

DELINEAMENTO DE ESQUEMAS DE SELEÇÃO GENÔMICA PARA RESISTÊNCIA AO CARRAPATO BOVINO

DESIGN OF GENOMICS FOR CATTLE TICK RESISTANCE

Ândrea Plotzki Reis¹, Rodrigo Fagundes da Costa², Patrícia Biegelmeier³, Marcos Jun-Iti Yokoo⁴, Fernando Flores Cardoso^{4,5}

¹Mestranda do Programa de Pós- Graduação em Zootecnia – UFPel, Brasil. Bolsista CNPq. Email: andrea.plotzki@hotmail.com. ²Mestrando do Programa de Pós- Graduação em Zootecnia – UFPel, Brasil. Bolsista CAPES. ³Doutoranda Programa de Pós- Graduação em Zootecnia – UFPel, Brasil. Bolsista CAPES. ⁴Pesquisador A - Embrapa Pecuária Sul. ⁵Bolsista de Produtividade Nível 2 CNPq.

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi comparar a precisão dos índices de seleção para seleção genômica com foco na resistência ao carrapato com diferentes cenários empregando valores fenotípicos ou genômicos e verificar o número necessário de animais genotipados para a criação de um banco de dados para estimar o efeito dos marcadores (calibração). Foram considerados quatro cenários para as características e respectivos tipos de informação incluídos no índice de seleção. A resistência para carrapato (RES) foi usada como característica alvo a ser incluída em um programa de seleção, além das características já consideradas no objetivo de seleção, como peso ao desmame (PD), peso ao sobreano (PS) e escore de musculatura (MUSC). Quanto ao peso econômico foram considerados três situações para as características no objetivo de seleção: 1º) todas as quatro características tiveram um peso econômico de uma unidade monetária por desvio padrão genético do caráter; 2º) peso econômico sobre RES foi triplicado; 3º) peso econômico de 100% para RES sobre as outras características. Os resultados foram utilizados para estimar o número necessário de animais genotipados em uma calibração definida para implementar a seleção genômica com foco na resistência ao carrapato. Foi calculado o tamanho do conjunto de calibração variando das raças Braford (BO) e Hereford (HH) para cada característica com uma precisão do GEBV (r_{MG}) variando de 0,1 a 0,9. Assumindo um comprimento de genoma de 30 Morgans e um tamanho efetivo da população de 153 animais para raça BO e 220 animais para raça HH, considerando $r_{MG} = 0,5$ para RESg o número de animais no conjunto de calibragem será de 2.542 e 1.833 animais genotipados para raça BO e HH, respectivamente. Em uma situação em que um conjunto de calibragem composto de 7300 animais BO e 5300 animais HH, as precisões genômicas (g) esperadas para PDg, PSg, MUSCg e RESg para BO e HH são 0,68, 0,73, 0,77, e 0,80, respectivamente. A partir desses resultados, com uma precisão do índice de moderada a alta ($\pm 0,70$), não haveria necessidade de realizar mais contagens de carrapatos para melhorar a precisão do índice quando os animais fossem genotipados para estimar seus valores genômicos para resistência ao carrapato.

Palavras-chave: conjunto de Calibragem, índice de seleção, polimorfismo de nucleotídeo único.

ABSTRACT

The aim of this study was to compare the accuracy of selection index for genomic selection with a focus on resistance to tick with different scenarios using genomic and phenotypic values or verify the required number of animals genotyped for the creation of a database to estimate the effect of markers (calibration). We considered four scenarios for the traits and their types of information included in the selection index. Resistance to tick (RES) was used as the target trait to be included in a selection program, in addition to the traits already considered in the objective selection of weaning weight (PD), yearling weight (PS) and muscle score (MUSC).

Regarding the economic weight were considered three scenarios for the traits breeding goal: 1) all four traits had an economic burden of a monetary unit per genetic standard deviation of character, 2) economic weight on RES has tripled; 3) economic weight 100% for the RES on the other characteristics. The results were used to estimate the required number of animals genotyped in a calibration set for implementing the genomic selection focuses on resistance to tick. We calculated the size of the calibration set Braford breeds (BO) and Hereford (HH) for each feature with a precision GEBV (RMG) ranging between 0.1 to 0.9. Assuming a genome length of 30 Morgans and na effective population size of 153 animals for BO and 220 for HH, considering $r_{MG} = 0.5$ for RESg the number of animals in the calibration set will be genotyped animals 2542 and 1833 to BO and HH respectively. In a situation where a set of calibration compound 7300 animals BO and 5300 animals HH, the precision genomic (g) expected to PDg, PSd, MUSCg and RESg are 0.68, 0.73, 0.77 and 0.80, respectively. From these results, with an accuracy rate of moderate to high (± 0.70), there would be no need for tick counts to improve the accuracy of the index when the animals were genotyped to estimate their values for genomic resistance to ticks.

Keywords: set calibration, selection index, single nucleotide polymorphism.

INTRODUÇÃO

A seleção baseada nos valores genéticos preditos (expressos na forma de DEPs - Diferenças Esperadas na Progenie) tem sido muito bem sucedida, uma vez que tem permitido significativo progresso genético em várias características de interesse, como as características de crescimento e produção de leite em bovinos de corte e leite, respectivamente. Apesar do significativo avanço genético observado em algumas características produtivas (devido à facilidade de mensuração e estimativas de herdabilidade de magnitude moderadas a altas), observa-se que em outras características de importância econômica a resposta à seleção tem sido limitada, devido à possibilidade de serem medidas em apenas um dos sexos (produção de leite, por exemplo), por apresentarem baixa herdabilidade (características reprodutivas), devido a avaliações fenotípicas dispendiosas ou de difícil mensuração (como as relacionadas à qualidade de carne), ou ainda pelo fato de serem expressas apenas em fases tardias da vida do animal (como tempo de permanência da fêmea no rebanho e peso adulto da fêmea) (ZHANG et al., 2012).

De acordo com Malhado et al. (2008), para a viabilidade dos programas de melhoramento genético, é imprescindível que se conheça os diferentes fatores que interferem potencialmente na seleção e no progresso genético, como por exemplo, tamanho efetivo de população, intervalo de gerações e variabilidade genética. Estudos indicam que a resposta ótima à seleção pode ser obtida por meio da otimização desses fatores; entretanto, nem todos podem ser otimizados simultaneamente. A aplicação da seleção genômica (SG)

deverá diminuir consideravelmente os custos dos programas de melhoramento genético animal, uma vez que encurtará o intervalo entre gerações e aumentará a acurácia de seleção de animais em idade jovens (SCHAEFFER, 2006). Assim, para características que dependem de um teste de progênie ou de medidas de difícil obtenção para sua avaliação genética, por exemplo, a aplicação da SG poderá diminuir consideravelmente os custos de seleção, uma vez que encurtará o intervalo de gerações e incrementará a acurácia de seleção, sobretudo a idades jovens. Schaeffer (2006) ainda destaca as vantagens de se trabalhar com a seleção genômica comparada à seleção tradicional, demonstrando que embora a SG apresente uma menor acurácia quando comparada a um teste de progênie, o intervalo de gerações diminui para pouco mais da metade. Desta forma, o ganho genético pode ser duas vezes maior que o obtido com o teste de progênie, e os custos podem ser reduzidos em 92% dos custos atuais (SCHAEFFER, 2006; VANRADEN et al., 2009).

A inclusão da característica de resistência ao carrapato *Rhipicephalus* (Boophilus) *microplus* como critério de seleção em programas de melhoramento vem sendo estudada como uma promissora alternativa para minimizar os prejuízos inerentes ao parasitismo nos rebanhos. Com a evolução observada nos sistemas de produção, alcançada pela criação de raças mais especializadas, pelo aumento da quantidade e da qualidade de pastagens e pelo aumento nas densidades animais por unidade de área, os efeitos deletérios dos parasitismos multiplicam-se, resultando em perdas consideráveis nos sistemas produtivos (LEITE et al., 2010). Neste sentido, o carrapato *R. (B.) microplus* se destaca como um dos maiores causadores de prejuízos na criação de bovinos, tanto de carne como de leite.

O objetivo deste estudo foi comparar a precisão dos índices de seleção de uma estratégia de SG direta, com foco na resistência ao carrapato com diferentes cenários usando fenótipos correlacionados ou valor genético genômico (GEBV) e verificar o número necessário de animais genotipados com fenótipos a resistência ao carrapato para a criação de um banco de dados no intuito de estimar o efeito do marcador de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP).

MATERIAL E MÉTODOS

Cenários

Foram considerados quatro cenários diferentes para as características e respectivos tipo de informação incluído no índice de seleção. As características contempladas nesses cenários foram definidas com base nos programas de melhoramento genético selecionando para crescimento e produção. O carrapato aparece como um dos maiores causadores de prejuízos na criação de bovinos, então a característica resistência para carrapato (RES) foi usada como alvo a ser incluída no programa de seleção. As outras características no objetivo de seleção (valor genético aditivo de um touro jovem) foram: peso ao desmame (PD), peso ao sobreano (PS) e escore de musculatura (MUSC). Foram considerados três situações em relação aos pesos econômicos relativos as características no objetivo de seleção. Na primeira situação, todas as quatro características tiveram um peso econômico de uma unidade monetária por desvio padrão genético do caráter. No segundo caso, o peso sobre RES foi triplicado e no outro a característica RES teve um peso econômico de 100% sobre as outras características.

O primeiro cenário básico um índice de seleção composto por PD, PS e MUSC foi escolhido. Escore de musculatura (MUSC) é um resultado visual subjetivo, que se destina a medir a quantidade de músculo em pontos chave do corpo do animal, como o nos quartos traseiros, no lombo, na paleta e antebraço (Buchanan et al., 1982). A pontuação para essa característica varia de 1 a 5.

No cenário 2, um GEBV foi adicionado ao índice de base. Como o tipo de informação, neste caso, não era um fenótipo mas um GEBV, a característica adicional será representada como RESg. A ideia do cenário 2 se baseia na possibilidade de formar um conjunto de calibragem para seleção genômica de características de produção utilizando novilhos genotipados para estimar os efeitos de SNP. O sucesso dessa estratégia tem sido demonstrado por Buch et al. (2012), utilizando dados simulados para características de baixa herdabilidade em gado leiteiro.

No cenário 3, em vez de registros fenotípicos, GEBV para as três características básicas estavam disponíveis (exemplo, PDg, PSg e MUSCg). Tal como acontece com o cenário 1, as correlações genéticas entre estes GEBV e características alvo a RES determina a taxa de ganho genético em RES.

O último cenário (cenário 4) continha as mesmas características do cenário 3 (exemplo, GEBV para todas as três características básicas) mais RESg. Uma visão geral dos diferentes cenários simulados está apresentada na Tabela 1.

Para todas as situações em que o tipo de informação a partir de um das características era um GEBV (cenários de 2 a 4), as análises foram realizadas nove vezes variando a precisão do GEBV de 0,1 a 0,9 realizada em passos de 0,1. A precisão do GEBV foi definida como a relação entre o GEBV e o valor verdadeiro para o melhoramento da característica correspondente. A fonte de informação para todas as características em todos os casos foi considerado um único registro (uma observação fenotípica ou GEBV) do próprio candidato a seleção.

Tabela 1. Cenários simulados em relação as características incluídas no índice de seleção.

Cenário	Características no índice de seleção ¹
1	PD + PS + MUSC
2	PD + PS + MUSC + RESg
3	PDg + PSg + MUSCg
4	PDg + PSg + MUSCg + RESg

¹PD-Peso Desmama, PS- Peso Sobreano, MUSC- Musculatura, RES- Resistência ao carrapato. Um "g" na sigla indica um valor genético genômico para determinada característica.

Cálculos do índice

Após os índices de seleção, para cada cenário e assumindo uma dada precisão de GEBV (quando pertinente), as matrizes P, C e G, com os componentes de variância necessários para avaliar a precisão desses índices foram criadas. Matriz P representa a matriz de covariância fenotípica entre todos os componentes do índice de seleção no cenário dado, a matriz C é a matriz de covariância genética entre todas as características do objetivo de seleção, e G é a matriz de covariância genética entre os componentes do índice de seleção e os valores genéticos aditivos para as características do objetivo de seleção. Quando o tipo de informação no índice foi de fenótipo, os elementos P e G foram calculados como uma função de constantes fenotípicas em relação às características, tal como descrito por Hazel (1943). Os parâmetros genéticos pressupostos utilizados nos cálculos são apresentados na tabela Tabela 2. Quando o tipo de informação no índice foi GEBV,

elementos das matrizes P e G, foram calculados como descrito por Dekkers (2007), de acordo com as derivações em Lande e Thompson (1990).

Seguindo Dekkers (2007), se os marcadores são distribuídos aleatoriamente através do genoma, a proporção esperada de variação genética explicada pelos marcadores é a mesma para ambas características. Após configurar todos os elementos das matrizes P, G e C, a seleção dos coeficientes do índice (b) foram calculados como $b = P^{-1}Gw$, onde w é o vetor de pesos econômicos relativos expressos em unidades monetárias por unidades de medida das características. As variações do índice (I) e do genótipo agregado (H) foram calculados como $\sigma_I^2 = b'Pb$ e $\sigma_H^2 = w'CW$. A precisão do índice (isto é, a correlação entre o índice e o genótipo agregado) foi calculada como $R_{IH} = \frac{\sigma_i}{\sigma_H}$.

Tabela 2. Variâncias fenotípicas (linha de baixo), herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (ρ_G , acima da diagonal) e fenotípicas (ρ_P , abaixo da diagonal) entre as características simuladas.

Característica	PD	PS	MUS	RES
Peso Desmame (PD)	0,15	0,82	0,24	0,06
Peso Sobreano (PS)	0,82	0,20	0,31	0,08
Musculatura (MUSC)	0,24	0,31	0,26	-0,03
Resistência ao carrapato (RES)	0,06	0,08	-0,03	0,17
Variância Fenotípica (σ_P^2)	527,72	894,46	0,84	0,06

Tamanho do Conjunto de calibragem

Daetwyler et al. (2010) propuseram uma equação para o cálculo da precisão esperada de GEBV previsto com um modelo linear genômico. A partir dessa equação, o número esperado de animais genotipados no conjunto de calibração (N_p) necessário para alcançar um determinado nível de precisão de GEBV foi calculado como se segue:

$$N_p = \frac{r_{MG}^2 \hat{M}_e}{h^2(1 - r_{MG}^2)}$$

onde h^2 é a herdabilidade da característica e \hat{M}_e é uma estimativa do número de segmentos de cromossomas independentes, calculados como:

$$\hat{M}_e = \frac{2N_eL}{\log(4N_eL)}$$

onde L é o comprimento do genoma em Morgans e N_e é o tamanho efetivo da população (Goddard, 2009). Aqui, o conjunto de calibragem é definido como um grupo de animais genotipados com os dados fenotípicos utilizado para estimar os efeitos de polimorfismo de único nucleotídeo (SNP) para ser incluído na equação para prever a GEBV.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

A precisão do índice (R_{IH}) para diferentes cenários, precisões de GEBV (r_{MG}) e relativos pesos econômicos sobre resistência ao carrapato são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3. Precisão do índice (R_{IH}) para diferentes cenários, precisões de valores genéticos genômicos (GEBV) e pesos econômicos relativos sobre resistência ao carrapato (W1= mesmo, W3= triplicado, W100= 100%).

Cenário	Precisão do GEBV								
	0,1	0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	0,9
w1									
1	0,42	0,42	0,42	0,42	0,42	0,42	0,42	0,42	0,42
2	0,42	0,43	0,44	0,45	0,47	0,49	0,51	0,54	0,56
3	0,13	0,25	0,37	0,48	0,58	0,67	0,75	0,81	0,87
4	0,13	0,27	0,39	0,51	0,61	0,71	0,80	0,87	0,94
w3									
1	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29
2	0,31	0,33	0,38	0,43	0,49	0,56	0,62	0,7	0,77
3	0,09	0,18	0,26	0,34	0,41	0,47	0,52	0,57	0,61
4	0,12	0,24	0,35	0,46	0,56	0,66	0,75	0,84	0,92
w100									
1	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
2	0,11	0,20	0,30	0,40	0,50	0,60	0,70	0,80	0,90
3	0,01	0,02	0,03	0,04	0,05	0,06	0,07	0,08	0,09

4 0,10 0,20 0,30 0,40 0,50 0,60 0,70 0,80 0,90

Nos estudos de König e Swalve (2009) e Haberland et al. (2012), valores de precisão do índice (R_{IH}) incorporando informação genômica e fenotípica de candidatos no índice de seleção foram usadas para tomar decisões sobre a necessidade de um teste de estação central de potenciais mães dos tourinhos e reprodutores jovens. Na sequência dos resultados de ambos os estudos de moderada a alta precisão de GEBV (r_{MG}), demonstrou que os testes de candidatos a seleção genotipados não seria necessário serem realizados para melhorar R_{IH} . Além disso, quando se refere ao cenário 4 e os seus respectivos pesos econômicos, o uso de GEBV com $r_{MG} \geq 0,7$ resultou em valores aceitáveis para R_{IH} variando de 0,70 a 0,94, corroborando com os estudos de Pimentel e König (2012), onde encontraram R_{IH} variando de 0,76 a 0,92.

Ao calcular o conjunto de calibragem, com um nível de $r_{MG} = 0,5$ para RESg, comprimento do genoma de 30 Morgans e tamanho efetivo da população de 220 animais para raça Braford (BO) e 153 animais para raça Hereford (HH), utilizando a equação de Daetwyler et al. (2010), descrita anteriormente, o número de animais necessários foi de 2.542 e 1.833 animais genotipados para BO e HH, respectivamente (Tabela 4), para compor o conjunto de calibragem. Também em gado de corte, MacNeil et al. (2010) utilizaram um conjunto de calibragem de 444 touros Angus para prever marmoreio com valor genômico e relataram uma correlação genética de $0,38 \pm 0,10$ entre marmoreio com valor fenotípico e genômico.

Brito et al. (2011), mostraram com simulação estocástica que quando a densidade do marcador aumenta de 40K para 800K, a r_{MG} passa de 0,39 para 0,48, com herdabilidade de 0,4 e utilizando EBV de 480 animais no conjunto de calibração. Veerkamp et al. (2011) apresentou os resultados a partir de dados reais de uma série de características em gado leiteiro e relatou r_{MG} aproximado que estavam em concordância com os valores previstos com a equação de Daetwyler et al. (2010).

Tabela 4. Número de animais no conjunto de calibração (Np) necessário para alcançar um determinado nível de precisão da GEBV (r_{MG}^2) para Peso Desmama (PD), Peso Sobreano (PS), Musculosidade (MUSC) e Resistência para carrapato (RES)

r_{MG}^2	PD	PS	MUSC	RES
Braford				
0,1	87	65	50	77
0,2	360	270	208	318
0,3	855	641	493	754
0,4	1646	1235	950	1452
0,5	2881	2161	1662	2542
0,6	4862	3646	2805	4290
0,7	8304	6228	4791	7327
0,8	15366	11524	8865	13558
0,9	36848	27636	21258	32513
Hereford				
0,1	63	47	36	55
0,2	260	195	150	229
0,3	616	462	355	544
0,4	1187	890	685	1047
0,5	2078	1558	1199	1833
0,6	3506	2630	2023	3094
0,7	5989	4492	3455	5284
0,8	11082	8311	6393	9778
0,9	26574	19931	15331	23448

Pimentel e König (2012) descreveram que o maior ganho genético por geração total ocorreu quando as características do índice de seleção eram peso aos 200 dias, peso aos

400 dias, escore de musculatura e marmoreio, todos com valores genômicos, o r_{MG} foi em torno de 0,7. No presente estudo, em uma situação em que um conjunto de calibragem composto de 7300 animais BO e 5300 animais HH, para conjuntos deste tamanho, as precisões esperadas para PDg, PSg, MUSCg e RESg para B são 0,68, 0,73, 0,77, e 0,80, respectivamente.

O número considerado de 5300 animais HH genotipados com fenótipo foi inferior ao número de touros genotipados com EBV convencionais de alta precisão utilizada para obter efeitos SNP em gado leiteiro programas de SG. Exemplos de tais programas incluem os conjuntos de calibragem de 5025 touros genotipados da raça Holandesa formados na Alemanha (LIU et al., 2010) e os 15.966 touros reunidos no projeto EuroGenomics (LUND et al., 2010). Os custos de genotipagem com painéis de alta densidade de SNP tende a diminuir ao longo do tempo, fazendo com que a abordagem da seleção genômica seja mais acessível. Avanços recentes em métodos para a imputação de genótipos (por exemplo, VanRaden et al., 2011) irá diminuir ainda mais os custos, como uma proporção dos animais serem genotipados para um painel de densidade mais baixa.

A seleção genômica com moderada a alta precisão de GEBV junto com conjunto de calibragem relevante, pode substituir os testes de progênies e as medidas de alto custo de obtenção, como a contagem de carrapatos, fazendo com que animais jovens sejam utilizados para características de importância econômica onde a resposta à seleção tem sido limitada, devido à possibilidade de serem medidas em apenas um dos sexos, por apresentarem baixa herdabilidade, devido a avaliações fenotípicas dispendiosas ou de difícil, ou ainda pelo fato de serem expressas apenas em fases tardias da vida do animal.

CONCLUSÃO

Este estudo indica que o número de animais necessários no conjunto de calibração é de 7300 animais da raça BO e 5300 animais da raça HH com precisões para GEBV das características de 0,68, 0,73, 0,77 e 0,80 para PDg, PSg, MUSCg e RESg, respectivamente, para estimar o efeito do marcador SNP, com precisão do índice variando de 0,70 a 0,94.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

Brito, F. V.; BRACCINI NETO, J.; SARGOLZAEI, M. et al. Accuracy of genomic selection in simulated populations mimicking the extent of linkage disequilibrium in beef cattle. **BMC Genetics**. 12:80. 2011.

BUCH, L. H.; KARGO, M.; BERG,P. et al. The value of cows in reference populations for genomic selection of new functional traits. **Animal** 6:880–886. 2012.

BUCHANAN, D. S., NIELSEN, M. K.; KOCH, R. M. et al. Selection for growth and muscling score in beef cattle. I. Selection applied. **Journal of Animal Science**. Sci. 55:516–525. 1982.

DAETWYLER, H. D., PONG-WONG, R.; VILLANUEVA, B. et al. The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. **Genetics** 185:1021–1031. 2010.

DEKKERS, J. C. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. **Journal Animal Breeding Genetics**. 124:331–341. 2007.

GODDARD, M. E. Genomic selection: Prediction of accuracy and maximisation of long term response. **Genetica** 136:245–252. 2009.

HABERLAND, A. M.; VON BORSTEL,U. U.; SIMIANER, H. et al. Integration of genomic information into Sport Horse Breeding Programs for optimization of accuracy of selection. **Animal** 6:1369–1376. 2012.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics** 28:476–490. 1943.

KÖNIG, S.; SWALVE, H. H. Application of selection index calculations to determine selection strategies in genomic breeding programs. **Jounal Dairy Science**. 92:5292–5303. 2009.

LANDE, R.; R. THOMPSON. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics** 124:743–756. 1990.

LEITE, R.C.; CUNHA, A.P.; BELLO, A.C.P.P; DOMINGUES, L.N.; BASTIANETTO, E. Controle de Ectoparasitos em Bovinocultura de Corte. In: VAZ PIRES, A.. (Org.). **Bovinocultura de Corte**. 1ed. Piracicaba: FEALQ, v.2, p.1171-1190, 2010.

LIU, Z., SEEFRIED, F.; REINHARDT, F. et al. Dairy cattle genetic evaluation enhanced with genomic information. **9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Germany**. 2010.

LUND, M. S., DE ROOS, A. P. W.; DE VRIES, A. G.; T. et al. Improving genomic prediction by EuroGenomics collaboration. **9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Germany**. 2010.

MACNEIL, M. D., NKUMAH, J. D.; WOODWARD, B. W. et al. Genetic evaluation of Angus cattle for carcass marbling using ultrasound and genomic indicators. **Journal Animal Science**. 88:517–522. 2010.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO P. L. S.; PEREIRA D. G. et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.9, p.1163-1169, set. 2008.

PIMENTEL, E. C. G.; KÖNIG, S. Genomic selection for the improvement of meat quality in beef. **Journal of Animal Science**, v.90, p.3418-3426, 2012.

SCHAEFFER, L. R. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.218-223, 2006.

VANRADEN, P. M.; VAN TASSELL, C. P.; WIGGANS, G. R. et al. Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**, v.92, p.16-24, 2009.

VANRADEN, P. M., O'CONNELL, J. R.; WIGGANS, G. R. et al. Genomic evaluations with many more genotypes. **Genetics Selection Evolution**.43:10. 2011.

VEERKAMP, R. F.; BERRY, D. P.; WALL, E. et al. Use of phenotypes from research herds to develop genomic selection for scarcely recorded traits like feed efficiency. **Interbull Meeting, Stavanger, Norway**. 2011.

ZHANG, H.; WANG, Z.; WANG, S. et al. Progress of genome wide association study in domestic animals. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v.3, n.1, p.26. 2012.