2013.

VANRADEN, P. M.; VAN TASSELL, C. P.; WIGGANS, G. R.; SONSTEGARD, T. S.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J. F.; SCHENKEL, F. S. Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**. 92, 16-24. 2009.

VERONEZE, R.; VENTURA, H. T.; MARQUES, E. G.; COSTA, E. V.; PEREIRA, M. A.; SILVA, F. F.; JOSAHKIAN, L. A. Melhoramento genético de bovinos de corte. **Informe Agropecuário. Belo Horizonte, EPAMIG**. 37, 89-96. 2016.

VITEZICA, Z.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; LEGARRA, A. Bias in genomic predictions for populations under selection. **Genetics Research**. 93, 357-366. 2011.

WEIK, F.; HICKSON, R. E.; MORRIS, S. T.; GARRICK, D. J.; ARCHER, J. A. Genetic parameters for growth, ultrasound and carcass traits in New Zealand beef cattle and their correlations with maternal performance. **Animals**. 12(1), 25. 2021.

WEBER, T.; RORATO, P. R. N.; LOPES, J. S.; COMIN, J. G.; DORNELLES, M. A.; ARAÚJO, R. O. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 38(5), 832-842. 2009.

WILLHAM, R. L. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. **Journal of Animal Science**. 35, 1288–1293. 1972.

WRIGHT, D. W.; JOHNSON, Z. B.; BROWN, C. J.; WILDEUS, S. Variance and covariance estimates for weaning weight of Senepol cattle. **Journal of Animal Science**. 69(10), 3945-3951. 1991.

WRIGHT, S. **Coefficients of inbreeding and relationship**. The American Naturalist. 56, 330-338. 1922.

XIANG, T.; NIELSEN, B.; SU, G.; LEGARRA, A.; CHRISTENSEN, O. F. Application of single-step genomic evaluation for crossbred performance in pig. **Journal of Animal Science**. 94, 936-948. 2016.

YOKOO, M. J. T.; ALBULQUERQUE, L. G.; LOBO, R. B.; SAINZ, R. D.; CARNEIRO JUNIOR, J. M.; BEZERRA, L. A. F.; ARAUJO, F. R. C. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.** 36(6), 1761–1768. 2007.

YOKOO, M. J. T.; LÔBO, R. B.; ARAUJO, F. R. C.; BEZERRA, L. A. F.; SAINZ, R. D.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic associations between carcass traits measured by realtime ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nellore cattle. **Journal of Animal Science.** 88, 52-58. 2010.

ZHANG, X.; LOURENÇO, D. A. L.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; MISZTAL, I. Weighting strategies for single-step genomic BLUP: an iterative approach for accurate calculation of GEBV and GWAS. **Frontiers in Genetics**. 7, 151. 2016.

CAPÍTULO 2: PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA SENEPOL COM O USO DE DADOS GENÔMICOS

Resumo

Objetivou-se neste trabalho estimar os componentes de (co)variância para características de crescimento utilizando-se as metodologias BLUP e *single-step genomic BLUP*, em análises uni e bi características na raça Senepol. As características consideradas foram peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias (P120), peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso pós-desmama (GPD), de 73.547 animais da raça Senepol. Os componentes de (co)variância foram estimados através de análises uni e bi características, contendo todas as combinações possíveis, com a inclusão ou não da genômica através do método BLUP ou ssGBLUP (*single-step genomic* BLUP). As estimativas de herdabilidade variaram de 0,05 a 0,30 e de 0,05 a 0,29 para análises sem e com genômica, respectivamente. A inclusão da genômica no modelo não provocou grandes mudanças nas estimativas de variâncias, herdabilidades e correlações para nenhuma das características avaliadas, tanto em uni quanto em análises bi características. À medida que a idade do animal avança, evidenciado através do peso às diferentes idades, observou-se aumento na estimativa da herdabilidade, sendo portanto, maior para PS, o que indica maior resposta à seleção quando comparadas com as demais características. As correlações genéticas entre as características foram todas positivas, variando de 0,19 a 0,95, indicando que a seleção para peso em determinada idade influenciará, no mesmo sentido, o peso nas demais idades. As maiores estimativas de correlações genéticas foram

observadas entre as características cujas mensurações ocorrem em idades mais próximas, como o PS com o P120 e com o PD. A inclusão de genômica para estimar parâmetros genéticos para características de crescimento tem pouca influência nas estimativas de herdabilidade de bovinos Senepol, por outro lado, análises bi características melhoraram as estimativas de herdabilidade para P120 e PD. Ganhos genéticos indiretos podem ser obtidos através de seleção para os pesos da raça Senepol, devido as correlações positivas entre as características avaliadas.

Palavras-chave: Bovinos tropicais, correlações, genômica, herdabilidade, ssGBLUP.

Introdução

A raça Senepol possui a característica de se adaptar a regiões de clima tropical, tendo resistência ao calor e a parasitas, habilidade de sobrevivência em pastagens com baixa qualidade nutricional, e bons níveis de produção em regiões de clima quente (Hammond *et al.*, 1996; Sepúlveda *et al.,* 2012). Além disso, a utilização da raça Senepol em cruzamentos em bovinos de corte proporciona maior ganho de peso e maior peso de carcaça tanto em condições de pastagens quanto em sistemas de confinamento (Chase *et al.*, 1998; Schatz *et al.*, 2020; Simioni *et al.*, 2021) e maior maciez de carne (Macedo *et al.,* 2022; Schatz *et al.,* 2014).

As características relacionadas ao crescimento, como os pesos às diferentes idades, são de extrema importância econômica para a pecuária de corte, pois influenciam diretamente na eficiência do sistema de produção de carne (Brumatti *et al*., 2011), além de apresentarem facilidade de mensuração em diferentes idades. As medidas de pesos em diferentes idades também são fundamentais em programas

de melhoramento genético, pois podem ser incluídas como critérios de seleção visto que apresentam herdabilidades médias a altas (Gathura *et al.*, 2020).

Além disso, é importante considerar também a utilização de análises com a inclusão de mais de uma característica no modelo (bi ou multicaracterística), visto que apresentam vantagens em relação a análises uni característica (Jia e Jannink, 2012; Calus e Veerkamp, 2011), pois permite utilizar a correlação genética, fenotípica e ambiental existente entre as características utilizadas, o que melhora as estimativas dos parâmetros genéticos e a precisão das avaliações (Henderson; Quaas,1976; Mascioli *et al.*, 2001; Mrode, 1996).

Outro fator importante a ser considerado é em relação a utilização de informações genômicas para avaliação de animais de produção, pois permite obter ganhos genéticos de forma mais rápida em comparação com a utilização de informações obtidas apenas por meio de registros fenotípicos (Meuwissen et al., 2016) e a incorporação de informações genômicas também pode incluir ganhos de precisão nos valores genéticos dos candidatos à seleção e a redução do intervalo de gerações, o que possibilita a seleção de animais mais jovens.

Entretanto, sabe-se da existência de apenas um estudo na literatura mundial que apresenta componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso ao desmame na raça Senepol (Wright *et al.*, 1991), sendo necessário conhecer os parâmetros genéticos da população a fim de estabelecer estratégias para o melhoramento genético da raça. Desta forma, objetivou-se neste trabalho estimar os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas para características de crescimento através de BLUP convencional e *single-step genomic* BLUP, em abordagens uni e bi características em bovinos da raça Senepol.

Material e Métodos

Dados fenotípicos e de pedigree

Foram utilizados registros de peso desde o nascimento até os 600 dias de idade de animais nascidos de 1995 a 2022 da raça Senepol participantes do Programa de Melhoramento Genético do Senepol (PMGS), compondo uma matriz de parentesco de 262.864 animais. Os dados fenotípicos são provenientes de um total de 73.547 animais da raça Senepol, participantes do PMGS, coordenado pela Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol (ABCB Senepol) e pelo Programa Embrapa Geneplus. As características incluídas neste estudo foram peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias (P120), peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso pós-desmana (GPD). O PN é medido no dia do nascimento do animal. O P120, PD e PS foram ajustados para as idades padrão de 120, 240 e 540 dias, respectivamente, e depois foram ajustados dentro do grupo de contemporâneos. O ganho de peso pós-desmana (GPD) foi calculado pela diferença entre os pesos ajustados à desmama (PD) e ao sobreano (PS).

Na formação de grupos contemporâneos (GC), foram considerados os efeitos de sexo, ano e época do nascimento (1 = janeiro a março; 2 = abril a junho; 3 = julho a setembro; 4 = outubro a dezembro) da progênie, a fazenda em que os animais foram criados, o regime alimentar, o grupo de manejo, a data da mensuração das características, o grupo genético do produto e se o animal é um produto de fertilização *in* vitro (FIV) ou transferência de embrião (TE). Grupo de contemporâneos com no mínimo 5 animais, e registros com $\pm$ 3 desvios padrão da média do grupo foram excluídos. Dados de PN, P120 e PD referente a animais

provenientes FIV ou TE também foram excluídos, reduzindo o número de informações para essas características, visto que a raça Senepol no Brasil possui intenso uso destas biotecnologias reprodutivas (Menezes *et al.*, 2016). Por último, a conectividade do GC foi analisada utilizando o programa AMC e os GC desconectados foram removidos (Roso *et al*., 2004). A manipulação dos dados foi realizada no software R 4.3.1 (*The R Foundation For Statistical Computing*, 2023), e as estatísticas descritivas são fornecidas na Tabela 1.

Tabela 1. Número de animais com fenótipo (N), número de animais com fenótipo e genótipo (N gen), média, desvio padrão (DP), valores de mínimo (Mín) e máximo (máx) e coeficiente de variação (CV) para características de crescimento da raça Senepol.

Característica[1]	N	N gen	Média	DP	Min	Máx	CV
PN (kg)	41.037	228	33,89	4,06	21,26	46,66	11,97
P120 (kg)	12.158	83	129,79	21,67	63,28	196,67	16,70
PD (kg)	21.678	136	204,99	39,64	88,20	325,50	19,34
PS (kg)	40.270	3.152	340,36	71,24	125,19	560,14	20,93
GPD (kg)	12.520	126	105,53	36,22	-11,04	220,95	34,33

[1] PN – peso ao nascer; P120 - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; PS - peso ao sobreano; GPD - ganho de peso pós-desmana.

Genótipos

Os genótipos foram obtidos por meio de painéis de SNPs (*Single Nucleotide Polimorphisms*) *Neogen® GeneSeek Genomic Profiler™ (GGP) Bovine* (*Neogen GeneSeek Operations*, Lincoln, NE, USA), em que 4.074 indivíduos foram genotipados em painéis de 49.463 marcadores e 2.396 animais foram genotipados em painéis de 95.256 marcadores. Com o objetivo de aumentar o número de marcadores disponíveis para as análises e de combinar as informações presentes

nos dois conjuntos de dados, foi realizada a imputação de genótipos, utilizando o *software* Beagle (Browning *et al*., 2018) com base nas posições do genoma de referência *Bos taurus* ARS-UCD 1.2, no qual 41.808 SNPs foram imputados com R^2 médio de 0,99. Com o objetivo de remover variantes com baixa precisão de imputação, apenas SNPs com R^2 > 0,3 e frequência alélica mínima (MAF) > 2% foram mantidos.

O controle de qualidade dos dados genômicos foi realizado no *software BLUPF90+* (Lourenço *et al*., 2022). Foram considerados nas análises apenas SNPs contidos nos cromossomos autossômicos, e amostras com *call rate* inferior a 90%, SNPs com MAF inferior a 5%, e SNPs com desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg > 0,15 também foram removidos. Por fim, genótipos para 79.334 marcadores SNPs de 6.463 animais estavam disponíveis.

Análise estatística

Os componentes de (co)variância foram estimados através do método da máxima verossimilhança restrita (REML), sob modelo animal, utilizando-se o *software BLUPF90+* (Lourenço *et al*., 2022). A incorporação de informações genômicas foi feita usando a metodologia *single-step genomic* BLUP (ssGBLUP; Aguilar *et al.*, 2010; Legarra *et al.*, 2009; Misztal *et al.*, 2009). Foram realizadas análises com uma (UNI) e com duas características (BI), realizando todas as combinações possíveis entre as características de crescimento, totalizando 10 análises bicaracterísticas.

Os modelos estatísticos para PN, P120 e PD incluíram efeitos genéticos aditivos diretos, efeitos genéticos aditivos maternos, ambiente permanente materno

e efeitos residuais; para GPD e PS os efeitos maternos foram excluídos do modelo. Como efeitos fixos, foram adotados grupo contemporâneo e a interação entre a idade da vaca e o sexo do produto (apenas para PN, P120 e PD). Para todas as características, a idade do animal na data da medida (linear e quadrática) e consanguinidade (linear) foram utilizadas como covariáveis.

O modelo de análise geral pode ser descrito como:

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Z\alpha} + \boldsymbol{Ym} + \boldsymbol{Wc} + \boldsymbol{e}$$

onde $\boldsymbol{y}$ é o vetor de observações fenotípicas; $\boldsymbol{\beta}$ é composto por médias gerais, efeitos fixos e covariáveis; $\boldsymbol{\alpha}$ é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; $\boldsymbol{m}$ é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos; $\boldsymbol{c}$ é o vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno e $\boldsymbol{e}$ é o vetor de efeitos aleatórios residuais. $\boldsymbol{X, Z, Y}$ e $\boldsymbol{W}$ são as matrizes de incidência que relacionam os fenótipos aos efeitos contidos respectivamente em $\boldsymbol{\beta, \alpha, m}$ e $\boldsymbol{c}$. $Var\,(\boldsymbol{\alpha}) = \boldsymbol{G} \otimes \boldsymbol{A}$ e $Var\,(\boldsymbol{e}) = \boldsymbol{R} \otimes \boldsymbol{I}$ serão assumidos, em que $\boldsymbol{A}$ é a matriz de relação de pedigree (substituída pela matriz $\boldsymbol{H}$ quando ssGBLUP é adotado), $\boldsymbol{I}$ é a matriz identidade, e $\boldsymbol{G}$ e $\boldsymbol{R}$ são covariâncias genética aditiva e residual, respectivamente, para as características.

Para calcular o parentesco entre todos os animais genotipados e não genotipados, a matriz H^{-1} combina as matrizes A^{-1} e a inversa da matriz de parentesco genômico (G^{-1}) (VanRaden, 2008) de acordo com Aguilar *et al*. (2010):

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

em que $\boldsymbol{A^{-1}}$ é a inversa da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de todos os animais, já $\boldsymbol{A_{22}^{-1}}$refere-se a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco dos animais genotipados e $\boldsymbol{G^{-1}}$ é a inversa da matriz de parentesco genômico dos animais genotipados, obtida de acordo com o método proposto por VanRaden (2008):

$$\boldsymbol{G = \frac{ZZ'}{2\sum_{i=1}^{m} p_i(1-p_i)}}$$

onde m é o número total de SNPs (*Single Nucleotide Polimorphism* – Polimorfismo de nucleotídeo único), $\boldsymbol{p_i}$ é a frequência alélica para o loco $\boldsymbol{i}$ e $\boldsymbol{Z}$ é a matriz de genótipos centrados dos SNPs.

As estimativas de correlações genéticas foram obtidas com base na estimativa de (co)variância das análises bicaracterísticas, enquanto as estimativas de herdabilidade para cada característica foram obtidos através da própria estimativa nas análises uni características e, nas análises bicaracterísticas, foram obtidos a partir da média de todas as análises bicaracterísticas usando os desvios padrão (DP) de cada análise como ponderações. Finalmente, os DP das estimativas de herdabilidades de cada característica foram obtidos através de uma média simples em todas as análises.

Resultados

Nas análises uni características, as estimativas de herdabilidades variaram de 0,05±0,01 a 0,30±0,02 utilizando-se BLUP convencional e de 0,05±0,01 a 0,28±0,01 no ssGBLUP (Tabela 2). Para as análises bicaracterísticas utilizando BLUP e

ssGBLUP as estimativas de herdabilidades variaram entre 0,09±0,02 a 0,30±0,02 e 0,09±0,02 a 0,29±0,01, respectivamente (Tabela 3). Não foram observadas grandes mudanças nas estimativas de variâncias com a inclusão das informações genômicas, tanto nas análises uni quanto nas análises bi características para todos os pesos avaliados (Tabela 2 e 3), o que não provocou mudança também nas estimativas de herdabilidades diretas e maternas.

Tabela 2. Variância genética aditiva (σ_a^2), variância genética materna (σ_m^2), variância de ambiente permanente materno (σ_{pe}^2), variância residual (σ_e^2), estimativas de herdabilidade direta ± desvio padrão ($h^2 \pm \mathrm{DP}$) e herdabilidade materna ± desvio padrão ($h_m^2 \pm \mathrm{DP}$) para características de crescimento obtidos através de análises unicaracterísticas por meio de BLUP e ssGBLUP em bovinos da raça Senepol.

Característica[1]	Método	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	$h^2 \pm \mathrm{DP}$	$h_m^2 \pm \mathrm{DP}$
PN	BLUP	0,83	0,22	0,27	6,92	0,10±0,01	0,03±0,01
	ssGBLUP	0,83	0,21	0,27	6,91	0,10±0,01	0,03±0,01
P120	BLUP	16,15	24,99	4,65	255,12	0,05±0,02	0,08±0,02
	ssGBLUP	15,83	25,56	4,37	255,25	0,05±0,02	0,08±0,02
PD	BLUP	37,24	74,85	96,87	520,01	0,05±0,01	0,10±0,02
	ssGBLUP	37,42	76,87	95,06	519,93	0,05±0,01	0,11±0,02
PS	BLUP	418,20			990,40	0,30±0,02	
	ssGBLUP	399,82			1004,80	0,28±0,01	
GPD	BLUP	98,41			595,95	0,14±0,02	
	ssGBLUP	96,85			588,90	0,14±0,03	

[1]PN – peso ao nascer; PM - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; PS - peso ao sobreano; GPD - ganho de peso pós-desmana.

Nas análises bicaracterísticas, as estimativas de herdabilidades direta para pesos medidos antes da desmama (PN, P120 e PD) apresentaram valores semelhantes, ficando em torno de 0,10. Entretanto, o PS, característica mensurada em idade mais avançada, foi o que apresentou maior estimativa de herdabilidade,

tanto sem quanto com a adição da genômica (0,30±0,02 e 0,29±0,01, respectivamente). Da mesma forma, o PS também foi a característica que apresentou as maiores estimativas de herdabilidades nas análises uni características.

Tabela 3. Média das variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), variâncias genéticas maternas (σ_m^2), variâncias de ambiente permanente materno (σ_{pe}^2), variâncias residuais (σ_e^2), estimativas de herdabilidades diretas ± desvio padrão ($h^2 \pm \mathrm{DP}$) e herdabilidades maternas ± desvio padrão ($h_m^2 \pm \mathrm{DP}$) para características de crescimento obtidos através de análises bicaracterísticas por meio de BLUP e ssGBLUP em bovinos da raça Senepol.

Característica[1]	Método	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	$h^2 \pm \mathrm{DP}$	$h_m^2 \pm \mathrm{DP}$
PN	BLUP	0,86	0,21	0,27	6,90	0,10±0,01	0,03±0,01
	ssGBLUP	0,87	0,20	0,28	6,89	0,11±0,01	0,02±0,01
P120	BLUP	30,30	20,37	5,32	249,36	0,09±0,02	0,06±0,02
	ssGBLUP	29,53	20,59	5,26	249,91	0,09±0,02	0,06±0,02
PD	BLUP	75,71	61,53	85,91	512,87	0,10±0,02	0,08±0,02
	ssGBLUP	74,57	63,43	84,22	513,78	0,10±0,02	0,07±0,02
PS	BLUP	430,90			986,44	0,30±0,02	
	ssGBLUP	411,75			1001,54	0,29±0,01	
GPD	BLUP	98,41			595,95	0,14±0,02	
	ssGBLUP	96,90			597,29	0,14±0,02	

[1]PN – peso ao nascer; PM - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; PS - peso ao sobreano; GPD - ganho de peso pós-desmana;

Apesar de pouca variação com a inclusão da genômica nas análises, foi possível observar que as análises contendo duas características apresentaram maiores estimativas de herdabilidade direta para P120 e PD, além de uma redução das herdabilidades maternas estimadas para essas características. Além disso, as

herdabilidades maternas de P120 e PD foram maiores do que PN em todas as análises realizadas.

As correlações genéticas estimadas foram todas positivas entre as características analisadas tanto com quanto sem a inclusão da genômica nas análises, variando de 0,17 a 0,95 (Tabelas 4 e 5). Não foram observadas mudanças nas estimativas de correlações genéticas e fenotípicas com a inclusão da genômica no modelo. As maiores estimativas de correlações genéticas foram entre PS com PD (0,95±0,02), PS com P120 (0,90±0,04) e PN com P120 (0,61±0,11), indicando que características com mensurações mais próximas possuem associações mais fortes.

Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) com os respectivos desvios padrões para características de crescimento obtidos através de análises bicaracterísticas sem genômica em bovinos da raça Senepol.

Característica	PN	P120	PD	PS	GPD
PN	-	0,75±0,15	0,61±0,11	0,56±0,06	0,21±0,11
P120	0,20±0,01	-	0,56±0,22	0,90±0,04	0,49±0,24
PD	0,15±0,01	0,41±0,01	-	0,95±0,02	0,19±0,17
PS	0,18±0,01	0,48±0,01	0,65±0,01	-	0,33±0,07
GPD	0,05±0,01	0,00±0,02	-0,14±0,01	0,63±0,01	-

PN – peso ao nascer; PM - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; PS - peso ao sobreano; GPD - ganho de peso pós-desmana;

O GPD foi a característica que apresentou as menores estimativas de correlações genéticas e fenotípicas com as outras características, com exceção de GPD e PS que apresentou correlação fenotípica de 0,63±0,01. O PS também apresentou estimativa de correlação fenotípica de 0,65±0,01 com o PD, sendo a correlação fenotípica mais alta entre os pesos. O PN apresentou estimativas de

correlações fenotípicas baixas com todas as outras características analisadas, indicando uma baixa associação com os outros fenótipos avaliados.

Tabela 5. Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) com os respectivos desvios padrões para características de crescimento obtidos através de análises bicaracterísticas com genômica em bovinos da raça Senepol.

Característica	PN	P120	PD	PS	GPD
PN	-	0,74±0,15	0,60±0,11	0,56±0,06	0,21±0,11
P120	0,20±0,01	-	0,59±0,17	0,89±0,04	0,50±0,20
PD	0,15±0,01	0,41±0,01	-	0,95±0,02	0,17±0,17
PS	0,18±0,01	0,48±0,01	0,65±0,01	-	0,31±0,07
GPD	0,05±0,01	0,00±0,02	-0,14±0,01	0,63±0,01	-

PN – peso ao nascer; P120 - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; PS - peso ao sobreano; GPD - ganho de peso pós-desmana;

Discussão

O presente trabalho visa preencher uma lacuna existente na estimativa de parâmetros genéticos para a raça Senepol. O único trabalho existente na literatura foi realizado há mais de 30 anos (Wright *et al.*, 1991), reportando herdabilidade somente para PD (0,21), e pode não refletir a realidade da estrutura genética da população atual da raça Senepol, demonstrando a necessidade do conhecimento dos parâmetros genéticos visando maior suporte a programas de melhoramento da raça.

As estimativas de herdabilidades diretas para PD e também para P120, foram baixas e muito próximas, indicando que a utilização dessas características como critérios de seleção em programas de melhoramento para a raça Senepol trará resultados mais lentos, uma vez que possuem grandes influências do ambiente

materno, exemplificado pelas altas proporções entre variâncias genéticas maternas e de ambiente permanente materno. Esses valores demonstram também a importância da inclusão do efeito materno no modelo de análise dessas características, evitando assim superestimação do efeito genético aditivo direto (Boligon *et al.,* 2012; Câmpelo *et al.,* 2004; Clément *et al.*, 2001; Koch, 1972; Paterno *et al.*, 2016).

A inclusão das informações genômicas na estimação de parâmetros genéticos apresentou mínimas alterações nas estimativas de variância e herdabilidades, semelhante ao relatado por Falchi *et al.* (2021) na raça Simental. Da mesma forma, Watanabe *et al.* (2021) identificaram que a inclusão da genômica não representou diferenças significativas nas estimativas de herdabilidade em bovinos da raça Nelore, e verificaram poucas mudanças nos parâmetros genéticos para as características de peso quando a genômica foi incluída nas análises, possivelmente pela redundância de informações em relação a outras fontes de informações já inclusas no modelo.

Entretanto, as estimativas de herdabilidade direta para P120 e PD aumentaram quando as análises foram realizadas em modelos bi característicos, semelhante a Baldi *et al.* (2010) e Mascioli *et al.* (2001) que observaram maiores estimativas de variâncias genéticas e menores variâncias residuais, resultando em maiores estimativas de herdabilidades para pesos em bovinos da raça Canchim, para as análises com duas características em relação as análises com uma característica apenas.

Este aumento das variâncias genéticas, resultando no aumento das herdabilidades ao utilizar análises bi características está relacionado a redução do viés provocado pela seleção (Meyer, 1995) e ainda pela correlação genética

existente entre as características de pesos avaliados. Calus e Veerkamp (2011) e Jia e Jannink (2012) demonstraram tanto em dados reais quanto em dados simulados que análises que incluíram mais de uma característica (bi ou multicaracterística) apresenta vantagens em relação as análises uni características, devido a correlação genética existente entre as características analisadas.

Gathura *et al*. (2020) relataram maior estimativa de herdabilidade materna para PN (0,18) do que no presente estudo. Os mesmos autores encontraram estimativas de herdabilidade materna menores para PD (0,01). Outros estudos também relataram que à medida que os animais envelhecem, estes tornam-se independentes das suas mães e a magnitude da herdabilidade direta aumenta (Clément *et al.*, 2001; Eler et al., 1996; Koch, 1972), indicando uma menor influência dos efeitos maternos à medida que os animais crescem.

Boligon *et al.* (2009) e Teixeira *et al.* (2018), avaliando características nas raças Nelore, Hereford e Braford, também relataram que as estimativas de variância genética direta aumentaram à medida que a idade em que os animais foram pesados também aumentou. Este fator pode estar relacionado ao fato de que em idades mais avançadas as medidas de peso apresentam maiores coeficientes de variação, e de acordo com esses autores, o efeito de escala é um dos principais fatores que contribuem para esse aumento das variâncias genéticas.

Assim, a utilização de peso mensurado em idades mais avançadas, como o PS, teria uma maior resposta a seleção para a raça Senepol, da mesma forma, estimativas semelhantes de herdabilidade (0,31) foram encontradas na raça Simental (Mota *et al.*, 2013) e na raça Romosinuano (0,33; Sarmiento e Garcia, 2007). Já Pereira *et al.* (2008) relataram estimativas de herdabilidades para PS um pouco maiores para a raça Caracu (0,37), e Gathura *et al.* (2020) relataram

herdabilidade média de 0,26 para peso ao sobreano de diversos trabalhos com bovinos criados em regiões tropicais. Apesar de mensurados em idades mais avançadas, o PS é mensurado em período anterior à entrada em reprodução de animais Senepol em sistemas tradicionais de bovinos de corte criados em regiões tropicais (Faria *et al.,* 2017), não influenciando assim o intervalo entre gerações.

Além disso, devido a alta correlação genética existente entre PS com as medidas de peso em idades mais jovens (P120 e PD) a seleção poderia ser realizada em idades anteriores, visto que uma proporção substancial de genes de ação aditiva influenciou essas características na mesma direção, o que proporcionaria ganhos genéticos indiretos entre as características de pesos avaliadas. Oliveira *et al*. (2017) reportaram estimativas semelhantes de correlações genéticas entre P120 e PS (0,89) e PD e PS (0,85) para a raça Nelore. Gathura *et al*. (2020) também reportaram correlações genéticas semelhantes entre PD e PS (0,84) para raças zebuínas e taurinas criadas em ambiente tropicais. As correlações genéticas de PS com as outras características foram semelhantes a outros resultados relatados na literatura para as raças Simental, Caracu, Hereford, Braford e Angus (Mota *et al.*, 2013; Pereira *et al.*, 2008; Teixeira *et al.*, 2018; Weik *et al.,* 2021), e esses autores também verificaram que as correlações genéticas aumentaram entre características coletadas em idades mais próximas, semelhante aos resultados do presente trabalho.

Conclusões

O uso de genômica para estimar parâmetros genéticos para características de peso tem pouca influência nos componentes de (co)variância e herdabilidades em

bovinos da raça Senepol. Por outro lado, a utilização de análises bi características apresentou maiores herdabilidades para peso aos 120 dias e peso a desmama do que análises uni características, demonstrando melhores estimativas dos componentes de (co)variâncias. A seleção para peso ao sobreano apresentaria respostas mais rápidas do que os outros pesos mensurados em idades mais jovens, e o uso de qualquer uma dessas características de crescimento como critério de seleção resultará em respostas correlacionadas nas demais.

Referências

Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D.L., Legarra, A., Tsuruta, S., Lawlor T.J., 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. Journal of Dairy Science. 93(2), 743-752.

Baldi, F., Alencar, M.M., Albuquerque, l.G., 2010. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. Revista Brasileira de Zootecnia. 39(11), 2409-2417.

Boligon, A.A., Mercadante, M.E.Z., Baldi, F., Lobo, R.B., Albuquerque, L.G., 2009. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. South African Journal of Animal Science. 39, 145–148.

Boligon, A.A., Pereira, R.J., Ayres, D.R., Albuquerque, L.G.D., 2012. Influence of data structure on the estimation of the additive genetic direct and maternal covariance for early growth traits in Nellore cattle. Livestock Science. 145(1-3), 212-218.

Browning, B.L., Zhou, Y., Browning, S.R., 2018. A one-penny imputed genome from next generation reference panels. American Journal of Human Genetics. 103(3), 338-348.

Brumatti, R.C., Ferraz, J.B.S., Eler, J.P., Formigoni, I.B., 2011. Desenvolvimento de índice de selecão em gado corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. Archivos de Zootecnia. 60, 205–213.

Calus, M.P., Veerkamp, R.F., 2011. Accuracy of multi-trait genomic selection using different methods. Genetics Selection Evolution. 43: 26.

Campêlo, J.E.G., Lopes, P.S., Torres, R.A., Silva, L.O.C., Euclydes, R.F., Araújo, C.V., Pereira, C.S., 2004. Maternal effects on the genetic evaluation of Tabapuã beef cattle. Genetics and Molecular Biology. 27, 517-521.

Chase Jr., C.C., Olson, T.A., Hammond, A.C., Menchaca, M.A., West, R.L., Johnson, D.D., Butts Jr., W.T., 1998. Preweaning growth traits for Senepol, Hereford, and

reciprocal crossbred calves and feedlot performance and carcass characteristics of steers. Journal of Animal Science. 76, 2967–2975.

Clément, V., Bibé, B., Verrier, E., Elsen, J.M., Manfredi, E., Bouix, J., Hanocq, E., 2001. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. Genetics Selection Evolution, 33, 369-395.

Eler, J.P., Ferraz, J.B.S., Silva, P.R., 1996. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. 48, 203-213.

Falchi, L., Gaspa, G., Cesarani, A., Correddu, F., Degano, L., Vicario, D., Lourenço, D., Macciotta, N. P., 2021. Investigation of β-hydroxybutyrate in early lactation of Simmental cows: Genetic parameters and genomic predictions. Journal of Animal Breeding and Genetics. 138(6), 708-718.

Faria, A.C.F., Assumpção, T.I., Silva, N.A.M., Santos, R.M., 2017. Avaliação do perímetro escrotal e características seminais de touros Senepol, de acordo com a idade. Ciência Animal. 27(3), 03-14.

Gathura, D.M., Muasya, T.K., Kahi, A.K., 2020. Meta-analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. Livestock Science. 242, 104306.

Hammond, A.C., Olson, T.A., Chase Jr., C.C., Bowers, E.J., Randel, R.D., Murphy, C.N., Vogt, D.W., Tewolde, A., 1996. Heat tolerance in two tropically adapted Bos taurus breeds, Senepol and Romosinuano, compared with Brahman, Angus, and Hereford cattle in Florida. Journal of Animal Science. 74(2), 295-303.

Henderson, C.R., Quaas, R.L., 1976. Multiple trait evaluation using relatives records. Journal of Animal Science. 43, 1188-1197.

Jia Y., Jannink, J.L., 2012. Multiple-trait genomic selection methods increase genetic value prediction accuracy. Genetics. 192(4),1513-22.

Koch, R. M., 1972. The role of maternal effects in animal breeding: VI. Maternal effects in beef cattle. Journal of Animal Science. 35(6), 1316-1323.

Legarra, A., Aguilar, I., Misztal, I., 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. Journal of Dairy Science. 92(9), 4656-4663.

Lourenço, D., Tsuruta, S., Aguilar, I., Masuda, Y., Bermann, M., Legarra, A., Misztal, I., 2022. Recent updates in the BLUPF90 software suite. In Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP) Technical and species orientated innovations in animal breeding, and contribution of genetics to solving societal challenges. Wageningen Academic Publishers. 366, 1530-1533.

Macedo, V.P., Ribeiro, R.D.X., Araújo, S.A., Souza, M.N.S., Andrade, E.A., Ribeiro, C.V.D.M., Souza, C.O., Silva, T.M., Barbosa, A.M., Bezerra, L.R., Silva Júnior, J.M., Oliveira, R.L., 2022. Physicochemical composition, fatty acid profile and sensory attributes of meat (longissimus lumborum muscle) from Nellore and Nellore-cross bulls. Tropical Animal Health and Production. 54, 47.

Mascioli, A.S., Freitas, A.R., Alencar, M.M., 2001. A eficiência da análise bivariada em relação a univariada no melhoramento animal. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 38., Piracicaba, SP. Anais... Piracicaba: SBZ. p.636-637.

Menezes, G.R.O., Okamura, V., Torres Júnior, R. A.A., Santana Júnior, M.L., Gondo, A., Silva, L.O.C., Egito, A.A., Rosa, A.N., Nobre, P.R.C., 2016. Variabilidade genética da raça Senepol no Brasil. In: Menezes, G.R.O., Nobre, P.R.C., Torres Júnior, R.A.A., Gondo, A., Silva, L.O.C., Silva, L.N. (ed.). Sumários Senepol 2016: sumário de touros Senepol Geneplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa, 2016. 76 p.

Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M., 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. Animal Frontiers. 6, 6-14.

Meyer, K., 1995. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. Livestock Production Science. 44,125-137.

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.

Mota, R. R., Lopes, P. S., Marques, L. F. A., Silva, L. P. D., Resende, M. D. V. D., Torres, R. D. A., 2013. The influence of animals from embryo transfer on the genetic evaluation of growth in Simmental beef cattle by using multi-trait models. Genetics and Molecular Biology. 36, 43-49.

Mrode, R.A., 1996. Linear models for the prediction of animal breeding values. Guildford: Biddles. p.187.

Oliveira, H.J., Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.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).

Paterno, F.M., Buzanskas, M.E., Koury Filho, W., Lôbo, R.B., Queiroz, S.A., 2016. Evaluation of body weight and visual scores for genetic improvement of Nelore cattle. Tropical Animal Health and Production. 49(3), 467-473.

Pereira, M.C., Mercadante, M.E.Z., Razook, A.G., Figueiredo, I.A., Albuquerque, L.G.D., 2008. Results of 23 years of selection for post-weaning weight in a Caracu beef herd. South African Journal of Animal Science. 38(2), 136-144.

Roso, V.M., Schenkel, F.S., Miller, S.P., 2004. Degree of connectedness among groups of centrally tested beef bulls. Canadian Journal of Animal Science. 84, 37–47.

Sarmiento, R.M., Garcia, J.P., 2007. Estimation of genetic parameters and variance components for growth traits in Romosinuano cattle in the Colombian humid tropics. Genetics and Molecular Research. 6(3), 482-491.

Schatz, T.J., Thomas, S., Geesink, G., 2014. Comparison of the growth and meat tenderness of Brahman and F1 Senepol Brahman steers. Animal Production Science. 54, 1867–1870.

Schatz, T., Thomas, S., Reed, S., Hearnden, M., 2020. Crossbreeding with a tropically adapted Bos taurus breed (Senepol) to improve meat quality and production from Brahman herds in Northern Australia. 1. Steer performance. Animal Production Science. 60(4), 487-491.

Sepúlveda, J.C., Ángel-Marín, P.A., Toro, A., Corrales, J.D., Moreno, M.A., Cerón-Muñoz, M.F., 2012. Genetic variability of Senepol cattle in Colombia using molecular markers. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias. 25(2), 183-190.

Simioni, T.A., Torrecilhas, J.A., Messana, J.D., Granja-Salcedo, Y.T., San Vito, E., Lima, A.R., Sanchez, J.M.D., Reis, R.A., Berchielli, T.T., 2021. Influence of growing-phase supplementation strategies on intake and performance of different beef cattle genotypes in finishing phase on pasture or feedlot. Livestock Science. 251, 104653.

Teixeira, B.B., MacNeil, M.D., Costa, R.F., Dionello, N.L.J., Yokoo, M.J., Cardoso, F.F., 2018. Genetic parameters and trends for traits of the Hereford and Braford breeds in Brazil. Livestock Science. 208, 60-66.

The R Foundation For Statistical Computing, 2023. R Version 4.3.1. Disponível em: < https://www.r-project.org/> Acesso em: 15/05/2023.

VanRaden, P.M., 2008. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. Journal of Dairy Science. 91(11), 4414-23.

Watanabe, R.N., Nascimento, G.B., Bernardes, P.A., Costa, R.M., Lôbo, R.B., Baldi, F., Munari, D.P., 2021. Inclusion of genomic information in estimation of genetic parameters for body weights and visual scores in Nelore cattle. Revista Brasileira de Zootecnia. 50, e20200077.

Weik, F., Hickson, R.E., Morris, S.T., Garrick, D.J., Archer, J.A., 2021. Genetic parameters for growth, ultrasound and carcass traits in New Zealand beef cattle and their correlations with maternal performance. Animals. 12(1), 25.

Wright, D.W., Johnson, Z.B., Brown, C.J., Wildeus, S., 1991. Variance and covariance estimates for weaning weight of Senepol cattle. Journal of Animal Science. 69, 3945–3951.

CAPÍTULO 3: GANHO EM ACURÁCIA E HABILIDADE DE PREDIÇÃO COM A INCLUSÃO DE INFORMAÇÕES GENÔMICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS SENEPOL

Resumo

Objetivou-se neste trabalho avaliar o impacto da inclusão de informações genômicas na predição genética de características de crescimento em bovinos da raça Senepol. As características avaliadas foram peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias (P120), peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso pós-desmama (GPD), de 73.547 animais da raça Senepol, destes 6.463 animais possuíam genótipos disponíveis. Os valores genéticos foram estimados em análises bi características, utilizando-se o PS como âncora utilizando BLUP convencional e ssGBLUP. A habilidade preditiva das análises foi realizada através do método de regressão linear (RL), em dois cenários de validação com banco de dados completo e reduzidos, o primeiro (I) com a retirada dos fenótipos de animais jovens (animais nascidos em 2020, 2021 e 2022) e o segundo (II) com a retirada dos fenótipos de todos os touros genotipados e que possuíam filhos nascidos após 2016 e a retirada dos fenótipos de suas progênies a partir de 2016. Foi observado um aumento de, em média, 5% e 11% nos valores de acurácia nos cenários I e II, respectivamente quando a genômica foi incluída no modelo de predição dos valores genéticos. Além disso, a inclusão da genômica também proporcionou aumento das correlações entre o valor genético estimado pelo banco completo e pelos bancos parciais e reduziu o viés de predição em ambos os cenários de validação. Os maiores ganhos em acurácia foram observados para GPD, PS e PN (21%, 12% e 11%, respectivamente)

no cenário de validação II. O PS foi a característica que apresentou os maiores valores de acurácia, o que proporcionaria maior resposta a seleção em relação as outras características avaliadas. A inclusão da genômica na predição de valores genéticos para a raça Senepol proporciona ganhos em acurácia para as características de crescimento, proporcionando maiores ganhos genéticos relacionados a seleção genômica.

Palavras-chave: Acurácia, bovinos tropicais, ssGBLUP, valor genético.

Introdução

A utilização de informações genômicas na avaliação genética de animais de produção permite obter maiores ganhos genéticos em relação a utilização apenas dos registros fenotípicos e informações de *pedigree* (García-Ruiz et al., 2016; Meuwissen *et al*., 2016), e a incorporação de informações genômicas também pode incluir ganhos de acurácia nos valores genéticos dos candidatos à seleção, o que possibilita a seleção de animais mais jovens, permitindo assim a redução do intervalo de gerações (Meuwissen *et al.*, 2016).

Atualmente, são utilizadas metodologias de predição de valor genético que incluem tanto as informações genômicas, quanto as convencionais de pedigree e de fenótipo, sendo combinadas no método *single-step genomic Best Linear Unbiased Prediction* (ssGBLUP; Aguilar *et al.*, 2010; Misztal *et al.,* 2009). No ssGBLUP a matriz de parentesco baseada no pedigree (A) e a matriz de parentesco baseada em informações genômicas (G), são combinadas em uma única matriz, H (Legarra *et al.*, 2009; Misztal *et al.,* 2009). Além disso, o ssGBLUP pode levar em conta o viés de

seleção, quando a seleção é baseada apenas em genótipos (Legarra *et al.*, 2014, VanRaden, 2012).

Legarra e Reverter (2018) propuseram uma metodologia utilizando regressão linear (RL), visando quantificar o impacto da inclusão de informações genômicas na estimação de valores genéticos (VGEs) em diferentes cenários de validação através de medidas de correlação, acurácia, viés e dispersão dos dados, tanto com quanto sem a inclusão da genômica.

Alguns trabalhos foram realizados utilizando esta metodologia para avaliar a inclusão da genômica na predição de valores genéticos em diferentes raças (Bonifazi *et al.*, 2022; Campos *et al.*, 2022; Hidalgo *et al.*, 2021; Jang *et al.*, 2022; Koo *et al.,* 2023; Londoño-Gil *et al.,* 2023; Mehrban *et al.,* 2021), mas ainda carecem informações a respeito de valores genéticos em raças taurinas adaptadas criadas em ambientes tropicais, como a raça Senepol. A raça Senepol tem sido utilizada como alternativa em sistemas de cruzamento com raças zebuínas, com a finalidade de aumentar a produtividade e maciez de carne aliada a uma boa adaptabilidade aos ambientes tropicais (Flori *et al.,* 2012; Hammond et al., 1996; Huson *et al.,* 2014; Sepúlveda *et al.,* 2012). Além disso, cruzamentos utilizando a raça Senepol levaram a maior maciez de carne (Macedo *et al.,* 2022; Schatz *et al.,* 2014), maior ganho de peso e maior peso de carcaça tanto em sistemas de confinamento quanto em pastagens (Chase Jr. *et al.*, 1998; Schatz *et al.*, 2020; Simioni *et al.*, 2021)

Desta forma, é crucial avaliar o uso de informações genômicas na predição de valores genéticos para a raça Senepol, de modo a aumentar a acurácia e diminuir vieses nas avaliações genéticas em rebanhos comerciais de gado de corte, portanto objetivou-se neste trabalho avaliar o impacto da inclusão de informações genômicas na predição genética de características de crescimento em bovinos da raça Senepol.

Material e Métodos

Dados

Foram utilizados registros de peso desde o nascimento até os 600 dias de idade de animais nascidos de 1995 a 2022 da raça Senepol, participantes do Programa de Melhoramento Genético do Senepol (PMGS), compondo uma matriz de parentesco de 262.864 animais. Os dados fenotípicos são provenientes de um total de 73.547 animais da raça Senepol, participantes do PMGS, coordenado pela Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol (ABCB Senepol) e pelo Programa Embrapa Geneplus.

Foram incluídas as seguintes características: peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias (P120), peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso pós-desmana (GPD). O PN é medido no dia do nascimento do animal. O P120, PD e PS foram ajustados, dentro do grupo de contemporâneos, para as idades padrão de 120, 240 e 540 dias, respectivamente. O ganho de peso pós-desmana (GPD) foi calculado pela diferença entre os pesos ajustados à desmama (PD) e ao sobreano (PS).

Na formação de grupos contemporâneos (GC), foram considerados os efeitos de sexo, ano e época do nascimento (1 = janeiro a março; 2 = abril a junho; 3 = julho a setembro; 4 = outubro a dezembro) da progênie, a fazenda em que foi criada, o regime alimentar, o grupo de manejo, a data da medição, o grupo genético do produto e se o animal é um produto de FIV ou TE. Foram excluídos registros fora da faixa de $\pm$ 3 desvios padrão para cada característica e grupo de contemporâneos com menos do que 5 animais. Dados de PN, P120 e PD referente a animais

provenientes de FIV ou TE também foram excluídos, reduzindo o número de informações para essas características, visto que a raça Senepol no Brasil possui intenso uso destas biotecnologias reprodutivas (Menezes *et al.*, 2016). Foram removidos também grupo de contemporâneos desconectados, analisados através do programa AMC (Roso *et al*., 2004). A organização dos dados foi realizada através do software R 4.3.1 (The R Foundation For Statistical Computing, 2023)

Para avaliação das características de crescimento, 4.074 indivíduos foram genotipados em painéis de 49.463 marcadores e 2.396 animais foram genotipados em painéis de 95.256 marcadores por meio de painéis de SNPs (*Single Nucleotide Polimorphisms*) *Neogen® GeneSeek Genomic Profiler® (GGP) Bovine* (*Neogen GeneSeek Operations*, Lincoln, NE, USA). Utilizando o software Beagle (Browning *et al*., 2018) foi realizada a imputação dos genótipos com base nas posições do genoma de referência *Bos taurus* ARS-UCD 1.2, em que 41.808 SNPs foram imputados com R^2 médio de 0,99, mantendo apenas SNPs com R^2 > 0,3 e frequência alélica mínima (MAF) > 2% foram mantidos.

Foi realizado o controle de qualidade dos dados genômicos utilizando o *software BLUPF90+* (Lourenço *et al*., 2022), sendo incluídos apenas SNPs autossômicos, e foram removidas amostras com *call rate* inferior a 90%, SNPSs com MAF inferior a 5%, e SNPs com desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg > 0,15. Por fim, foram utilizados genótipos de 6.463 animais para 79.334 marcadores de SNPs.

Modelo

Avaliações convencionais e genômicas foram realizadas para características de crescimento e os modelos estatísticos incluíram efeitos genéticos aditivos diretos,

efeitos genéticos aditivos maternos, ambiente permanente materno e efeitos residuais para PN, P120 e PD. Para PS e GPD os efeitos maternos foram excluídos do modelo. Como efeitos fixos, foram adotados grupo contemporâneo e a interação entre a idade da vaca e o sexo do produto (apenas para PN, P120 e PD). Para todas as características, a idade do animal na data da medida (linear e quadrática) e consanguinidade (linear) foram consideradas como covariáveis.

O modelo de análise geral pode ser descrito como:

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Z\alpha} + \boldsymbol{Ym} + \boldsymbol{Wc} + \boldsymbol{e}$$

onde $\boldsymbol{y}$ é o vetor de observações fenotípicas; $\boldsymbol{\beta}$ é composto por médias gerais, efeitos fixos e covariáveis; $\boldsymbol{\alpha}$ é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; $\boldsymbol{m}$ é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos; $\boldsymbol{c}$ é o vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno e $\boldsymbol{e}$ é o vetor de efeitos aleatórios residuais. $\boldsymbol{X, Z, Y}$ e $\boldsymbol{W}$ são as matrizes de incidência que relacionam os fenótipos aos efeitos contidos respectivamente em $\boldsymbol{\beta, \alpha, m}$ e $\boldsymbol{c}$. $Var\,(\boldsymbol{\alpha}) = \boldsymbol{G} \otimes \boldsymbol{A}$ e $Var\,(\boldsymbol{e}) = \boldsymbol{R} \otimes \boldsymbol{I}$ serão assumidos, em que $\boldsymbol{A}$ é a matriz de relação de pedigree (substituída pela matriz $\boldsymbol{H}$ quando ssGBLUP é adotado), $\boldsymbol{I}$ é a matriz identidade, e $\boldsymbol{G}$ e $\boldsymbol{R}$ são covariâncias genética aditiva e residual, respectivamente, para as características.

Análise

Os valores genéticos foram estimados em análises contendo duas características, utilizando-se sempre o PS como uma das características, visto que PS é a característica que apresenta maior quantidade de dados e apresentou

maiores estimativas de herdabilidade (primeiro artigo desta tese), formando assim quatro conjuntos de dados (PNPS, P120PS, PDPS e GPDPS). Foram utilizadas as estimativas de variância genética e herdabilidades das análises bicaracterísticas, com genômica, com o PS como característica âncora, referente ao primeiro artigo desta tese. Os valores genéticos foram estimados utilizando o *software BLUPF90+* (Lourenço *et al*., 2022) e a incorporação de informações genômicas foi feita usando a metodologia *single-step genomic* BLUP (ssGBLUP; Aguilar *et al.*, 2010; Legarra *et al.*, 2009; Misztal *et al.*, 2009). As estatísticas descritivas e as estimativas de herdabilidades estão disponíveis na tabela 1.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidade, número de animais com fenótipo (N), número de animais com fenótipo e genótipo (N gen), média e desvio padrão (DP) para características de crescimento na raça Senepol.

Característica[1]	h^2	N	N gen	Média	DP
PN (kg)	0,11	41.037	228	33,89	4,06
P120 (kg)	0,09	12.158	83	129,79	21,67
PD (kg)	0,10	21.678	136	204,99	39,64
PS (kg)	0,30	40.270	3.152	340,36	71,24
GPD (kg)	0,14	12.520	126	105,53	36,22

[1] PN – peso ao nascer; P120 - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; PS - peso ao sobreano; GPD - ganho de peso pós-desmana;

Cenários de validação

A habilidade preditiva das análises BLUP e ssGBLUP foi realizada a fim de avaliar o impacto da inclusão da genômica na predição dos valores genéticos. Tanto para BLUP quanto para ssGBLUP, os valores genéticos (VGEs) foram estimados com base no conjunto de dados completo após a limpeza de dados, que foi rotulado como VGEs ‘completos’ ($\hat{a}_c$). Posteriormente, um segundo conjunto de análises foi

realizado em que os fenótipos da população de validação foram definidos como ausentes, e os respectivos VGEs foram denominados de VGEs 'parciais' ($\hat{a}_p$).

A validação da predição foi realizada utilizando-se o método de regressão linear (RL) (Legarra e Reverter, 2018), incluindo as medidas de correlação ($cor(\hat{a}_c\hat{a}_p)$), acurácia (ACC_{RL}), viés (β_0) e dispersão (β_1) dos valores genéticos dependendo se foram derivados dos dados completos ($\hat{a}_c$) ou parciais ($\hat{a}_p$). A acurácia foi obtida da seguinte maneira:

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

onde $\hat{a}_p$ e $\hat{a}_c$ são os VGEs conforme descrito acima, $\bar{F}$ é o coeficiente médio de endogamia e σ_g^2 é a variância genética derivada da análise bicaracterística com genômica do conjunto de dados completos. Também descrito por Legarra e Reverter (2018), o β_0 foi calculado como sendo a diferença média entre os valores genéticos completos e parciais ($\bar{\hat{a}_c} - \overline{\hat{a}_p}$) e β_1 como a inclinação de regressão das estimativas dos dados completos e parciais ($cov(\hat{a}_c\hat{a}_p)$ / var ($\hat{a}_p$)). A correlação foi obtida entre os valores genéticos estimados utilizando os dados completos ($\hat{a}_c$) ou parciais ($\hat{a}_p$), indicando a associação entre VGEs, sendo usada como medida de consistência entre as avaliações subsequentes.

Os conjuntos de dados parciais foram atribuídos de acordo com dois cenários de validação (I e II) e cada cenário foi comparado com o valor genético estimado utilizando BLUP ou ssGBLUP a partir do banco de dados completo ($\hat{a}_c$), mantendo todos os animais na análise. No cenário I, para a população de validação parcial foram retirados todos os dados fenotípicos de animais nascidos em 2020, 2021 e 2022. Já no cenário II, foram retirados os fenótipos de todos os touros que eram

genotipados e que possuíam filhos nascidos após 2016, e os fenótipos das progênies nascidas após 2016 desses mesmos touros também foram retirados. Os dados que foram retirados de cada cenário de validação estão detalhados na Tabela 2.

Tabela 2. Número total de animais no banco de dados completo (N total), número total de animais retirados em cada cenário de validação (N total retirado), número total de animais retirados e com genótipo no cenário I (N ret/gen) e número de touros com genótipos no cenário II (N touros/gen).

Cenários	Característica	N total	N total retirado	N ret/gen
Cenário I[1]	PN PS	69.040	5.234	429
	P120 PS	47.688	4.976	422
	PD PS	50.613	4.904	432
	GPD PS	41.544	3.423	420
Cenário	Característica	N total	N total retirado	N touros/gen
Cenário II[2]	PN PS	69.040	770	290
	P120 PS	47.688	590	262
	PD PS	50.613	636	276
	GPD PS	41.544	467	261

[1]Cenário I – retirada dos fenótipos de todos os animais nascidos em 2020, 2021 e 2022;
[2]Cenário II - retirada dos fenótipos de todos os touros genotipados e que possuíam filhos nascidos após 2016, e dos fenótipos de suas progênies a partir de 2016. PN – peso ao nascer; P120 - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; GPD - ganho de peso pós-desmana; PS - peso ao sobreano.

Resultados

As estatísticas da validação de regressão linear, comparando os valores genéticos preditos em análises bi características com PS, utilizando dados

completos ou parciais, através de BLUP e ssGBLUP para o cenário de validação I, são apresentados na Tabela 3. Foi observado um aumento de 0,04 em média na correlação entre o valor genético predito com o banco completo (valor genético verdadeiro - $\hat{a}_c$) e com banco parcial ($\hat{a}_p$) quando a genômica foi incluída no modelo. Observou-se também um aumento de 0,02 nas acurácias de predição com a inclusão da genômica para as características analisadas no cenário I, representando, em média, 5% de ganho em acurácia.

Tabela 3. Correlação ($cor(\hat{a}_c\hat{a}_p)$) entre valor genético estimado usando banco completo ($\hat{a}_c$) ou parcial ($\hat{a}_p$), viés (β_0) e acurácia (ACC_{RL}) de predição e dispersão dos dados (β_1) para características de crescimento usando BLUP e ssGBLUP no cenário de validação I (retirada dos fenótipos de todos os animais nascidos em 2020, 2021 e 2022).

Característica[1]	Método	$cor(\hat{a}_c\hat{a}_p)$	β_0	ACC_{RL}	β_1
PN	BLUP	0,70	-0,03	0,33	0,82
	ssGBLUP	0,74	-0,01	0,35	0,84
P120	BLUP	0,58	0,42	0,34	0,84
	ssGBLUP	0,62	0,54	0,36	0,83
PD	BLUP	0,62	-0,23	0,37	0,89
	ssGBLUP	0,67	-0,08	0,39	0,89
GPD	BLUP	0,84	-0,33	0,32	1,02
	ssGBLUP	0,87	-0,21	0,34	1,03
PS*	BLUP	0,64	-0,01	0,40	0,88
	ssGBLUP	0,70	0,36	0,43	0,88

[1]PN – peso ao nascer; P120 - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; GPD - ganho de peso pós-desmana; PS - peso ao sobreano;
*Média das quatro avaliações (PNPS; P120PS; PDPS e GPDPS).

O viés de predição (β_0) foi reduzido com a inclusão da genômica para PN, PD e GPD, entretanto, para P120 e PS a inclusão da genômica aumentou o viés de

predição. A dispersão dos dados (β_1) foi semelhante tanto sem (BLUP) quanto com (ssGBLUP) a inclusão de informações genômicas no modelo.

Na Tabela 4 são apresentadas as estatísticas da validação de regressão linear comparando os valores genéticos preditos utilizando dados completos e parciais em análises bi características, através de BLUP e ssGBLUP, para o cenário de validação II. Semelhante ao cenário I, a dispersão dos dados (β_1) não sofreu alterações com a inclusão de informações genômicas no modelo utilizando o cenário II. Além disso, os valores de correlações $cor(\hat{a}_c \hat{a}_p)$ tiveram um aumento com a inclusão da genômica para todas as características, apresentando uma diferença de 0,04 a 0,12, evidenciando que a predição dos valores genéticos se torna mais consistente quando registros genotípicos são considerados no modelo.

Da mesma forma, os valores de ACC_{RL} apresentaram um aumento de, em média, 0,05 (11%) para as características avaliadas no Cenário II, quando a genômica foi incluída no modelo, evidenciando que a inclusão da genômica possibilita um maior ganho genético através da seleção. Ganho de peso pós desmama (GPD) foi a característica que apresentou o maior ganho em acurácia de predição (0,08) quando adicionado a genômica ao modelo (ssGBLUP), sendo esta a característica que foi retirada a menor quantidade de dados no cenário II (Tabela 2), visto que também possuía a segunda menor quantidade de dados avaliados (Tabela 1). A inclusão da genômica também proporcionou uma redução do viés de predição (β_0) para todas as características avaliadas no cenário II, principalmente para PS, indicando que a genômica tem o potencial de proporcionar análises menos viesadas, representando mais confiança da informação dos valores genéticos obtidos.

Tabela 4. Correlação $(cor(\hat{a}_c\hat{a}_p))$ entre valor genético estimado usando banco completo ($\hat{a}_c$) ou parcial ($\hat{a}_p$), viés (β_0) e acurácia (ACC_{RL}) de predição e dispersão dos dados (β_1) para características de crescimento usando BLUP e ssGBLUP no cenário de validação II (retirada dos fenótipos de todos os touros genotipados e que possuíam filhos nascidos após 2016, e dos fenótipos de suas progênies a partir de 2016).

Característica[1]	Método	$cor(\hat{a}_c\hat{a}_p)$	β_0	ACC_{RL}	β_1
PN	BLUP	0,74	-0,10	0,34	0,90
	ssGBLUP	0,81	-0,06	0,38	0,89
P120	BLUP	0,63	-1,74	0,43	0,76
	ssGBLUP	0,71	-1,34	0,46	0,73
PD	BLUP	0,72	-2,61	0,49	0,85
	ssGBLUP	0,81	-2,02	0,51	0,85
GPD	BLUP	0,92	-0,56	0,45	1,18
	ssGBLUP	0,96	-0,23	0,54	1,12
PS*	BLUP	0,69	-4,10	0,48	0,87
	ssGBLUP	0,81	-2,61	0,54	0,88

[1]PN – peso ao nascer; P120 - peso aos 120 dias; PD - peso à desmama; GPD - ganho de peso pós-desmana; PS - peso ao sobreano.
*Média das quatro avaliações (PNPS; 120PS; PDPS e GPDPS).

Discussão

O método de regressão linear (RL; Legarra e Reverter, 2018) foi utilizado para validação dos modelos sem (BLUP) ou com (ssGBLUP) a inclusão de informações genômicas para estimação dos valores genéticos de animais da raça Senepol. O método RL é uma ferramenta de validação interessante, porque não requer pré-ajuste de fenótipos e pode ser utilizado para qualquer tipo de característica e modelo, incluindo modelos com características com efeitos maternos. Em geral, o método RL pode ser aplicado a qualquer modelo que siga as premissas do modelo misto (Bermann *et al.,* 2021; Macedo *et al.*, 2020; Misztal *et al.*, 2020).

Acurácia, viés e dispersão são as principais características para examinar o desempenho das predições genômicas. Esses três componentes poderiam refletir a previsibilidade da resposta à seleção, a correção do modelo, o uso de componentes de variância inadequados e vários efeitos não contabilizados nos modelos (Legarra e Reverter, 2018; Macedo *et al.*, 2020; Reverter *et al.*, 1994).

As acurácias de predição dos valores genéticos foram superiores para o método ssGBLUP para todas as características avaliadas, diferindo apenas na magnitude das diferenças entre as características. Essa superioridade das acurácias com o método ssGBLUP ocorreram porque as informações genômicas fornecem relações mais precisas entre os indivíduos, e ajudam a estimar a amostragem Mendeliana (Christensen *et al.,* 2012; Hayes *et al.,* 2009). De forma semelhante, Campos *et al.* (2022) utilizando a mesma metodologia e retirando animais jovens para a população de validação (semelhante ao Cenário I deste trabalho), reportaram aumentos de acurácia quando informações genômicas foram adicionadas para características de peso na raça Angus.

Vários estudos relataram a superioridade do ssGBLUP sobre métodos baseados em pedigree (Alexandre *et al.,* 2021; Bonifazi *et al.*, 2022; Campos *et al.*, 2022; Hidalgo *et al.*, 2021; Koo *et al.,* 2023; Londoño-Gil *et al.,* 2023; Mehrban *et al*., 2021; Saatchi *et al.,* 2012; Tsuruta *et al.*, 2011). Lourenço *et al.* (2015) identificaram aumento da acurácia para características de peso na raça Angus quando informações genômicas foram adicionadas ao modelo, obtendo maiores ganhos para PN e GPD do que PD, tanto em populações de referência com animais jovens e com touros genotipados, semelhante aos cenários I e II deste artigo, respectivamente. Da mesma forma, PN apresentou 7% e 11% e GPD apresentou

6% e 21% de ganho em acurácia com a genômica para os cenários I e II respectivamente, contra 4 e 6% de ganho em acurácia para PD no cenário I e II.

Além disso, estudos anteriores mostraram que a acurácia da predição ou a habilidade preditiva são influenciadas negativamente pela seleção (Bijma, 2012). O presente estudo indica que a seleção foi muito mais forte para PD do que para as outras características de peso avaliadas na raça Senepol, visto que o PD apresentou o menor aumento na acurácia preditiva com a segunda maior quantidade de dados fenotípicos. Entretanto, pode ser difícil calcular a quantidade de viés de seleção presente em bovinos de corte, uma vez que o processo de seleção é sequencial e afetado tanto por correlações genéticas como por índices específicos utilizados para seleção (Lourenço *et al.,* 2015).

A inclusão da genômica não alterou a dispersão dos dados, permanecendo todos os valores próximos ou iguais a 1,00, indicando baixa inflação/deflação. A inflação ou a deflação pode ser um problema quando as predições de animais genotipados e não genotipados precisam ser ranqueados para decisões de classificação e seleção. Quando o coeficiente RL do $\hat{a}_c$ sobre o $\hat{a}_p$ é inferior a 1, as predições são inflacionadas e pode existir a estimação de valores genéticos genômicos extremos, favorecendo indivíduos genotipados (Cardoso *et al.,* 2015).

Lourenço *et al.* (2015) apontaram que as estratégias de genotipagem em programas de melhoramento devem considerar animais importantes (reprodutores com grande número de filhos) com informações substanciais (animais com alta acurácia) e candidatos a seleção relacionados a eles. Portanto, a estratégia de genotipagem deve levar em conta a genotipagem de animais mais importantes e talvez mais velhos, com mais informações (maior precisão do valor genético estimado), juntamente com a genotipagem de grandes quantidades de animais

jovens (Lourenço *et al.*, 2015), demonstrado pelo maior ganho em acurácia no cenário de validação II em relação ao I.

A correlação entre valores genéticos estimados e verdadeiros e a acurácia de predição, neste estudo aqui representado por $cor(\hat{a}_c\hat{a}_p)$ e ACC_{LR}, respectivamente, tem relação linear com a resposta à seleção (Daetwyler *et al.,* 2013). Desta forma, é possível observar que PD, GPD e PS são as características que apresentariam maior resposta a seleção, principalmente o PS, devido a maior correlação e maior acurácia de predição, aumentando assim os ganhos genéticos. Além disso, a inclusão da genômica proporcionou ganhos na correlação, redução do viés de predição e ganhos em acurácia de todas as características avaliadas, o que pode resultar em maiores ganhos genéticos na raça Senepol após a implementação da seleção genômica. Essa superioridade confirma que a utilização de informações genômicas traz benefícios para a avaliação genética para características de peso da raça Senepol.

Conclusões

A inclusão da genômica proporcionou maior correlação, maior acurácia e menor viés de predição dos valores genéticos preditos para pesos na raça Senepol, indicando que a seleção genômica para a raça Senepol no Brasil seria benéfica, aumentando o progresso genético para pesos na raça.

Referências

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

Alexandre, P.A., Li, Y., Hine, B.C., Duff, C.J., Ingham, A.B., Porto-Neto, L.A., Reverter, A., 2021. Bias, dispersion, and accuracy of genomic predictions for feedlot and carcase traits in Australian Angus steers. Genetics Selection Evolution. 53, 77.

Bermann, M., Legarra, A., Hollifield, M.K., Masuda, Y., Lourenco, D., Misztal, I., 2021. Validation of single-step GBLUP genomic predictions from threshold models using the linear regression method: An application in chicken mortality. Journal of Animal Breeding and Genetics. 138, 4–13.

Berry, D.P., Garcia, J.F., Garrick, D.J., 2016. Development and implementation of genomic predictions in beef cattle. Animal Frontiers. 6(1), 32–38.

Bijma, P., 2012. Accuracies of estimated breeding values from ordinary genetic evaluations do not reflect the correlation between true and estimated breeding values in selected populations. Journal of Animal Breeding and Genetics. 129, 345–358.

Bonifazi, R., Calus, M.P.L., Napel, J.P., Veerkamp, R.F., Michenet, A., Savoia, S., Cromie, A., Vandenplas, J., 2022. International single-step SNPBLUP beef cattle evaluations for Limousin weaning weight. Genetics Selection Evolution. 54, 57.

Campos, G.S., Cardoso, F.F., Gomes, C.C.G., Domingues, R., Regitano, L.C.A., Oliveira, M.C.S., Oliveira, H.N., Carvalheiro, R., Albuquerque, L.G., Miller, S., Misztal, I., Lourenço, D., 2022. Development of genomic predictions for Angus cattle in Brazil incorporating genotypes from related American sires. Journal of Animal Science. 100(2), 1-13.

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.

Chase Jr., C.C., Olson, T.A., Hammond, A.C., Menchaca, M.A., West, R.L., Johnson, D.D., Butts Jr., W.T., 1998. Preweaning growth traits for Senepol, Hereford, and reciprocal crossbred calves and feedlot performance and carcass characteristics of steers. Journal of Animal Science. 76, 2967–2975.

Christensen, O.F., Madsen, P., Nielsen, B., Ostersen, T., Su, G., 2012. Single-step methods for genomic evaluation in pigs. Animal, 6, 1565-1571.

Daetwyler, H.D., Calus, M.P., Pong-Wong, R., de Los Campos, G., Hickey, J.M., 2013. Genomic prediction in animals and plants: simulation of data, validation, reporting, and benchmarking. Genetics. 193(2), 347-365.

Flori, L., Gonzatti, M.I., Thevenon, S., Chantal, I., Pinto, J., Berthier, D., Aso, P.M., Gautier, M., 2012. A quasi-exclusive European ancestry in the Senepol tropical cattle breed highlights the importance of the slick locus in tropical adaptation. Plos One. 7, e36133.

García-Ruiz, A., Cole, J.B., VanRaden, P.M., Wiggans, G.R., Ruiz-López, F.J., Van Tassell, C.P., 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. Proceedings of the National Academy of Sciences. 113(28), E3995–E4004.

Hammond, A.C., Olson, T.A., Chase Jr., C.C., Bowers, E.J., Randel, R.D., Murphy, C.N., Vogt, D.W., Tewolde, A., 1996. Heat tolerance in two tropically adapted Bos taurus breeds, Senepol and Romosinuano, compared with Brahman, Angus, and Hereford cattle in Florida. Journal of Animal Science. 74(2), 295-303.

Hayes, B.J., Visscher, P.M., Goddard, M.E., 2009. Increased accuracy of artificial selection by using the realized relationship matrix. Genetics. Research. 91, 47–60.

Hidalgo, J., Lourenço, D., Tsuruta, S., Masuda, Y., Miller, S., Bermann, M., Garcia, A.L.S., Misztal, I., 2021. Changes in genomic predictions when new information is added. Journal of Animal Science. 99(2), 1-10.

Huson, H.J., Kim, E.S., Godfrey, R.W., Olson, T.A., McClure, M.C., Chase, C.C., Sonstegard, T.S., 2014. Genome-wide association study and ancestral origins of the slick-hair coat in tropically adapted cattle. Frontiers in Genetics. 5, 101.

Jang, S., Lourenco, D., Miller, S., 2022. Inclusion of sire by herd interaction effect in the genomic evaluation for weaning weight of American Angus. Journal of Animal Science. 100, 1-12.

Koo, Y., Alkhoder, H., Choi, T.J., Liu, Z., Reents, R., 2023. Genomic evaluation of carcass traits of Korean beef cattle Hanwoo using a single-step marker effect model. Journal of Animal Science. 101, 1-8.

Legarra, A., Aguilar, I., Misztal, I., 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. Journal of Dairy Science. 92(9), 4656-4663.

Legarra, A., Chistensen, O.F., Aguilar, I., Misztal, I., 2014. Single step, a general approach for genomic selection. Livestock Science. 166, 54–65.

Legarra, A., Reverter, A. 2018. Semi-Parametric Estimates of Population Accuracy and Bias of Predictions of Breeding Values and Future Phenotypes Using the LR Method. Genetics Selection Evolution. 50(1), 1-18.

Londoño-Gil, M., Cardona-Cifuentes, D., Espigolan, R., Peripolli, E., Lôbo, R.B., Pereira, A.S.C., Aguilar, I., Baldi, F., 2023. Genomic evaluation of commercial herds with different pedigree structures using the single-step genomic BLUP in Nelore cattle. Tropical Animal Health and Production. 55, 95.

Lopez, B.I., Lee, S.-H., Shin, D.-H., Oh, J.-D., Chai, H.-H., Park, W., Park, J.-E., Lim, D., 2020. Accuracy of genomic evaluation using imputed high-density genotypes for carcass traits in commercial Hanwoo population. Livestock Science. 241, 104256.

Lourenço, D., Tsuruta, S., Aguilar, I., Masuda, Y., Bermann, M., Legarra, A., Misztal, I., 2022. Recent updates in the BLUPF90 software suite. In Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP) Technical and species orientated innovations in animal breeding, and contribution of genetics to solving societal challenges. Wageningen Academic Publishers. 366, 1530-1533.

Lourenço, D.A.L., Tsuruta, S., Fragomeni, B.O., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Bertrand, J.K., Amen, T.S., Wang, L., Moser, D.W., Misztal, I., 2015. Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. Journal of Animal Science. 93, 2653–2662.

Macedo, F., Reverter, A., Legarra, A., 2020. Behavior of the linear regression method to estimate bias and accuracies with correct and incorrect genetic evaluation models. Journal of Dairy Science. 103(1), 529–544.

Macedo, V.P., Ribeiro, R.D.X., Araújo, S.A., Souza, M.N.S., Andrade, E.A., Ribeiro, C.V.D.M., Souza, C.O., Silva, T.M., Barbosa, A.M., Bezerra, L.R., Silva Júnior, J.M., Oliveira, R.L., 2022. Physicochemical composition, fatty acid profile and sensory attributes of meat (longissimus lumborum muscle) from Nellore and Nellore-cross bulls. Tropical Animal Health and Production. 54, 47.

Mehrban, H., Naserkheil, M., Lee, D., Ibáñez-Escriche, N., 2021. Multi-trait single-step GBLUP improves accuracy of genomic prediction for carcass traits using yearling weight and ultrasound traits in Hanwoo. Frontiers in Genetics. 12, 692356.

Menezes, G.R.O., Okamura, V., Torres Júnior, R. A.A., Santana Júnior, M.L., Gondo, A., Silva, L.O.C., Egito, A.A., Rosa, A.N., Nobre, P.R.C., 2016. Variabilidade genética da raça Senepol no Brasil. In: Menezes, G.R.O., Nobre, P.R.C., Torres Júnior, R.A.A., Gondo, A., Silva, L.O.C., Silva, L.N. (ed.). Sumários Senepol 2016: sumário de touros Senepol Geneplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa, 2016. 76 p.

Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M., 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. Animal Frontiers. 6, 6-14.

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.

Misztal, I., Lourenço, D., Legarra, A., 2020. Current status of genomic evaluation. Journal of Animal Science. 98(4), 101.

Reverter, A., Golden, B., Bourdon, R., Brinks, J., 1994. Detection of bias in genetic predictions. Journal of Animal Science. 72(1), 34–37.

Roso, V.M., Schenkel, F.S., Miller, S.P., 2004. Degree of connectedness among groups of centrally tested beef bulls. Canadian Journal of Animal Science. 84, 37–47.

Saatchi, M., Schnabel, R.D., Rolf, M.M., Taylor, J.F., Garrick, D.J. 2012. Accuracy of direct genomic breeding values for nationally evaluated traits in US Limousin and Simmental beef cattle. Genetis Selection Evolution. 44,38.

Schatz, T.J., Thomas, S., Geesink, G., 2014. Comparison of the growth and meat tenderness of Brahman and F1 Senepol Brahman steers. Animal Production Science. 54, 1867–1870.

Schatz, T., Thomas, S., Reed, S., Hearnden, M., 2020. Crossbreeding with a tropically adapted Bos taurus breed (Senepol) to improve meat quality and production from Brahman herds in Northern Australia. 1. Steer performance. Animal Production Science. 60(4), 487-491.

Sepúlveda, J.C., Ángel-Marín, P.A., Toro, A., Corrales, J.D., Moreno, M.A., Cerón-Muñoz, M.F., 2012. Genetic variability of Senepol cattle in Colombia using molecular markers. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias. 25(2), 183-190.

Simioni, T.A., Torrecilhas, J.A., Messana, J.D., Granja-Salcedo, Y.T., San Vito, E., Lima, A.R., Sanchez, J.M.D., Reis, R.A., Berchielli, T.T., 2021. Influence of growing-phase supplementation strategies on intake and performance of different beef cattle genotypes in finishing phase on pasture or feedlot. Livestock Science. 251, 104653.

The R Foundation For Statistical Computing, 2023. R Version 4.3.1. Disponível em: < https://www.r-project.org/> Acesso em: 15/05/2023.

Tsuruta, S., Misztal, I., Aguilar, I., Lawlor, T.J., 2011. Multiple-trait genomic evaluation of linear type traits using genomic and phenotypic data in US Holsteins. Journal of Dairy Science. 94, 4198-4204.

VanRaden, P.M., 2012. Avoiding bias from genomic pre-selection in converting daughter information across countries. Interbull Bulletin. 45.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de pesos para a raça Senepol sofre pouca influência com a inclusão de dados genômicos, entretanto, a utilização de análises bicaracterísticas apresenta melhores estimativas de (co)variâncias em comparação com análises uni características.

Apesar de não provocar grandes mudanças nos parâmetros genéticos, a inclusão da genômica na estimação dos valores genéticos proporciona maior correlação, maior acurácia e menor viés de predição das análises. Desta forma, informações genômicas possuem potencial para contribuir com o melhoramento genético da raça Senepol.

Além disso, peso ao sobreano é a característica que apresentaria a maior reposta a seleção em comparação as outras características avaliadas, devido a maiores herdabilidades e maiores acurácias de predição dos valores genéticos e a seleção para qualquer uma das características de peso proporcionaria respostas correlacionados nas demais características de peso avaliadas.