

Planaltina, DF / Dezembro, 2024

Novas perspectivas para a predição genômica do caráter mocho em bovinos da raça Brahman



Embrapa

Cerrados

**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Cerrados
Ministério da Agricultura e Pecuária**

ISSN 1517-5111 / e-ISSN 2176-5081

Documentos 412

Dezembro, 2024

Novas perspectivas para a predição genômica do caráter mocho em bovinos da raça Brahman

Lanna Maryana Costa Pereira

Fernando Sebastián Baldi Rey

Ludmilla Costa Brunes

Victor Lenin Silva

Tatiane Aparecida De Oliveira

Eduardo Da Costa Eifert

Marcos Fernando Oliveira e Costa

Cláudio Ulhôa Magnabosco

Embrapa Cerrados

Planaltina, DF

2024

Embrapa Cerrados
BR 020, Km 18, Rod. Brasília / Fortaleza
Caixa Postal 08223
CEP 73310-970, Planaltina, DF
Fone: (61) 3388-9898
www.embrapa.br/cerrados
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente

Eduardo Alano Vieira

Secretário-executivo

Lidiamar Barbosa de Albuquerque

Membros

Alessandra de Jesus Boari, Alessandra Silva G. Faleiro, Angelo Aparecido Barbosa Sussel, Fábio Gelape Faleiro, Fabíola de Azevedo Araújo, Giuliano Marchi, Jussara Flores de Oliveira Arbues, Karina Pulrolnik, Maria Emília Borges Alves e Natália Bortoleto Athayde Maciel

Edição executiva e revisão de texto

Jussara Flores O. Arbues

Normalização bibliográfica

Marilaine Schaum Pelufe

Projeto gráfico

Leandro Sousa Fazio

Diagramação

Wellington Cavalcanti

Foto da capa

Lanna Maryana Costa Pereira

Publicação digital: PDF

Todos os direitos reservados

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

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Cerrados

N274 Novas perspectivas para a predição genômica do caráter mocho em bovinos da raça Brahman / Lanna Maryana Costa Pereira ... [et al.]. – Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2024.

PDF (51 p.) - (Documentos / Embrapa Cerrados, ISSN 1517-5111 / e-ISSN 2176-5081 ; 412).

1. Gado zebu. 2. Gado mocho. 3. Melhoramento animal. I. Pereira, Lanna Maryana Costa. II. Rey, Fernando Sebastián Baldi. III. Brunes, Ludmilla Costa. IV. Silva, Victor Lenin. V. Oliveira, Tatiane Aparecida de. VI. Eifert, Eduardo da Costa. VII. Costa, Marcos Fernando Oliveira e. VIII. Magnabosco, Cláudio Uihôa. IX. Embrapa Cerrados. X. Série.

CDD (21 ed.) 636.291

Autores

Lanna Maryana Costa Pereira

Zootecnista, estudante de mestrado da Universidade Federal de Goiás, estagiária na Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, GO

Fernando Sebastián Baldi Rey

Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento Animal, professor da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP

Ludmilla Costa Brunes

Zootecnista, doutora em Zootecnia, bolsista (Recursos Humanos em Áreas Estratégicas na Empresa Avaltech/Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

Victor Lenin Silva

Zootecnista, estudante de mestrado da Universidade Federal de Goiás, estagiário na Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, GO

Tatiane Aparecida de Oliveira

Zootecnista, estudante de mestrado da Universidade Federal de Goiás, estagiária na Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, GO

Eduardo da Costa Eifert

Engenheiro-agrônomo, doutor em Zootecnia, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

Marcos Fernando Oliveira e Costa

Médico-veterinário, doutor em Fisiologia Animal, pesquisador da Embrapa Cerrados, Santo Antônio de Goiás, GO

Cláudio Uihôa Magnabosco

Zootecnista, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

Agradecemos à Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Fazenda Regalito, Estâncias Espiritu e Fazenda Guaporé (Marca OB), pelo inestimável apoio na condução deste estudo.

Apresentação

No Brasil, a raça Brahman (*Bos taurus indicus*) destaca-se como uma das principais raças zebuínas adaptadas ao clima tropical, apresentando alto potencial produtivo e reprodutivo e especialização na produção de carne de qualidade. No entanto, a frequência de animais mochos nessa raça ainda é relativamente baixa, estimada em 5%. Com a preferência do mercado consumidor por carne de animais produzidos em conformidade com diretrizes de bem-estar animal, há um incentivo entre os pecuaristas para buscar novos meios de produzir bovinos Brahman mochos. A seleção por animais naturalmente mochos alinha-se às tendências globais de práticas de bem-estar animal, como a redução de métodos invasivos de descorna e a minimização de hematomas associados à presença de chifres, o que, consequentemente, beneficia a qualidade do couro e do tecido muscular. Além disso, há maior segurança para os colaboradores, programas de bonificação para animais F1, entre outras vantagens.

Desse modo, estudos focados na compreensão da arquitetura genética — ou seja, no mapeamento e na identificação de marcadores e mutações causais que influenciam o desenvolvimento de chifres — vêm sendo realizados mundialmente com diferentes raças, visando o aumento da frequência alélica do caráter mocho em populações bovinas. Para tanto, é necessário o uso de ferramentas tecnológicas avançadas, como o método do melhor preditor linear genômico não viesado de passo único (ssGBLUP), populações multirraciais e metafundadores, além dos estudos de Associação Genômica Ampla (GWAS). Esta pesquisa discute a importância do caráter mocho na pecuária bovina, os estudos relacionados à herança dessa característica, bem como o impacto das ferramentas genômicas mencionadas, aplicadas à predição genômica do caráter mocho em bovinos da raça Brahman.

Sebastião Pedro da Silva Neto
Chefe-Geral da Embrapa Cerrados

Sumário

Introdução	11
A raça Nelore	15
A raça Brahman	16
O caráter mocho	17
Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos	20
O uso da genômica	23
Novas perspectivas para a predição genômica do caráter mocho utilizando populações multirraciais e informações de metafundadores na raça Brahman	25
Estudo de associação genômica ampla (GWAS)	30
Novas ações na seleção do caráter mocho na raça Brahman no Brasil	35
Considerações finais	37
Referências	38

Introdução

Em 2023, o rebanho bovino brasileiro foi estimado em 202 milhões de cabeças (Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras, 2023). O Brasil se destaca por possuir o maior rebanho comercial do mundo (Carvalho et al., 2023) e ser o principal exportador mundial de carne bovina (Usda, 2023). Esses dados, aliados ao baixo custo de produção, à vasta extensão territorial e ao grande volume de rebanho, comprovam o potencial da pecuária de corte nacional (Sbardella, 2020).

O rebanho bovino brasileiro é majoritariamente composto por raças zebuínas (*Bos taurus indicus*), correspondendo, segundo a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), a mais de 170 milhões de cabeças com diversos graus de sangue zebuino, o que representa cerca de 80% do rebanho bovino nacional (Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 2022). Entre essas raças, destacam-se Nelore e Brahman, duas das principais zebuínas adaptadas ao clima tropical.

A raça Nelore é a que possui o maior número de cabeças no Brasil e representa um dos maiores patrimônios genéticos para produção de carne em países tropicais, sendo altamente valorizada por seu desempenho produtivo e reprodutivo (Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 2017) e pela adaptabilidade ao clima tropical, combinando rusticidade e resistência a parasitas (Sousa et al., 2018). Além disso, apresenta potencial genético para a produção de carne de qualidade no Brasil (Silva; Bueno, 2020).

A raça Brahman, formada pelo cruzamento entre indivíduos das raças Nelore, Gir, Guzará e Krishna Valley (Koufariotis et al., 2018), destaca-se pela adaptabilidade, habilidade materna e desempenho (Associação de Criadores de Brahman do Brasil, 2019). Segundo Turner (2019), o Brahman se distingue por sua precocidade e longevidade. De acordo com Favero et al. (2018), devido à adaptabilidade ao clima tropical e ao bom desempenho em confinamento e características de carcaça, a raça Brahman pode ser uma alternativa à Nelore na pecuária de corte, aumentando a variabilidade genética e

contribuindo para a resistência, rusticidade e longevidade em cruzamentos (Affeldt; Camargo, 2017). Adicionalmente, Pozo et al. (2019) relatam que fêmeas oriundas de cruzamentos Brahman com raças britânicas ou continentais apresentam maior fertilidade e produção de leite quando comparadas com as fêmeas puras dessas raças, evidenciando seu potencial na pecuária de corte.

Nos bovinos de origem zebuína, a presença de chifres era historicamente necessária para a autodefesa na vida selvagem. No entanto, após a domesticação e o uso desses animais para produção, a presença de chifres se tornou desnecessária. Bovinos sem chifres ou mochos, além de trazerem benefícios econômicos à indústria de carne devido à redução de lesões e hematomas no couro e tecido muscular, melhoram as condições de bem-estar animal, reduzindo o processo de descorna e aumentando a segurança dos trabalhadores no manejo do rebanho (Gehrke et al., 2020).

Consequentemente, há um incentivo para o desenvolvimento de estratégias que promovam bovinos adaptados às condições tropicais, com bom desempenho produtivo e naturalmente mochos, como ocorre com a variedade Nelore Mocho (Stafuzza et al., 2018; Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2023). Recentemente, a Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) desenvolveu um manual sobre a metodologia de coleta de dados fenotípicos para essa característica na raça Nelore (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2023), fundamentado em informações científicas e na coleta de dados a campo, garantindo a segurança e confiabilidade das informações coletadas. Para a raça Brahman, entretanto, ainda não há metodologia publicada para esse caráter, reforçando a necessidade de desenvolver e validar um protocolo específico.

Diversos estudos vêm sendo realizados com o objetivo de mapear e identificar os marcadores e as mutações causais que provocam o caráter mocho em diferentes raças (Rothammer et al., 2014; Medugorac et al., 2017; Stafuzza et al., 2018). Segundo Schafberg e Swalve (2015), para as raças europeias, existem, no mínimo, duas diferentes mutações localizadas no cromossomo BTA01 que influenciam no caráter mocho: “Céltica” e “Frisean”.

Para o gado Turano da Mongólia, segundo Medugorac et al. (2017), há a variante Mongolian (PM) associada ao fenótipo mocho. Em seguida, Utsunomiya et al. (2019), em estudos com a raça Nelore, localizaram uma variante para o caráter mocho denominada Guarani (PG). Mariasegaram et al. (2012), trabalhando com animais da raça Brahman, identificaram em seus estudos o alelo 303 do marcador CSAFG29 com forte associação com o alelo do caráter mocho, no entanto, não encontraram mutações causais para este caráter. Ou seja, para a raça Brahman, a arquitetura biológica da expressão do caráter mocho ainda não foi totalmente elucidada (Randhawa et al., 2020).

Gehrke et al. (2020) relatam que o modelo mais reconhecido para a herança dos chifres envolve três loci: o locus mocho, com o alelo P (ausência de chifres) dominante sobre p (presença de chifres); o locus “cicatrizes” (calo e batoque), com alelos Sc (presença de cicatrizes) e sc (ausência de cicatrizes); e o locus associado ao chifre africano, com alelos Ha e ha (presença de chifres). A interação entre esses loci na determinação dos diferentes fenótipos permanece incerta, indicando a necessidade de mais pesquisas para compreender plenamente o processo biológico e genético desse caráter.

Sabe-se que o desenvolvimento e a morfologia dos chifres são definidos por fatores fisiológicos, genéticos e variáveis entre raças, idade e interações epistáticas entre loci, conferindo alta complexidade à identificação de genótipos que influenciam a expressão dos fenótipos (Grobler et al., 2021).

A seleção genética para animais naturalmente mochos e a identificação de genótipos são desafiadoras, pois envolvem múltiplos loci e interações complexas (Randhawa et al., 2020). Além disso, supõe-se que o sexo influencia no desenvolvimento de chifres, uma vez que “cicatrizes” são mais comuns em machos, enquanto o caráter mocho é mais frequente em fêmeas (Georges et al., 1993; Mariasegaram et al., 2012; Gehrke et al., 2020; Simon et al., 2022). Johnston et al. (2011) sugerem que a herança de chifres é dominante em machos e recessiva em fêmeas.

Bordin Temp et al. (2024) demonstram que, na raça Nelore, a predição genômica para o caráter mocho apresenta maior acurácia ao

incluir cromossomos não autossômicos e considerar quatro categorias fenotípicas: ausência de chifres; mocho filho de pai com chifres; calos e batoques “cicatrizes”; e presença de chifres. Destacando a influência do sexo na expressão do fenótipo.

No Brasil, as avaliações genéticas baseiam-se comumente em informações de uma única raça (Elzo; Borjas, 2004). Recentemente, os métodos de avaliação genética multirracial permitem incluir animais de diferentes grupos genéticos, obtendo predições mais acuradas e comparando diretamente composições raciais distintas (Prestes, 2017).

Calus et al. (2018) apontam que, em estudos multirraciais, a acurácia aumenta quando as raças são geneticamente relacionadas. Assim, a predição genômica para o caráter mocho na raça Brahman pode ser otimizada com informações da Nelore, dada a contribuição desta última para a formação da primeira. Com a era genômica, novas possibilidades para avaliar relações genômicas independentemente do pedigree surgem, como o melhor preditor linear genômico não viesado de passo único (ssGBLUP), que permite incluir animais genotipados e não genotipados na predição dos GEBVs (Masuda et al., 2022), e o uso do modelo de metafundadores (MF) (Junqueira et al., 2017), uma solução para falta de informações de pedigree no ssGBLUP (Masuda et al., 2022).

Legarra et al. (2015) afirmam que metafundadores são pseudoindivíduos que relacionam indivíduos dentro e entre populações, com base na “compatibilidade” de relações genômicas e de pedigree. Modelos de predição genômica com o uso de metapopulações se mostram promissores para avaliação da raça Brahman, ao aproveitarem informações da Nelore e suas ligações ancestrais.

Diante disso, o objetivo desta revisão é discutir novas ferramentas e perspectivas para a predição genômica do caráter mocho em bovinos da raça Brahman, além de apresentar estudos recentes sobre o comportamento biológico e genético dessa característica.

A raça Nelore

Para contribuir com a discussão sobre a raça Brahman, é relevante apresentar a raça Nelore, foco da maioria dos estudos sobre zebuínos no Brasil, incluindo pesquisas sobre o caráter mocho. Na raça Nelore, destacam-se dois grupos genéticos: o Nelore Padrão e o Nelore Mocho, que apresentam diferenças quanto à presença ou ausência de chifres (Evangelista et al., 2019). O Nelore Mocho, segunda maior raça em número de registros no Brasil (Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 2021), é comumente criado separadamente do Nelore Padrão e caracteriza-se por várias vantagens, como maior segurança para os colaboradores durante o manejo, redução de perdas de carcaça, facilidade no acesso ao alimento no cocho e melhor adaptação ao transporte (Barros et al., 2018; Rosa et al., 2020).

De origem indiana, a raça Nelore chegou ao Brasil em meados do século XIX (Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 2017). Segundo Viacava et al.(2000), a introdução da raça no país ocorreu após a chegada a Salvador de um navio, cujo destino era a Inglaterra, transportando um casal de animais a bordo. Em 1878, Manoel Ubelhart Lembgruber, um dos pioneiros da raça no Brasil, importou um lote de animais Nelore, o que impulsionou a expansão da raça pelo país (Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 2017). Entre 1960 e 1962, novas importações foram realizadas, e nesse período chegaram ao Brasil os animais que formaram a base genética da pecuária brasileira atual, entre eles, Kavardi, Golias, Rastã, Checurupadu, Godhavari, Padu e Akasamu (Centro de Referência da Pecuária Brasileira, 2015). Santos (1984) menciona em seu livro que as raças indianas Ongole, Hariana, Krishna Valley, Misoure (Nagori e Hallikar), Kangayan e Kankrej contribuíram para a formação do Nelore, sendo algumas delas também relevantes para a formação da raça Brahman.

Santiago (1957) descreve que a raça Nelore no Brasil se originou a partir de diferentes raças indianas que apresentavam pelagem branca, chifres longos e pontiagudos e orelhas curtas. No entanto, a raça com maior contribuição foi a Ongole. Atualmente, o Nelore representa

a maior riqueza genética entre as raças zebuínas e corresponde a cerca de 80% do rebanho zebuíno brasileiro, com desenvolvimento crescente devido ao seu desempenho produtivo, adaptabilidade ao clima tropical, bom desempenho em sistemas de pastejo, além de rusticidade e resistência a parasitas (Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 2017; Oliveira et al., 2002).

A raça Brahman

A origem da raça Brahman remonta ao século XIX, quando criadores do Sul dos Estados Unidos buscavam desenvolver uma raça bovina com potencial competitivo e mercadológico, visando a uma crescente demanda por proteína animal. A seleção do Brahman se intensificou após as importações de zebuínos brasileiros, com notável influência das raças Guzerá, Gir e Nelore, cuja inclusão visava principalmente obter animais produtivos, mas também resistentes às condições de altas temperaturas, umidade, insetos, parasitas e patologias típicas da região (Marques, 1988).

No Brasil, a introdução do Brahman ocorreu em 1994 (Associação de Criadores de Brahman do Brasil, 2013), impulsionada por características como versatilidade em diferentes sistemas de produção, adaptabilidade, habilidade materna, docilidade, fertilidade, longevidade, alto potencial de ganho de peso, precocidade de acabamento, rendimento (American Brahman Breeders Association, 2020) e excepcional desempenho em cruzamentos com raças europeias, como Braford, Brangus e Santa Gertrudes (Façanha et al., 2020). Atualmente, a raça Brahman está presente em mais de 70 países e, entre os zebuínos, é a raça com maior número globalmente (American Brahman Breeders Association, 2020). Assim como a raça Nelore, o Brahman possui duas variedades: mocha e com chifres. No cenário nacional, a raça vem se destacando e ganhando espaço no rebanho bovino brasileiro, com o apoio de universidades, associações e

programas de melhoramento que, por meio de atuação técnico-científica, identificam e aplicam novas tecnologias para promover o avanço da raça em termos produtivos, econômicos e sustentáveis.

O caráter mocho

Nos primórdios, a presença de chifres era desejável, uma vez que estes eram utilizados como ferramenta de proteção e defesa por ancestrais selvagens (*Bos primigenius*) dos bovinos domésticos *Bos taurus* e *Bos indicus*. Para os machos, essa característica estava associada ao combate a predadores e à obtenção de domínio territorial; para as fêmeas, à habilidade materna (Mariasegaram et al., 2012; Schafberg; Swalve, 2015). Após a domesticação dos animais de produção, a ausência de chifres passou a ser uma característica desejável entre os criadores, considerando-se os diversos benefícios dessa condição. Dentre eles, destacam-se a preferência pessoal e a segurança para os colaboradores da fazenda, além das melhores condições de bem-estar para os animais, devido à minimização da prática de descorna (Randhawa et al., 2020). Ademais, os consumidores já demonstram preferência por alimentos que sigam normas de bem-estar animal, sendo os EUA um exemplo de país onde existe forte propensão dos consumidores a pagar mais por produtos oriundos de animais que tiveram melhores condições de bem-estar durante o período produtivo, passaram pelo processo de amochamento com controle da dor ou são geneticamente mochos (Bir et al., 2020).

Os frigoríficos também observam vantagens, como melhor qualidade do couro e da carne devido à redução de contusões e hematomas durante o transporte ou manejo (Baco et al., 2020). Outra vantagem está relacionada aos programas de bonificação, como no caso de animais da raça Aberdeen Angus, em que os frigoríficos só aceitam F1 mochos (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2023).

De acordo com Rosa et al. (1992), os cornos ou chifres são estruturas derivadas de uma extensão da pele do animal, que apresentam variações. Entre elas estão o chifre propriamente dito, caracterizado como a extensão fixa do osso frontal do crânio, e o batoque ou calo, que é uma estrutura sem ligação óssea com a cabeça e se desprende do crânio em animais jovens, podendo se tornar fixo em idade avançada.

No Brasil, o primeiro registro de identificação de animais zebuínos naturalmente mochos ocorreu no final dos anos 1960, com o nascimento de Caburey da marca OB, animal filho de pais puros que nasceu naturalmente sem chifres. Esse animal foi amplamente utilizado em fêmeas da raça Nelore, propagando essa característica em grande escala (Stafuzza et al., 2018). No entanto, registros do Ongole naturalmente mocho são encontrados na Índia antes da introdução desses animais no Brasil (Associação Nacional dos Criadores de Pesquisa, 2023).

Com o tempo, a crescente demanda por redução de preocupações econômicas e de segurança levou os criadores a buscarem estratégias práticas para a descorna física dos animais. Contudo, além de acarretar altos custos com medicamentos e mão de obra, os métodos frequentemente utilizados tendem a ser prejudiciais em termos de bem-estar animal e a aumentar as chances de perdas por infecções (Randhawa et al., 2020).

Em uma pesquisa realizada por Thompson et al. (2017), que comparou os custos econômicos da descorna manual com a seleção para a ausência de chifres, os autores identificaram que, embora a descorna manual ainda apresente custos menores, a seleção para o caráter mocho é mais eficaz a longo prazo. Adicionalmente, Oliveira et al. (2023) destacam que, além de estar alinhada com as atuais diretrizes de bem-estar animal, a seleção fenotípica para animais naturalmente mochos é o método mais eficaz em termos de custo-benefício, devido aos seus efeitos prolongados, à redução do tempo de manejo, ao aumento da produtividade e à promoção do acesso a mercados consumidores mais exigentes.

Nesse sentido, para minimizar tais problemas, a seleção genética para a obtenção de animais naturalmente mochos e a identificação de genótipos que influenciam esse caráter são consideradas estratégias altamente relevantes (Randhawa et al., 2020).

Para a raça Nelore, a Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) desenvolveu o Manual de Coleta de Dados para o caráter mocho. Esse manual preconiza a padronização e a qualidade dos dados, sistematicamente determinando um padrão de coleta de fenótipos em machos e fêmeas a partir dos 12 meses de idade (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2023).

Dentro da raça Nelore, são atribuídas quatro diferentes variedades (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2023):

1. Mocho: ausência total de chifre, calo ou batoque – “careca”.
2. Mocho com progenitor padrão: ausência total de chifre (“careca”), mas filho de pai ou mãe com chifre.
3. Calo ou batoque: presença de resíduo ou protuberância no local de nascimento dos chifres.
4. Padrão: presença de chifre.

Por meio desse trabalho de coleta e análise de dados, o pecuarista obtém como benefício o desenvolvimento de uma diferença esperada na progênie (DEP) específica para o caráter mocho, cada vez mais robusta e precisa, visando à seleção e ao acasalamento direcionado, ao aumento da variabilidade genética e ao consequente ganho genético para a raça Nelore Mocho (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2023).

Para bovinos da raça Brahman, ainda não existe um protocolo definido para a avaliação desse caráter. Além disso, em nível produtivo, a frequência de animais mochos na raça Brahman, estimada em 5%, é relativamente menor que na raça Nelore. Esse fato levanta questionamentos quanto às variações fenotípicas e às frequências alélicas para esse caráter nas duas raças.

Atualmente, para as raças Nelore e Brahman, o processo de seleção do caráter mocho envolve acasalamentos baseados em

informações visuais e de pedigree. No entanto, com a implementação da DEP mocho, conforme mencionado anteriormente, será possível ao criador identificar reprodutores com maior probabilidade de produzir filhos naturalmente mochos e com potencial para transmitir o fenótipo mocho às próximas gerações, favorecendo o processo de seleção e o progresso genético dos rebanhos nessa perspectiva (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2024).

Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos

Os componentes de variância são de fundamental importância no melhoramento genético animal. Segundo Paiva et al. (2019), a predição dos valores genéticos, o processo de construção de índices de seleção, a análise de modelos mistos para a predição linear do tipo melhor preditor linear não viesado (best linear unbiased predictor – BLUP) e a estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos dependem desses componentes, sendo que a avaliação genética animal é fundamentada no método de equações dos modelos mistos desenvolvido por Henderson (1963).

De acordo com Pereira (2008), diferentes modelos mistos são utilizados em uma avaliação genética. Dentre eles, destacam-se o modelo touro e o modelo animal. O modelo touro prediz o valor genético do reprodutor com base na inclusão de informações de suas progênies nas análises; ou seja, o foco deste modelo é a contribuição do touro para as próximas gerações, em que o touro é considerado o efeito aleatório principal (Henderson, 1988).

O modelo animal permite a inclusão de informações de todos os animais presentes na matriz de parentesco, assim como dados de consanguinidade, possibilitando estimativas mais precisas e acuradas para cada indivíduo, com base em seu próprio desempenho e

no desempenho de todos os indivíduos relacionados a ele (Pereira et al., 2017). Neste modelo, o efeito aleatório é o próprio animal em análise (Henderson, 1988). Amaral et al. (2009) destacam que, entre os benefícios, o modelo animal possibilita a geração do valor genético e da diferença esperada na progênie (DEP) para indivíduos que não apresentam informações fenotípicas próprias, devido à utilização das informações de seus ascendentes, descendentes ou colaterais, além de permitir a comparação de animais nascidos em diferentes safras.

Atualmente, o modelo animal utilizado em notação matricial é (Equação 1):

$$Y = X\beta + Za + e \quad (1)$$

em que

Y = vetor da característica observada.

X = matriz de incidência dos efeitos fixos.

β = vetor dos efeitos fixos.

Z = matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos aditivos.

a = vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos.

e = vetor dos efeitos aleatórios residuais.

A análise bayesiana é um método que interpreta a determinação do grau de incerteza em parâmetros e hipóteses sobre a probabilidade a priori da ocorrência de um evento. Segundo Gianola e Fernando (1986), isso possibilita o cálculo das frequências subsequentes do parâmetro, incluindo a distribuição a posteriori e seus erros, resultando em maior acurácia nas estimativas dos parâmetros.

Segundo Gianola e Fernando (1986), a metodologia e a probabilidade inversa são fundamentadas no Teorema de Bayes. De acordo com Faria et al. (2007), considerando um vetor não observável q e um vetor de dados observáveis y , com distribuições de densidade de probabilidade conjunta $p(Y, q)$, da teoria básica de probabilidades, tem-se $p(Y/q) \times p(q) = p(Y, q) = p(q/y) \times p(y)$, em que $p(q)$ e $p(Y)$ são densidades de probabilidade marginais de q e y , respectivamente.

Aliada à metodologia bayesiana, tem-se a Amostragem de Gibbs, um método que possibilita a obtenção de um valor para cada um dos

parâmetros desconhecidos a priori. Além disso, é uma metodologia de fácil aplicação dentro do modelo bayesiano, pois viabiliza a obtenção das frequências e distribuições subsequentes para o cálculo das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (Faria et al., 2007).

Conforme citado por Blasco (2001), a partir da amostragem de Gibbs, faz-se uso de métodos de aproximação através de amostragens, com o intuito de gerar estimativas de variáveis aleatórias para cada um dos parâmetros observados. Para isso, o processo de obtenção de cada variável é reproduzido diversas vezes até a convergência para uma distribuição em equilíbrio, onde as amostras utilizadas a priori são consideradas aleatórias da distribuição subsequente e, conseqüentemente, utilizadas na estimação dos parâmetros.

Para a estimação dos componentes de variância de características categóricas, como é o caso do presente trabalho com o caráter mocho, Faria et al. (2007) recomendam o uso de modelos de limiar, visto que, quando comparados aos modelos lineares, permitem uma melhor identificação da variabilidade genética, possibilitando a abordagem bayesiana.

As estimativas de valores genéticos são realizadas com o uso do modelo threshold através do software GIBBSF90+ (Huang et al., 2024) em notação matricial da seguinte forma (Kluska et al., 2018) (Equação 2):

$$u|\theta N(W\theta, I\sigma_e^2) \quad (2)$$

em que

N = notação padrão que representa a distribuição normal.

u = vetor da escala subjacente com ordem r .

θ = vetor dos parâmetros de locação.

W = matriz de incidência de ordem r por s .

I = matriz de identidade de ordem r por r .

σ_e^2 é a variância residual.

O uso da genômica

Na seleção de bovinos de corte, o método tradicional utilizado para identificar o potencial genético de um indivíduo baseia-se nos valores genéticos preditos a partir de dados fenotípicos associados a informações de parentesco. Contudo, com o uso da genômica a favor dessa identificação, a predição do valor genético e a seleção para novas características têm sido fortemente aprimoradas (Costa, 2019). A utilização de marcadores moleculares, como os polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), promoveu a inserção de modelos de análise genômica em programas de melhoramento genético animal (Legarra et al., 2009).

Os SNPs são polimorfismos que se diferem por um único par de nucleotídeos, seja por substituição, deleção ou inserção, e grande parte desses polimorfismos está localizada em regiões não codificadoras do genoma, devido a mutações em genes ligados a doenças e expressões fenotípicas (Turchetto-Zolet et al., 2017).

Altos níveis de desequilíbrio de ligação (DL) entre marcadores e entre marcadores com loci de características quantitativas (Quantitative Trait Loci – QTL) são alcançados com a descoberta de diversos tipos de marcadores SNP, envolvendo um maior espectro do genoma bovino. Isso aumenta as chances de identificação de marcadores associados às características produtivas (Chiaia, 2017).

Segundo Haley e Visscher (1998), o incremento do ganho genético em uma população utilizando dados moleculares varia entre 8 e 38% quando comparado aos ganhos genéticos baseados apenas em dados fenotípicos e de parentesco. Além disso, em animais jovens, a seleção genômica possibilita um aumento na confiabilidade de 50 a 67% em características de baixa herdabilidade e de difícil mensuração, como fertilidade e longevidade (Silva et al., 2018).

Vantagens adicionais são observadas ao usar informações genômicas para avaliar características com poucas informações fenotípicas coletadas, como no mapeamento da localização exata do locus mocho e das mutações causais desse caráter, considerando os

fatores fisiológicos associados à complexidade de herança na definição da morfologia e no crescimento dos chifres (Grobler et al., 2021).

Diversos procedimentos de análise de dados são utilizados nas predições de valores genéticos genômicos, entre os quais destaca-se o método de passo único ou melhor preditor linear genômico não viesado de passo único (ssGBLUP). Este método utiliza informações de pedigree, fenótipo e genótipo, alcançando maior grau de acurácia e menor viés em comparação com a seleção baseada exclusivamente em informações genômicas ou apenas de pedigree. Para isso, é necessário remodelar a matriz de pedigree, ou matriz A, para incluir as informações genômicas, ajustando as informações de parentesco baseadas no pedigree por meio do uso de dados genômicos.

Além disso, o ssGBLUP permite a avaliação simultânea de animais genotipados e não genotipados (Legarra et al., 2009). O remodelamento da matriz A no ssGBLUP resulta na formação da matriz inversa H^{-1} , que corresponde à matriz de relacionamento H, ou seja, à matriz de covariância de valores genéticos, combinando a matriz de relacionamento de pedigree (A) e a matriz de relacionamento genômico (G) (Cesarani et al., 2022).

Além do aumento na acurácia, o ssGBLUP possibilita a inclusão de dados genômicos e de desempenho de animais com diferentes graus de parentesco, ajustes paralelos de informações genômicas e de efeitos, como grupos contemporâneos. Sem perder informações, o nível de acurácia obtido nos animais genotipados é transferido para demais parentes com ajustes simples para modelos complexos, uma vez que, através do uso de matrizes de parentesco ajustadas entre si, qualquer modelo pode ser incorporado (Legarra et al., 2014).

Novas perspectivas para a predição genômica do caráter mocho utilizando populações multirraciais e informações de metafundadores na raça Brahman

Em uma avaliação genômica, a relação entre fenótipos e marcadores moleculares SNP é fundamentada no tamanho da população de referência, que é um fator crucial para o aumento da confiabilidade da predição em uma população de validação. Nesse contexto, Goddard (2009) destacou a importância do tamanho da população de referência para a acurácia do valor genético genômico (GEBV). Corroborando essa hipótese, Hayes et al. (2009) mencionam que o tamanho efetivo da população (N_e) é um dos principais fatores que influenciam a habilidade de predição em análises genômicas.

Ma et al. (2024) enfatizaram que raças com maior tamanho amostral tendem a apresentar níveis de acurácia mais altos nas estimativas. No entanto, para atender aos criadores de raças com menor tamanho populacional, como é o caso da raça Brahman, a combinação de populações de múltiplas raças pode ser uma alternativa viável e de grande aplicabilidade para a seleção bovina (Lund et al., 2011; Hozé et al., 2014; Steyn et al., 2019; Cesarani et al., 2022; Ma et al., 2024). Além disso, com o aumento no número de informações na estimação de parâmetros e valores genéticos, o conhecimento da arquitetura genética de características de difícil mensuração pode ser melhor elucidado (Xu et al., 2019).

Em um estudo realizado por Daetwyler et al. (2012) em uma população de ovinos, foi demonstrado que a acurácia do GEBV aumenta com a utilização de uma população de referência, sugerindo que, conforme essa população cresce, a acurácia do GEBV tende a aumentar. Lund et al. (2011), ao trabalhar com a combinação de

quatro populações de referência de bovinos leiteiros para análise de predição genômica, observaram um ganho de 10% na confiabilidade quando comparado ao ganho obtido apenas com uma população.

Winkelman et al. (2015) relataram um alto ganho em confiabilidade de predição ao utilizar a metodologia de avaliação genômica multirracial, com animais das raças Holandês, Jersey e seus cruzamentos, empregando diferentes modelos genômicos associados. Hayes et al. (2009), trabalhando com bovinos das raças Holstein e Jersey sob dois diferentes métodos bayesianos (BayesA e BAYES_SSVS), identificaram um aumento de até 13% nas acurácias dos GEBVs para a produção de gordura e proteína no leite em populações multirraciais.

Hozé et al. (2014) relatam que o compartilhamento de populações de referência, quando estas são geneticamente relacionadas, pode beneficiar raças com menor tamanho populacional. Nesse sentido, avaliações de populações que contemplam as raças Brahman e Nelore podem ser vantajosas. Segundo Van Den Berg et al. (2019), esse relacionamento genético é importante, pois uma equação de predição utilizada para uma única raça só é bem aproveitada em outra raça se ambas apresentarem similaridades quanto ao desequilíbrio de ligação (DL) entre SNPs e polimorfismos causais. Um exemplo é a raça Holstein, que, através do compartilhamento de DL com a raça Red Holstein, obtém estimativas de GEBV altamente confiáveis.

Para a raça Brahman, Porto-Neto et al. (2014) relatam $r^2 = 0,25$, ou seja, valor equivalente ao DL para a raça Nelore, com nível de $r^2 = 0,20$ a $0,34$ para distâncias entre marcadores inferiores a 30 kb e $r^2 = 0,20$ e $0,13$ quando a distância aumentou de 30 até 100 kb (Espigolan et al., 2013). Na literatura, são escassos os trabalhos que mostram o compartilhamento de DL entre as raças Nelore e Brahman, no entanto, tendo em vista que ambas as raças são geneticamente relacionadas, supõe-se que os resultados obtidos em uma raça podem ser facilmente aplicáveis na outra.

Lund et al. (2011) demonstraram em seu trabalho que a confiabilidade na obtenção dos valores genômicos estimados de reprodução (GEBVs) em animais jovens sem expressão fenotípica depende, além do tamanho da população de referência, da amplitude do

desequilíbrio de ligação (DL) entre marcadores e locais de características quantitativas (QTLs).

Segundo Steyn et al. (2019), o método de compartilhamento de efeitos de SNPs entre raças é simples com o uso do modelo de avaliação genômica multirracial para raças puras e cruzadas; no entanto, menores níveis de acurácia e maior viés podem ser observados em decorrência de falhas no ajuste e da insuficiência do número de marcadores. Não obstante, Ross et al. (2008) sugeriram que, na hipótese de SNPs suficientemente densos, há a possibilidade de compartilhamento destes entre raças. Contudo, as mutações causais que impactam uma determinada característica devem ser equivalentes entre as raças. Em situações que utilizam o método multirracial, os SNPs e as mutações causais devem estar próximos para que haja a persistência dessas mutações e do desequilíbrio de ligação entre SNPs.

No melhoramento genético animal, o uso de informações de parentesco é considerado uma alternativa para obter maior acurácia em avaliações genéticas. Porém, em algumas ocasiões, essas informações são incompletas, desconhecidas a priori, incorretas ou nem sempre bem estabelecidas (Junqueira et al., 2017). Nesse sentido, os grupos de pais desconhecidos (UPG) são utilizados para atender avaliações com pedigree incompleto. Contudo, esse método não apresenta uma população de base evidente e, do ponto de vista quantitativo, o uso de UPG não se justifica, uma vez que se assume que a variância genética não é alterada, seja por desvios seja por seleção (Bermann et al., 2023).

Segundo Legarra et al. (2015), o modelo metafundador (MF) é baseado no modelo de UPG e é visto como uma possível solução para problemas relacionados à falta de pedigree no ssGBLUP. O MF tem como objetivo proporcionar a compatibilidade entre as matrizes genômica e de pedigree, abrangendo não apenas animais de uma população relacionada, mas também raças e linhagens. Esses autores descrevem metafundadores como (pseudo)indivíduos adicionados ao pedigree como fundadores de uma determinada população base, que mantêm a associação dentro da população, fundamentando adequadamente a teoria da avaliação genômica.

Conforme mencionado anteriormente, o método de melhor preditor linear genômico não viesado de passo único (ssGBLUP) possibilita incluir na análise as informações de pedigree, fenótipo e genótipo (Legarra et al., 2009), sendo um método baseado na inversa da matriz de relacionamento (H^{-1}), que é uma função da matriz de pedigree (A) e da matriz genômica (G) (Baccino et al., 2017) (Equação 3):

$$H = \begin{pmatrix} A_{11} - A_{12} A_{22}^{-1} A_{21} + A_{12} A_{22}^{-1} G A_{22}^{-1} A_{21} & A_{12} A_{22}^{-1} G \\ G A_{22}^{-1} A_{21} & G \end{pmatrix} \quad (3)$$

em que

H = matriz de relacionamento resultante que combina as informações de pedigree e as informações genômicas.

G = matriz de relacionamento genômico.

A = matriz de relacionamento baseada em pedigree.

A_{11} , A_{12} , A_{21} , A_{22} = submatrizes de A com indicação 1 e 2, indicando indivíduos não genotipados e genotipados, respectivamente.

Com inversa (Equação 4):

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix} \quad (4)$$

em que

H = matriz inversa de parentesco considerando informações de animais somente com fenótipos, com genótipos e fenótipos ou apenas com genótipos.

A^{-1} = matriz dos coeficientes de parentesco para todos os animais com base no pedigree.

G^{-1} = matriz de relação inversa de animais genotipados.

A_{22}^{-1} = matriz de parentesco para os animais que possuem genótipo conhecido.

Baccino et al. (2017), ao trabalharem com a simulação de uma população sob seleção, concluíram que o uso de metafundadores

permite uma definição clara de relações genômicas em uma população, visto que essas relações não são dependentes de um pedigree inteiramente completo ou de alterações nas frequências alélicas à medida que novas informações são incorporadas. Além disso, os mesmos autores identificaram que a utilização de MF no ssGBLUP promoveu a obtenção de avaliações genéticas mais precisas e menos tendenciosas, além da estimação de parâmetros genéticos consistentes.

Em pesquisa realizada por Masuda et al. (2022), foi concluído que o modelo MF é uma solução eficiente para situações em que há falta de pedigree, constituindo uma opção para avaliações multirraciais de raças puras e animais mestiços. Os pesquisadores ressaltam que esse é um método eficaz para estimar o GEBV de animais jovens com pais desconhecidos. Macedo et al. (2020), ao trabalharem com ovelhas leiteiras utilizando MF e grupos de pais desconhecidos, observaram menores vieses quando os MF foram incorporados em análises com pedigree ausente.

Em estudo realizado por Junqueira et al. (2017), que focou em avaliar o impacto do uso de metafundadores na estimativa de GEBVs para resistência a carrapatos em uma população multirracial, foram encontrados menores níveis de viés e erro padrão ($0,89 \pm 0,19$) em comparação ao modelo baseado no pedigree ($0,76 \pm 0,46$) para a raça Hereford. Entretanto, para a raça Braford, o BLUP foi menos tendencioso, com o modelo baseado em MF ainda apresentando o menor erro padrão.

Segundo Porto-Neto et al. (2013), populações de diferentes raças apresentam fundadores comuns, o que sugere que o uso de MF no melhoramento genético animal pode ser útil para reduzir o viés e aumentar a confiabilidade e a acurácia das predições genômicas. É importante ressaltar que o uso de uma metapopulação associada aos seus MF na predição genômica para características qualitativas, bem como o caráter mocho em bovinos das raças Nelore e Brahman, pode trazer benefícios, uma vez que, devido ao relacionamento genético entre ambas as raças, elas tendem a ter ancestrais em comum.

Estudo de associação genômica ampla (GWAS)

Estudos de associação genômica ampla (GWAS) vêm sendo realizados para diversas características de interesse econômico, com vistas à busca por variantes genéticas associadas às suas expressões fenotípicas e à consequente compreensão da arquitetura biológica dessas características (Jaton et al., 2016). A aplicação desta metodologia ocorreu pela primeira vez em 1996 por Risch, sendo considerada uma abordagem genética inteligente e poderosa na identificação de marcadores genéticos associados a diferentes características complexas (Risch; Merikangas, 1996).

Segundo Rocha et al. (2023), esses estudos são fundamentados no desequilíbrio de ligação (DL) entre marcadores moleculares e variantes causais, que, quando em DL, tendem a apresentar maior densidade nos painéis de marcadores. Em bovinos, o GWAS é realizado em nível de painéis de marcadores SNPs de alta densidade espalhados por todo o genoma (Lemos et al., 2016).

A maioria das características de interesse econômico é de origem quantitativa, ou seja, apresenta influência de diversos genes que desempenham pequenos efeitos. Esses genes são distribuídos em loci por toda a extensão do genoma e são intitulados como loci de características quantitativas (QTLs) (Meuwissen et al., 2001). Nesse sentido, a genotipagem de marcadores do tipo SNP permitiu aos pesquisadores novas possibilidades para a identificação desses QTLs presentes em todo o genoma, evidenciando os QTLs que estão em DL, assim como os genes candidatos e as mutações causais (Berg; Coop, 2013).

O primeiro modelo desenvolvido para explicar a herança do caráter mocho foi proposto por Bateson e Saunders (1902), sendo considerado a primeira característica identificada em bovinos que expressa herança mendeliana e completamente dominante para a condição mocha. A partir daí, diversos trabalhos têm sido realizados com o

objetivo de mapear marcadores para o caráter mocho em diferentes raças (Georges et al., 1993; Harlizius et al., 1997; Schmutz et al., 1995; Brenneman et al., 1996; Asai et al., 2004; Mariasegaram et al., 2012; Medugorac et al., 2012; Seichter et al., 2012; Rothhammer et al., 2014; Medugorac et al., 2017; Stafuzza et al., 2018; Utsunomiya et al., 2019; Gehrke et al., 2020), conforme demonstrado na Tabela 1.

Alguns autores fundamentaram a herança do caráter mocho em apenas um locus presente no cromossomo 1, por meio de pelo menos quatro alelos que o definem, sendo todos autossômicos dominantes (Long; Gregory, 1978; Medugorac et al., 2017). Schafberg e Swalve (2015) citam em seu trabalho a existência de pelo menos dois tipos de mutações localizadas no cromossomo BTA01 que provocam o caráter mocho: “Céltico”, descrito como uma duplicação de 212 pb (1.705.834–1.706.045 pb) em vez de uma exclusão de 10 pb (1.706.051–1.706.060 pb), e “Frisean”, definido como uma duplicação de 80.128 pb (1.909.352–1.989.480 pb), ambas comuns em raças bovinas europeias.

Utsunomiya et al. (2019), a partir da definição e sequenciamento do genoma de três descendentes (avô, pai e prole) do primeiro touro Nelore mocho registrado no Brasil (Caburey) e de um touro padrão (com chifres), identificaram uma variante para o caráter mocho, nomeada Guarani (PG). Segundo Grobler et al. (2021), esse caráter apresenta herança complexa e diferentes expressões fenotípicas, o que representa um grande desafio no mapeamento e identificação do locus e dos fenômenos que interferem em sua expressão fenotípica. Portanto, é fundamental obter registros fenotípicos precisos dentro das raças, associados a registros de pedigree de pelo menos três gerações consecutivas.

Adicionalmente, Asai et al. (2004) relatam que a presença de estruturas similares a chifres, como calos e batoques, dificulta o entendimento da herança do caráter mocho. Neste estudo, utilizando marcadores microssatélites, os autores mapearam a localização genômica do batoque no cromossomo 19 (BTA19) e destacaram a influência do sexo na expressão fenotípica desta estrutura, onde o alelo Sc é dominante em machos e recessivo em fêmeas (Stafuzza et al., 2018).

Tabela 1. Estudos GWAS para o caráter mocho em bovinos.

Autor e ano	População estudada	Principal resultado
Georges et al. (1993)	Hereford x Shorthorn, South Devon e Saler.	Locus mocho mapeado para o cromossomo 1 bovino (BTA1) nas posições 1.693.164–2.018.403.
Schmutz et al. (1995)	Charolês.	Ligação completa entre cada um dos marcadores microssatélites TGLA49 (DIS14), BM6438 (DIS24) e o gene do caráter mocho.
Brenneman et al. (1996)	F2 Angus x Brahman.	Locus mocho localizado a 4,9 cM do marcador TGLA49.
Asai et al. (2004)	Limousin, Simental, Blonde d'Aquitaine, Charolês, Aberdeen Angus, Hereford e Belgian Blue.	Locus de "cicatrizes" mapeado no cromossomo bovino BTA19.
Drogemuller et al. (2005)	Fleckvieh Alemão, Pinzgauer, Holstein Alemão, Limousin, Shorthorn e Charolês	Refinamento do locus mocho no cromossomo BTA1.
Mariasegaram et al. (2012)	Brahman, Hereford, Aberdeen Angus, Limousin, Brangus, Droughtmaster e Santa Gertrudis.	O alelo 303 do marcador CSAFG29, apresenta forte associação com o alelo do caráter mocho, além de evidências de que o fenótipo de "cicatrizes" ocorre em animais heterozigotos para o alelo do caráter mocho.

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Autor e ano	População estudada	Principal resultado
Medugorac et al. (2012)	Norwegian Red, Fjall cattle, Highland cattle, Galloway, German Angus, Hereford, Jersey, Holstein – Friseam, Red – Hols-tein, Witrug, Blan Bleu Belge, Glenvieh, German Fleckvieh, Pinzgauer cattle, Braunvieh, Murau – Werdenseiser, Vorde-rwaeider, Limousin, Charolés, Blonde d'Aquitaine, Sayaguesa Cattle, Barrosã, Maronesa, Istrian Podolian, Pannonian Podolian, Lek Bibaj Cattle, Prespa Cattle, Anatolian Black e Wagyu Cattle (Japan).	Deteção de cinco mutações pontuais nas posições 1.654.405 (GRA), 1.655.463 (CRT), 1.671.849 (TRG), 1.680.646 (TRC) e 1.768.587 (GRA) que segregam como um haplótipo de 260 kb associado ao caráter mocho e identificação do alelo de origem Celta (PC).
Seichter et al. (2012)	Galloway, Aberdeen Angus, Fleckvieh, Holstein Friesian, londe d'Aquitaine, Charolais, Hereford, Jersey, Limousin, elgian Blue, Fleckvieh, Holstein Friesian e Illyrian Busa.	Bloco de haplótipos associado ao caráter mocho homozigotos, compartilhado composto por nove SNPs vizinhos com intervalo de 381 kb no BTA1.
Rothhammer et al. (2014)	Holstein-Friesian.	Mutação P80kbID como mutação causal mais provável para o fenótipo mocho de origem Frísia (PF).

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Autor e ano	População estudada	Principal resultado
Medugorac et al. (2017)	laques (<i>Bos grunniens</i>).	Mutação associada ao fenótipo mocho originário do gado Turano da Mongólia (PM) em uma região de 800 kb em BTA1.
Stafuzza et al. (2018)	Nelore.	Associação de uma região centromérica do cromossomo 1 (BTA1: 878.631–3.987.104 pb) à ausência de chifres .
Utsunomiya et al. (2019)	Nelore.	Identificação da variante mocho denominada Guarani (PG).
Gehrke et al. (2020)	Holstein-Friesian.	Identificação de quatro loci que afetam no desenvolvimento de cicatrizes, um no BTA5 e três no BTA12. Além de associações sugestivas no BTA16, 18 e 23.

Gehrke et al. (2020) identificaram quatro loci significativos em todo o genoma que afetam o desenvolvimento de batoques: um no cromossomo BTA5 e três no cromossomo BTA12. Além disso, os mesmos autores detectaram associações sugestivas para este fenótipo nos cromossomos BTA16, 18 e 23, enfatizando a influência do sexo sobre a expressão fenotípica desse caráter. No entanto, os resultados ainda são indefinidos (Capitan et al., 2009).

Outro desafio na definição da verdadeira arquitetura biológica do caráter mocho é seu padrão de herança dominante, dado que animais homozigotos e heterozigotos são comumente avaliados fenotipicamente, o que tende a prejudicar a definição precisa do processo de seleção para essa característica (Mariasegaram et al., 2012). Portanto, a classificação prévia de progênies mochas com progenitores padrão deve ser um dos alicerces no processo de avaliação.

Novas ações na seleção do caráter mocho na raça Brahman no Brasil

A herança genética da ausência e presença de chifres e cicatrizes tem sido estudada desde o século XX (Bateson; Saunders, 1902; White; Ibsen, 1936). Compreender o padrão genético e biológico que influencia as diferentes expressões fenotípicas representou um desafio para os primeiros pesquisadores devido à relação epistática entre o locus mocho e outros loci que interferem na determinação desses fenótipos (Aldersey et al., 2020).

Além disso, mesmo com a subsequente identificação de variantes genéticas associadas à ausência de chifres (Medugorac et al., 2012; Rothammer et al., 2014; Medugorac et al., 2017; Utsunomiya et al., 2019), a arquitetura genética para a definição dessa característica ainda permanece indeterminada, especialmente no que diz respeito a bovinos de origem zebuína. Neste sentido, e considerando a

demanda dos criadores por ferramentas fidedignas na identificação e seleção de animais Nelore Mocho, a ANCP, em conjunto com fazendas colaboradoras, vem realizando um trabalho estratégico de coleta de fenótipos e análises genômicas consistentes para o desenvolvimento de uma DEP genômica para o caráter mocho, que expressa a probabilidade de um indivíduo transmitir o fenótipo mocho às suas progênes. Dessa forma, busca-se potencializar a seleção, aumentar a variabilidade genética dos rebanhos e, conseqüentemente, elevar o ganho genético do Nelore Mocho (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, 2024).

Atualmente, a ANCP conta com um banco de dados genômicos e de pedigree de cerca de 53 mil touros e 1,3 milhão de matrizes da raça Nelore, dos quais 27 mil animais são fenotipados para essa característica. De maneira semelhante, os estudos estão sendo conduzidos para a raça Brahman, para a qual ainda não existem metodologias de coleta e avaliação publicadas para esse caráter, sendo este um dos objetivos contemplados no presente estudo. A raça Brahman possui um banco de dados de cerca de 7 mil touros e 68 mil matrizes, entre os quais 2.059 animais apresentam informações válidas para essa característica. Atualmente, foi verificada uma frequência relativa de 5% de animais mochos nessa raça.

As análises estatísticas envolvendo a predição genômica para a raça Brahman, com o uso de uma população multirracial e meta-fundadores, compreendendo bovinos Nelore e Brahman, viabilizam o conhecimento do comportamento biológico e genético do desenvolvimento de chifres nessa raça. Dado que a raça Nelore apresenta um volume de dados genotípicos e fenotípicos cerca de dezoito vezes maior do que a raça Brahman, ela contribuiu para a formação genética da segunda raça, adicionando, portanto, consistência e robustez nas análises de predição genômica para o caráter mocho.

Considerações finais

A seleção de zebuínos da raça Brahman, naturalmente mochos, é de grande importância para a pecuária de corte nacional, uma vez que se observa uma elevação na procura e utilização de animais mochos neste meio produtivo. Ficam evidentes os benefícios econômicos associados à redução de práticas dolorosas de descorna, resultando em uma melhor condição de bem-estar para os animais. Sendo assim, compreender o comportamento biológico dessa característica, com o objetivo de elucidar seu padrão de herança, é fundamental para o aumento da incidência de alelos mochos em uma população.

Nesse contexto, o uso da tecnologia de avaliação genômica multirracial associada a metafundadores pode ser visto como uma ferramenta eficaz para difundir esse caráter, utilizando uma população da raça Nelore, que possui um maior tamanho amostral, como referência para a raça Brahman. Isso leva à obtenção de predições com confiabilidade acentuada e menores níveis de viés. Essa ferramenta facilitará a identificação de animais com maior probabilidade de produzir progênes mochas, promovendo um novo meio para produzir animais zebuínos adaptados às condições tropicais de criação, com bom desempenho produtivo e naturalmente mochos.

Adicionalmente, ao considerar a raça Brahman, a identificação de animais naturalmente mochos por determinação genética é fundamental para o crescimento desta raça em âmbito nacional, proporcionando uma vantagem competitiva ao gerar facilidades de manejo, redução de lesões e hematomas, além de melhores condições de bem-estar para os animais e de segurança para os colaboradores. Essas práticas estão alinhadas com as diretrizes de bem-estar animal em nível internacional, visando uma moderna pecuária de corte.

Referências

AFFELDT, D. M.; CAMARGO, S. S. Braface: desenvolvimento de aplicação de suporte a avaliação visual de bovinos Braford. In: SALÃO INTERNACIONAL DE ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO – SIEPE, 9., 2017, Santana do Livramento. **O conhecimento vai além das fronteiras: anais...** Santana do Livramento: Universidade Federal do Pampa, 2017.

ALDERSEY, J. E.; SONSTEGARD, T. S.; WILLIAMS, J. L.; BOTTEMA, C. D. K. Understanding the effects of the bovine POLLED variants. **Animal Genetics**, v. 51, Issue 2, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12915>.

AMARAL, T.; SERENO, J.; PELLEGRIN, A. **Fertilidade, funcionalidade e genética de touros zebuínos**. Embrapa Cerrados, 2009. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/854676/fertilidade-funcionalidade-e-genetica-de-touros-zebuinos-2009>. Acesso em: 20 jan. 2024.

AMERICAN BRAHMAN BREEDERS ASSOCIATION (ABBA). **Why Brahman**. 2020. Disponível em: <https://brahman.org/about/why-brahman/>. Acesso em: 20 jan. 2024.

ASAI, M.; BERRYERE, T. G.; SCHMUTZ, S. M. The scurs locus in cattle maps to bovine chromosome 19. **Animal Genetics**, v. 35, p. 34-39, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2003.01079.x>.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS (ABIEC). **Beef Report: Perfil da pecuária no Brasil**. Brasília, DF, 2023. Disponível em: <https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2023/>. Acesso em: 15 jul. 2024.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE ZEBU (ABCZ). **Nelore**, nov. 2017. Disponível em: <http://www.zebu.org.br/Home/Conteudo/13038-Nelore>. Acesso em: 20 jan. 2024.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE ZEBU (ABCZ). **Raças Zebuínas: Nelore / Nelore Mocho**, 2021. Disponível em: <https://www.abcz.org.br/>

org.br/a-abcz/racas-zebuinas/raca/8/nelore---nelore-mocho. Acesso em: 20 jan. 2024.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE ZEBU (ABCZ).

Revista ABCZ, Uberaba, edição 117, p. 13, jun. 2022. Disponível em: https://issuu.com/revista_abcz/docs/revistaabcz_117. Acesso em: 20 jan. 2024.

ASSOCIAÇÃO DE CRIADORES DE BRAHMAN DO BRASIL (ACBB).

A História da Raça Brahman. 2012. Disponível em: <http://www.brahman.com.br/index.php/raca-brahman/a-historia-da-raca-brahman.html>. Acesso em: 20 jan. 2024.

ASSOCIAÇÃO NACIONAL DE CRIADORES E PESQUISADORES (ANCP).

Manual de coleta de dados: Caráter mocho. 2023. Disponível em: https://www.ancp.org.br/wp/wp-content/uploads/2023/01/Manual-Cara%CC%81ter-Nelore-Mocho_20012023.pdf. Acesso em: 20 jan. 2024.

ASSOCIAÇÃO NACIONAL DE CRIADORES E PESQUISADORES (ANCP).

Sumário de touros das raças Nelore, Guzerá, Brahman e Tabapuã. Ribeirão Preto: ANCP, 2017. Disponível em: https://www.ancp.org.br/wp/wp-content/uploads/2023/08/Suma%CC%81rio-ANCP-2023_230823.pdf. Acesso em: 20 jan. 2024.

ASSOCIAÇÃO NACIONAL DE CRIADORES E PESQUISADORES (ANCP).

Nova ferramenta: Dep Mocho. 2024. Disponível em: <https://www.ancp.org.br/nova-ferramenta-dep-mocho/>. Acesso em: 20 jan. 2024.

BACCINO, C. A. G.; LEGARRA, A.; CHRISTENSEN, O. F.; MISZTAL, I.; POCRNIC, I.; VITEZICA, Z. G.; CANTET, R. J. C. Metafounders are related to F_{st} fixation indices and reduce bias in single-step genomic evaluations.

Genetics Selection Evolution, v. 49, n. 1, 2017.

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0309-2>.

BACO, S.; ZULKHARNAIM, MALAKA, R.; MOEKTI, G. R. Polled Bali Cattle and Potentials for the Development of Breeding Industry in Indonesia.

Hasanuddin Journal of Animal Science, v. 2, n. 1, 2020.

DOI: <https://doi.org/10.20956/hajas.viNo%201.11345>.

BARROS, I. C. de; MOTA, R. R.; SILVA, L. P. da; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C. H. M. Avaliação genética do crescimento de bovinos Nelore Mocho, por meio de modelos de multicaudalísticas. **Revista Ceres**, v. 65, n. 5, p. 402-406, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/0034-737x201865050004>.

BATESON, W.; SAUNDERS, E. R. The facts of heredity in the light of Mendel's Discovery. **Reports to the Evolution Committee of the Royal Society**, v. 1, p. 125-160, 1902.

BERG, J. J.; COOP, G. The Population Genetic Signature of Polygenic Local Adaptation. **Plos Genetics**, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004412>.

BERMANN, M.; AGUILAR, I.; LOURENCO, D.; MISZTAL, I.; LEGARRA, A. Reliabilities of estimated breeding values in models with metafounders. **Genetics Selection Evolution**, v. 55, n. 1, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00778-2>.

BIR, C.; WIDMAR, N. O.; THOMPSON, N. M.; TOWNSEND, J.; WOLF, C. A. US respondents' willingness to pay for Cheddar cheese from dairy cattle with different pasture access, antibiotic use, and dehorning practices. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 4, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17031>.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v. 79, n. 8, 2001. DOI: <https://doi.org/10.2527/2001.7982023x>.

BORDIN TEMP, L.; BRUNES, L. C.; PEREIRA, L. S.; AMORIM, S. T.; MAGNABOSCO, C. U.; LÔBO, R. B.; BRITO, O. C.; VIACAVA, R.; BALDI, F. Effect of Genetic and Sex Effect on Genomic Prediction for Horn Development in Nellore Cattle. **Livestock Science**, v. 284, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2024.105478>.

BRENNEMAN, R. A.; DAVIS, S. K.; SANDERS, J. O.; BURNS, B. M.; WHEELER, T. C.; TURNER, J. W.; TAYLOR, J. F. The polled locus maps to BTA1 in a *Bos indicus* x *Bos taurus* cross. **Journal of Heredity**, v. 87, n. 2, 1996. DOI: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a022975>.

CALUS, M. P. L.; GODDARD, M. E.; WIENTJES, Y. C. J.; BOWMAN, P. J.; HAYES, B. J. Multibreed genomic prediction using multitrait genomic residual maximum likelihood and multitask Bayesian variable selection. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 5, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13366>.

CAPITAN, A.; GROHS, C.; GAUTIER, M.; EGGEN, A. The scurs inheritance: new insights from the French Charolais breed. **BMC Genetics**, v. 10, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2156-10-33>.

CARVALHO, V. H.; PINTO, S. C. C.; DO CARMO, R. B. Impacto da utilização das biotécnicas da reprodução animal e o melhoramento genético na pecuária de corte. **Pubvet**, v. 17, n. 8, 2023. DOI: <https://doi.org/10.31533/pubvet.v17n8e1427>.

CENTRO DE REFERÊNCIA DA PECUÁRIA BRASILEIRA (CRPBZ) – ZEBU. **Zebuicultura**, 2015. Disponível: <http://www.zebu.org.br/Home/Conteudo/13038-Nelore>. Acesso em: 20 jan. 2024.

CESARANI, A.; LOURENCO, D.; TSURUTA, S.; LEGARRA, A.; NICOLAZZI, E. L.; VANRADEN, P. M.; MISZTAL, I. Multibreed genomic evaluation for production traits of dairy cattle in the United States using single-step genomic best linear unbiased predictor. **Journal of Dairy Science**, v. 105, n. 6, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2021-21505>.

CHIAIA, H. L. J. **Seleção Genômica para a composição de ácidos graxos da carne em bovinos Nelore**. 2017. 79 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo.

COSTA, R. M. **Uso de informação genômica para estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento e carcaça em bovinos Nelore**. 2019. 61 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo.

DAETWYLER, H. D.; SWAN, A. A.; VAN DER WERF, J. H.; HAYES, B. J. Accuracy of pedigree and genomic predictions of carcass and novel meat quality traits in multi-breed sheep data assessed by cross-validation.

Genetics Selection Evolution, v. 44, n. 1, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-33>.

DROGEMULLER, C.; WOHLKE, A.; MOMKE, S.; DISTL, O. Fine mapping of the polled locus to a 1-Mb region on bovine chromosome 1q12. **Mammalian Genome**, v. 16, p. 613-620, 2005. DOI: [10.1007/s00335-005-0016-0](https://doi.org/10.1007/s00335-005-0016-0).

ESPIGOLAN, R.; BALDI, F.; BOLIGON, A. A.; SOUZA, F. R. P.; GORDO, D. G. M.; TONUSSI, R. L.; CARDOSO, D. F.; OLIVEIRA, H. N.; TONHATI, H.; SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F. S.; CARVALHEIRO, R.; FERRO, J. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Study of whole genome linkage disequilibrium in Nelore cattle. **BMC Genomics**, v. 14, n. 1, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-305>.

EVANGELISTA, A. F.; CAVALCANTE, D. H.; FONSECA, W. J. L.; BARROS JUNIOR, C. P.; CAMPELO, J. E. G.; SOUSA JÚNIOR, S. C. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 263, 2019. DOI: <https://doi.org/10.21071/az.v68i263.4206>.

FAÇANHA, D. A. E.; LEITE, J. H. G. M.; SOUSA, J. E. F.; FERREIRA, J. B.; COSTA, W. P.; VALENTE, F. L. J.; ASENGIO, L. A. B. Phenotypic selection of Brahman bulls: Adaptive typification for breeding programs. **Journal of Thermal Biology**, v. 93, p. 102736, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2020.102736>.

FARIA, C. U. de; MAGNABOSCO, C. de U.; REYES, A. de LOS, LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v. 8, n. 1, p. 75-86, 2007. DOI: <https://doi.org/10.5216/cab.v8i1.1161>.

FAVERO, R.; MIZUBUTI, I. Y.; GOMES, R. C.; RIBEIRO, E. L. A.; PEREIRA, E. S.; PRADO-CALIXTO, O. P. P.; MASSARO JÚNIOR, F. L.; SANTOS, A. P. S. Relationships between residual feed intake and feedlot performance, profitability, and carcass traits in Brahman cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 70, n. 2, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4162-9526>.

GEHRKE, L. J.; CAPITAN, A.; SCHEPER, C.; KÖNIG, S.; UPADHYAY, M.; HEIDRICH, K.; RUSS, I.; SEICHTER, D.; TETENS, J.; MEDUGORAC, I.; THALLER, G. Are scurs in heterozygous polled (Pp) cattle a complex quantitative trait? **Genetics Selection Evolution**, v. 52, n. 1, 2020.

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-020-0525-z>.

GEORGES, M.; DRINKWATER, R.; KING, T.; MISHRA, A.; MOORE, S. S.; NIELSEN, D.; SARGEANT, L. S.; SORESENSEN, A.; STEELE, M. R.; ZHAO, X.; WOMACK, J. E.; HETZEL, J. **Nature Genetics**, v. 4, n. 2, 1993.

DOI: <https://doi.org/10.1038/ng0693-206>.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian Methods in Animal Breeding Theory. **Journal of Animal Science**, v. 63, n. 1, 1986. DOI: <https://doi.org/10.2527/jas1986.631217x>.

GODDARD, M. Genomic selection: Prediction of accuracy and maximisation of longterm response. **Genetica**, v. 136, n. 2, p. 245-257, 2009.

DOI: <https://doi.org/10.1007/s10709-008-9308-0>.

GROBLER, R.; VAN MARLE-KÖSTER, E.; VISSER, C. Challenges in selection and breeding of polled and scur phenotypes in beef cattle. **Livestock Science**, v. 247, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104479>.

HALEY, C. S.; VISSCHER, P. M. Strategies to Utilize Marker-Quantitative Trait Loci Associations. **Journal of Dairy Science**, v. 8, suppl. 2, 1998.

DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(98\)70157-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)70157-2).

HARLIZIUS, B.; TAMMEN, I.; EICHLER, K.; EGGEN, A.; HETZEL, D. J. S. New markers on bovine Chromosome 1 are closely linked to the polled gene in Simmental and Pinzgauer cattle. **Mammalian Genome**, v. 8, n. 4, 1997.

DOI: <https://doi.org/10.1007/s003359900404>.

HAYES, B. J.; BOWMAN, P. J.; CHAMBERLAIN, A. C.; VERBYLA, K.; GODDARD, M. E. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, 2009.

DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-51>.

HENDERSON, C. R. Theoretical Basis and Computational Methods for a Number of Different Animal Models. **Journal of Dairy Science**, v. 71, 1988. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0022-0302\(88\)79974-9](https://doi.org/10.1016/S0022-0302(88)79974-9).

HENDERSON, C. R. **Selection index and expected genetic advance**. In: Statistical Genetics and Plant Breeding, 1963.

HOZÉ, C. S.; FRITZ, F.; PHOCAS, D.; BOICHARD, V.; DUCROCQ, P. Efficiency of multi-breed genomic selection for dairy cattle breeds with different sizes of reference population. **Journal Dairy Science**, v. 97, p. 3918-3929, 2014. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7761>.

HUANG, C. H.; FURUKAWA, K.; KUSABA, N.; BABA, T.; KAWAKAMI, J.; HAGIYA, K. Genetic parameters for novel mastitis traits defined by combining test-day somatic cell score and differential somatic cell count in the first lactation of Japanese Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 107, n. 6, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24399>.

JATON, C.; KOECK, A.; SARGOLZAEI, M.; MALCHIODI, F.; PRICE, C. A.; SCHENKEL, F. S.; MIGLIOR, F. Genetic analysis of superovulatory response of Holstein cows in Canada. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 5, 2016. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10349>.

JOHNSTON, S. E.; MCEWAN, J. C.; PICKERING, N. K.; KIJAS, J. W.; BERARDI, D.; PILKINGTON, J. G.; PEMBERTON, J. M.; SLATE, J. Genome-wide association mapping identifies the genetic basis of discrete and quantitative variation in sexual weaponry in a wild sheep population. **Molecular Ecology**, v. 20, n. 12, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05076.x>.

JUNQUEIRA, V. S.; CARDOSO, F. F.; OLIVEIRA, M. M.; SOLLERO, B. P.; SILVA, F. F.; LOPES, P. S. Use of molecular markers to improve relationship information in the genetic evaluation of beef cattle tick resistance under pedigree-based models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 134, n. 1, p. 14-26, Feb. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbg.12239>.

KLUSKA, S.; OLIVIERI, B. F.; BONAMY, M.; CHIAIA, H. L. J.; FEITOSA, F. L. B.; BERTON, M. P.; PERIPOLLI, E.; LEMOS, M. V. A.; TONUSSI, R. L.; LÔBO, R. B.; MAGNABOSCO, C. DE U.; DI CROCE, F.; OSTERSTOCK, J.; PEREIRA, A. S. C.; MUNARI, D. P.; BEZERRA, L. A.; LOPES, F. B.;

BALDI, F. Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**, v. 216, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.08.015>.

KOUFARIOTIS, L.; HAYES, B. J.; KELLY, M.; BURNS, B. M.; LYONS, R.; STOTHARD, P.; CHAMBERLAIN, A. J.; MOORE, S. Sequencing the mosaic genome of Brahman cattle identifies historic and recent introgression including polled. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-35698-5>.

LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, 2009. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2061>.

LEGARRA, A.; CHRISTENSEN, O. F.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Single Step, a general approach for genomic selection. **Livestock Science**, v. 166, n. 1, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.04.029>.

LEGARRA, A.; CHRISTENSEN, O. F.; VITEZICA, Z. G.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Ancestral Relationships Using Metafounders: Finite Ancestral Populations and Across Population Relationships. **Genetics**, v. 200, p. 455-468, 2015. DOI: [10.1534/genetics.115.177014](https://doi.org/10.1534/genetics.115.177014).

LEMONS, M. V. A.; CHIAIA, H. L. J.; BERTON, M. P.; FEITOSA, F. L. B.; ABOUJAOU, C.; CAMARGO, G. M. F.; PEREIRA, A. S. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; FERRINHO, A. M.; MUELLER, L. F.; MAZALLI, M. R.; FURLAN, J. J. M.; CARVALHEIRO, R.; GORDO, D. M.; TONUSSI, R.; ESPIGOLAN, R.; SILVA, R. M. de O.; de OLIVEIRA, H. N.; DUCKETT, S.; BALDI, F. Genome-wide association between single nucleotide polymorphisms with beef fatty acid profile in Nelore cattle using the single step procedure. **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-016-2511-y>.

LONG, C. R.; GREGORY, K. E. Inheritance of the horned, scurred, and polled condition in cattle. **Journal of Heredity**, v. 69, n. 6, 1978. DOI: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a108980>.

LUND, M. S.; DE ROOS, A. P.; DE VRIES, A. G.; DRUET, T.; DUCROCQ, V.; FRITZ, S.; GUILLAUME, F.; GULDBRANDTSEN, B.; LIU, Z.; REENTS, R.;

SCHROOTEN, C.; SEEFRIED, F.; SU, G. A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. **Genetics Selection Evolution**, v. 43, n. 1, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-43>.

MACEDO, F. L.; CHRISTENSEN, O. F.; ASTRUC, J. M.; AGUILAR, I.; MASUDA, Y.; LEGARRA, A. Bias and accuracy of dairy sheep evaluations using BLUP and SSGBLUP with metafounders and unknown parent groups. **Genetics Selection Evolution**, v. 52, n. 1, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00567-1>.

MA, H.; LI, H.; GE, F.; ZHAO, H.; ZHU, B.; ZHANG, L.; GAO, H.; XU, L.; LI, J.; WANG, Z. Improving Genomic Predictions in Multi-Breed Cattle Populations: A Comparative Analysis of BayesR and GBLUP Models. **Genes**, v. 15, n. 2, p. 253, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes15020253>.

MARIASEGARAM, M.; HARRISON, B. E.; BOLTON, J. A.; TIER, B.; HENSHALL, J. M.; BARENDSE, W.; PRAYAGA, K. C. Fine-mapping the POLL locus in Brahman cattle yields the diagnostic marker CSAFG29. **Animal Genetics**, v. 43, n. 6, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02336.x>.

MARQUES, D. da C. **Criação de Bovinos**. 6. ed. São Paulo: Nobel, 1988. 664 p.

MASUDA, Y.; VANRADEN, P. M.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D. A. L.; MISZTAL, I. Invited review: Unknown-parent groups and metafounders in single-step genomic BLUP. **Journal of Dairy Science**, v. 105, Issue 2, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20293>.

MEDUGORAC, I.; SEICHTER, D.; GRAF, A.; RUSS, I.; BLUM, H.; GÖPEL, K. H.; ROTHAMMER, S.; FÖRSTER, M.; KREBS, S. Bovine polledness - an autosomal dominant trait with allelic heterogeneity. **PLoS ONE**, v. 7, n. 6, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039477>.

MEDUGORAC, I.; GRAF, A.; GROHS, C.; ROTHAMMER, S.; ZAGDSUREN, Y.; GLADYR, E.; ZINOVIEVA, N.; BARBIERI, J.; SEICHTER, D.; RUSS, I.; EGGEN, A.; HELLENTHAL, G.; BREM, G.; BLUM, H.; KREBS, S.; CAPITAN, A. Whole-genome analysis of introgressive hybridization and

characterization of the bovine legacy of Mongolian yaks. **Nature Genetics**, v. 49, n. 3, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.3775>.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, n. 4, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>.

OLIVEIRA, I. P. P.; MACIEL, S. V. S. A.; CARVALHO, C. V. D.; COSTA, R. B.; DE CAMARGO, G. M. F. Economic considerations of breeding for polledness versus disbudding in beef cattle. **Tropical Animal Health and Production**, v. 55, n. 6, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03789-9>.

OLIVEIRA, J. H. F.; MAGNABOSCO, C. U.; BORGES, A. M. S. **Nelore**: base genética e seletiva no Brasil. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2002. 54 p. Disponível em: <https://www.embrapa.br/cerrados/busca-de-publicacoes/-/publicacao/566499/nelore-base-genetica-e-evolucao-seletiva-no-brasil>. Acesso em: 20 jan. 2024.

PAIVA, J. T.; RESENDE, M. D. V.; RESENDE, R. T.; OLIVEIRA, H. R.; SILVA, H. T.; CAETANO, G. C.; LOPES, P. S.; SILVA, F. F. Herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando métodos da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana. **Archivos de Zootecnia**, v. 68, n. 263, 2019. DOI: <https://doi.org/10.21071/az.v68i263.4206>.

PEREIRA, C.; FARIA, C. U.; LÔBO, R. A importância da qualidade da informação na predição de valores genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 69, n. 2, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4162-8942>.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5. ed. Belo Horizonte: Imprensa UFMG, 2008. 618 p.

PORTO-NETO, L. R.; KIJAS, J. W.; REVERTER, A. The extent of linkage disequilibrium in beef cattle breeds using high-density SNP genotypes. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, n. 1, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-46-22>.

PRESTES, A. M. **Avaliação genética de uma população multirracial Angus- Nelore**. 2017. 61 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Santa Maria, Rio Grande do Sul.

POZO, O. R.; JOSÉ DI MASSO, R.; MARINI, P. R. Patrón de crecimiento durante la primera gestación de vaquillonas cruza con padre Brahman y diferente genotipo materno. **La Granja**, v. 30, n. 2, 2019.
DOI: <https://doi.org/10.17163/lgr.n30.2019.04>.

RANDHAWA, I. A. S.; BURNS, B. M.; MCGOWAN, M. R.; PORTO-NETO, L. R.; HAYES, B. J.; FERRETTI, R.; SCHUTT, K. M.; LYONS, R. E. Optimized genetic testing for polledness in multiple breeds of cattle. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 10, n. 2, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1534/g3.119.400866>.

RISCH, N.; MERIKANGAS, K. The future of genetic studies of complex human diseases. **Science**, v. 273, Issue 5281, 1996. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.273.5281.1516>.

ROCHA, R. de F. B.; GARCIA, A. O.; OTTO, P. I.; DOS SANTOS, M. G., DA SILVA, M. V. B., MARTINS, M. F., MACHADO, M. A., PANETTO, J. C. DO C.; GUIMARÃES, S. E. F. Single-step genome-wide association studies and post-GWAS analyses for the number of oocytes and embryos in Gir cattle. **Mammalian Genome**, v. 34, n. 3, 2023.
DOI: <https://doi.org/10.1007/s00335-023-10009-0>.

ROSA, A. N.; SILVA, L. A. C.; PORTO, J. C. A. **Raças Mochas: história e genética**. Campo Grande: EMBRAPA-CNPGC, 1992. 64 p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/324606>.

ROSA, A. J. de M.; YOKOO, M. J. I.; ROSA, A. do N.; MAGNABOSCO, C. de U.; SILVA, M. V. G. B.; TULLIO, R. R.; REGITANO, L. C. de A. **Análise de associação genômica para o fenótipo mocho em bovinos da raça nelore**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2020. 27 p. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1131616>. Acesso em: 20 jan. 2024.

ROTHAMMER, S.; CAPITAN, A.; MULLAART, E.; SEICHTER, D.; RUSS, I.; MEDUGORAC, I. The 80-kb DNA duplication on BTA1 is the

only remaining candidate mutation for the polled phenotype of Friesian origin. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, n. 1, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-46-44>.

SANTIAGO, A. A. **O Zebu: sua história e evolução no Brasil**. São Paulo: Secretaria da Agricultura do Estado de São Paulo, 1957.

SBARDELLA, A. P. **Estudo genômico de características de desempenho reprodutivo em bovinos da raça nelore**. 2020. 78 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo.

SCHAFBERG, R.; SWALVE, H. H. The history of breeding for polled cattle. **Livestock Science**, v. 179, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2015.05.017>.

SCHMUTZ, S. M.; MARQUESS, F. L. S.; BERRYERE, T. G.; MOKER, J. S. DNA marker-assisted selection of the polled condition in Charolais cattle. **Mammalian Genome**, v. 6, n. 10, 1995. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00354293>.

SEICHTER, D.; RUSS, I.; ROTHAMMER, S.; EDER, J.; FÖRSTER, M.; MEDUGORAC, I. SNP-based association mapping of the polled gene in divergent cattle breeds. **Animal Genetics**, v. 43, n. 5, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02302.x>.

SILVA, A. L.; BUENO, R. Atributos da carne de bovinos da raça Nelore e cruzados. **Tekhne e Logos**, v. 11, n. 1, jun. 2020.

SILVA, D. O.; SANTANA, M. L.; AYRES, D. R.; MENEZES, G. R. O.; SILVA, L. O. C.; NOBRE, P. R. C.; PEREIRA, R. J. Genetic parameters for stayability to consecutive calvings in Zebu cattle. **Animal**, v. 12, n. 9, p. 1807-1814, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1751731117003457>.

SIMON, R.; DRÖGEMÜLLER, C.; LÜHKEN, G. The Complex and Diverse Genetic Architecture of the Absence of Horns (Polledness) in Domestic Ruminants, including Goats and Sheep. **Genes**, v. 13, Issue 5, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes13050832>.

SOUSA, R. T. de; GONÇALVES, J. de L.; SANTOS, S. F. dos; FERNANDES, A. M. F.; RICCI, G. Fatores relacionados ao desenvolvimento reprodutivo em novilhas Nelore: Revisão. **Pubvet**, v. 12, n. 5, 2018. DOI: <https://doi.org/10.22256/pubvet.v12n5a82.1-10>.

STAFUZZA, N. B.; DE OLIVEIRA SILVA, R. M.; PERIPOLLI, E.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; MAGNABOSCO, C. de U.; DI CROCE, F. A.; OSTERSTOCK, J. B.; MUNARI, D. P.; LINO LOURENCO, D. A.; BALDI, F. Genome-wide association study provides insights into genes related with horn development in Nelore beef cattle. **PLoS ONE**, v. 13, n. 8, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0202978>.

STEYN, Y.; LOURENCO, D. A. L.; MISZTAL, I. Genomic predictions in purebreds with a multibreed genomic relationship matrix. **Journal of Animal Science**, v. 97, n. 11, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1093/jas/skz296>.

THOMPSON, N. M.; WIDMAR, N. O.; SCHUTZ, M. M.; COLE, J. B.; WOLF, C. A. Economic considerations of breeding for polled dairy cows versus dehorning in the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 6, 2017. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12099>.

TURCHETTO-ZOLET, A. C.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. 181 p.

USDA. **Livestock and Products**: Livestock and Products Annual. 2021. Disponível em: <https://fas.usda.gov/databrazil-livestock-and-products-annual-10>. Acesso em: 20 jan. 2024.

UTSUNOMIYA, Y. T.; TORRECILHA, R. B. P.; MILANESI, M.; PAULAN, S. de C.; UTSUNOMIYA, A. T. H.; GARCIA, J. F. Hornless Nellore cattle (*Bos indicus*) carrying a novel 110 kbp duplication variant of the polled locus. **Animal Genetics**, v. 50, n. 2, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12764>.

VAN DEN BERG, I.; MEUWISSEN, T. H. E.; MACLEOD, I. M.; GODDARD, M. E. Predicting the effect of reference population on the accuracy of within, across, and multibreed genomic prediction. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 4, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15231>.

VIACAVAL, C.; CASTANHO FILHO, E. P.; PIRES, G.; JOSAHKIAN, L. A.; BARBOSA JÚNIOR, N. S.; PINEDA, N.; FELÍCIO, P. E.; LÔBO, R. B.

Nelore: o boi ecológico que está conquistando o mundo. São Paulo: Editora Fundação Peirópolis, 2000. 107 p.

WHITE, W. T.; IBSEN, H. L. Horn inheritance in Galloway-Holstein cattle crosses. **Journal of Genetics**, v. 32, n. 1, 1936. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02982500>.

WINKELMAN, A. M.; JOHNSON, D. L.; HARRIS, B. L. Application of genomic evaluation to dairy cattle in New Zealand. **Journal of Dairy Science**, v. 98, n. 1, 2015. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8560>.

XU, L.; WANG, Z.; ZHU, B.; LIU, Y.; LI, H.; BORDBAR, F.; CHEN, Y.; ZHANG, L.; GAO, X.; GAO, H.; ZHANG, S.; XU, L.; LI, J. Theoretical evaluation of multi-breed genomic prediction in Chinese indigenous cattle. **Animals**, v. 9, n. 10, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani9100789>.

Parceria

