



SimMelhor

II Simpósio de Genética e Melhoramento Animal
II Symposium on Genetics and Animal Breeding



14 e 15 de Novembro/2022
November 14 & 15 , 2022

II SimMelhor

II Simpósio de Genética e Melhoramento Animal

Renata Veroneze et al.



Realização

Grupo de Discussão em Genética e Melhoramento Animal – GDMA

Departamento de Zootecnia – UFV

14 e 15 de novembro, 2022

Viçosa – MG

II SimMelhor

II Simpósio de Genética e Melhoramento Animal

ANAIS

Editores

Renata Veroneze

Paulo Sávio Lopes

Simone Eliza Facioni Guimarães

Delvan Alves da Silva

Daniele Botelho Diniz Marques

Fabio Luiz Buranelo Toral

Lucas Lima Verardo

Leila de Genova Gaya

André Luis Romeiro de Lima

Arícia Chaves Zanetti Reis

Arielly Oliveira Garcia

Christhian Borges de Souza

Layla Cristien de Cássia Miranda Dias

Maria Rita Gonçalves da Silva

Mateus Guimarães dos Santos

14 e 15 de novembro, 2022

Viçosa – MG

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)**

Simpósio de Genética e Melhoramento Animal (2. :
2022 : Viçosa, MG)

Anais do II SimMelhor [livro eletrônico] /
coordenação Renata Veroneze. -- Viçosa, MG :
Grupo de Discussão em Genética e Melhoramento
Animal - GDMA, 2022.

PDF.

Vários autores.

Vários colaboradores.

Bibliografia.

ISBN 978-65-80028-01-6

1. Genética animal 2. Medicina veterinária
(Zootecnia) 3. Zootecnia - Congressos I. Veroneze,
Renata. II. Título.

23-145045

CDD-636.06

Índices para catálogo sistemático:

1. Zootecnia : Congressos 636.06

Aline Grazielle Benitez - Bibliotecária - CRB-1/3129

II SimMelhor

II Simpósio de Genética e Melhoramento Animal

COMISSÃO

Presidente da comissão organizadora

Renata Veroneze – Professora Adjunta do Departamento de Zootecnia, UFV

Comissão Organizadora

Paulo Sávio Lopes – Professor Titular do Departamento de Zootecnia, UFV

Simone Eliza Facioni Guimarães – Professora Titular do Departamento de Zootecnia,
UFV

Delvan Alves da Silva – Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFV

Daniele Botelho Diniz Marques – Professora Adjunta do Departamento de Zootecnia,
UFV

Fabio Luiz Buranelo Toral – Professor Associado do Departamento de Zootecnia,
UFMG

Lucas Lima Verardo – Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFVJM

Leila de Genova Gaya - Professora Associada do Departamento de Zootecnia, UFSJ

André Luis Romeiro de Lima – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Arícia Chaves Zanetti Reis – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Arielly Oliveira Garcia – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Christhian Borges de Souza – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Layla Cristien de Cássia Miranda Dias – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Maria Rita Gonçalves da Silva – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Mateus Guimarães dos Santos – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Comissão científica

Alessandra Alves da Silva - Pós-Doutoranda em Genética e Melhoramento Animal,
UNESP

Eula Regina Carrara – Pós-Doutoranda em Zootecnia, UFV

Hugo Teixeira Silva – Doutor em Zootecnia, UFV

José Teodoro Paiva – Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFRR

Leila de Genova Gaya - Professora Associada do Departamento de Zootecnia, UFSJ

Letícia Fernanda de Oliveira - Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Susana Amaral Teixeira – Professora Adjunta na Faculdade de Medicina Veterinária,
UFMS

Talita Estéfani Zunino Santana - Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

AGRADECIMENTOS

Aos professores

A todos os professores do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa que contribuíram para o sucesso desse evento.

Aos funcionários

A todos os funcionários do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa pela colaboração na realização do evento.

Aos palestrantes

Dra. Daniela Lino Lourenço - University of Georgia, EUA

Dr. Luiz Fernando Brito - Purdue University, EUA

Dra. Simone Eliza Facioni Guimarães – UFV

Dr. Fernando Sebastián Baldi Rey – UNESP

Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira – UEM

Dr. Humberto Tonhati – UNESP

Dr. Flavio Schramm Schenkel - University of Guelph, CA

Dra. Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto – Embrapa Gado de Leite

Aos patrocinadores e apoiadores

Universidade Federal de Viçosa – UFV

Centro de Ciências Agrárias – UFV

Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-graduação – UFV

Departamento de Zootecnia – UFV

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG

Fundação Arthur Bernardes – FUNARBE

Bristol Viçosa Hotel

NEOGEN

Comissão Organizadora

II Simpósio de Genética e Melhoramento Animal (II SimMelhor)

SUMÁRIO

ALGORITMO DE APRENDIZAGEM SUPERVISIONADA PARA PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA COM BASE NOS ASCENDENTES.....	11
ANÁLISE DE ENRIQUECIMENTO FUNCIONAL DO GENE IDH2 ASSOCIADO À ESPESSURA DE GORDURA SUBCUTÂNEA EM BOVINOS NELORE.....	12
ANÁLISE DE ENRIQUECIMENTO FUNCIONAL DOS GENES AHCYL2 E SLC4A7 ASSOCIADOS À ESPESSURA DE GORDURA SUBCUTÂNEA EM BOVINOS NELORE.....	13
ANÁLISE GENÉTICA E DE PREDIÇÃO GENÔMICA PARA CARATER MOCHO EM BOVINOS NELORE.....	14
ANOTAÇÃO FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA TAMANHO DE LEITEGADA EM SUÍNOS.....	15
ANOTAÇÃO FUNCIONAL DE VARIANTES GENÔMICAS EM BOVINOS GIR LEITEIRO.....	16
APLICAÇÃO DA ESPECTROSCOPIA NO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA CLASSIFICAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DA CARNE EM BOVINOS NELORE.....	17
ASSOCIAÇÃO DO RENDIMENTO DE CARÇAÇA E PESO DOS ÓRGÃOS COM PESO AO ABATE E IDADE PARA OBTER 750 GRAMAS EM PERDIZES (<i>Rhynchotus rufescens</i>)	18
ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE PESO CORPORAL E GORDURA VISCERAL EM TILÁPIA DO NILO.....	19
AVALIAÇÃO GENÔMICA USANDO UM MODELO DE NORMA DE REAÇÃO PARA PERÍMETRO ESCROTAL EM BOVINOS NELORE.....	20
CARACTERIZAÇÃO DE CORRIDAS DE HETEROZIGOSIDADE NO GENOMA DA LINHAGEM DE CORRIDA DE EQUINOS QUARTO DE MILHA.....	21
COMPARAÇÃO DE MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA ESTIMAR PARÂMETROS GENÉTICOS DO CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE VIA INFERÊNCIA BAYESIANA.....	22
CONVERGÊNCIA DE ESTIMATIVAS DE VARIÂNCIA PARA PESO AO DESMAME DE BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA.....	23
CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE PESO AO NASCER E MORTALIDADE EM CODORNAS DE CORTE.....	24
CORRIDAS DE HOMOZIGOSE NO GENOMA DA LINHAGEM DE CORRIDA DE EQUINOS QUARTO DE MILHA.....	25
DESCARTE DE CARACTERÍSTICAS REDUNDANTES DE UM CONJUNTO DE DADOS DE ANIMAIS DA RAÇA BRAHMAN.....	26

EFEITO DA ENDOGAMIA EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA LEGAL.....	27
EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE A VARIÁVEL LATENTE MACIEZ EM LINHA MACHO DE FRANGOS COMERCIAL.....	28
EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE A VARIÁVEL LATENTE PESO EM LINHA MACHO DE FRANGOS COMERCIAL.....	29
EFEITO DO GRUPO GENÉTICO EM CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA DE SUÍNOS.....	30
EFEITO DO GRUPO GENÉTICO NO DESEMPENHO DE SUÍNOS NA CRECHE...	31
EFEITO DO GRUPO GENÉTICO NO pH DE CARCAÇAS SUÍNAS.....	32
EFEITOS DE ENDOGAMIA E DOMINÂNCIA NO MODELO ANIMAL PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUÍNOS.....	33
ENDOGAMIA VIA PEDIGREE E CORRIDAS DE HOMOZIGOSE E SEU EFEITO NA PRODUÇÃO DE LEITE DE UMA SUBPOPULAÇÃO GENOTIPADA DE BOVINOS GUZERÁ.....	34
ESTIMATIVA DA HERDABILIDADE PARA IDADE À PRIMEIRA OVIPOSIÇÃO EM ESCARGOTS CORNU ASPERSUM MAXIMUM, SOB CONFINAMENTO TOTAL.....	35
ESTIMATIVA DE COMPONENTE DE VARIÂNCIA PARA MORTALIDADE EM CODORNAS DE CORTE.....	36
ESTIMATIVAS DE TENDÊNCIA GENÉTICA E INCREMENTO DA CONSANGUINIDADE EM UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE TILÁPIAS.....	37
ESTUDO GENÔMICO E ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA NÚMERO DE TETOS EM SUÍNOS.....	38
FATORES AMBIENTAIS QUE INFLUENCIAM O TEMPO DE CORRIDA, EM DISTÂNCIAS CURTAS, DE CAVALOS PURO-SANGUE INGLÊS NO BRASIL.....	39
FATORES AMBIENTAIS SOBRE O TEMPO DE CORRIDA DE CAVALOS PUROSANGUE INGLÊS EM DISTÂNCIAS LONGAS.....	40
FREQUÊNCIAS GENOTÍPICAS E ALÉLICAS DO GROWTH DIFFERENTIATION FACTOR – 8 EM BOVINOS DA RAÇA SENEPOL.....	41
FREQUÊNCIAS GENOTÍPICAS E ALÉLICAS DO SLICK HAIR EM BOVINOS DA RAÇA SENEPOL.....	42
GENES PLEIOTRÓPICOS ENTRE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS E PRODUTIVAS EM BUFALOS MURRAH.....	43
HERDABILIDADE PARA VARIÁVEIS LATENTES DERIVADAS DA ANÁLISE DE FATORES EM CODORNAS.....	44

IDENTIFICAÇÃO DE eQTL ASSOCIADO AO METABOLISMO DO ÁCIDO LINOLEICO EM SUÍNOS.....	45
IDENTIFICAÇÃO DE VARIANTES ASSOCIADAS A GENES PARA CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL EM BOVINOS PANTANEIRO.....	46
IDENTIFICAÇÃO DE VIAS METABÓLICAS A PARTIR DE CIS-eQTLs EM FÍGADO DE SUÍNOS.....	47
IMPACTO DO TAMANHO DO GRUPO DE CONTEMPORÂNEO NAS AVALIAÇÕES GENÉTICAS PARA CIRCUNFERÊNCIA ESCROTAL EM BOVINOS DA RAÇA NELORE.....	48
INCLUSÃO DE EFEITO DE DOMINÂNCIA PARA PREDIÇÃO DE FENÓTIPOS EM ANIMAIS CRUZADOS.....	49
INCLUSÃO DE EFEITOS NÃO ADITIVOS NO MODELO INFLUENCIAM AS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE.....	50
INFERÊNCIAS SOBRE A ENDOGAMIA VIA PEDIGREE EM UMA POPULAÇÃO DE BOVINOS GUZERÁ.....	51
INFLUÊNCIA DA INCLUSÃO DE EFEITOS GENÉTICOS NÃO ADITIVOS NO MODELO NA CLASSIFICAÇÃO DOS ANIMAIS.....	52
MACHINE LEARNING NA PREDIÇÃO DA MACIEZ DA CARNE BOVINA USANDO A TÉCNICA NIR.....	53
MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA UTILIZANDO B-SPLINE QUADRÁTICO APRESENTA MELHOR AJUSTE PARA ESTIMAR PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM DIFERENTES IDADES EM CODORNAS DE CORTE.....	54
NOVA DELEÇÃO IDENTIFICADA EM BOVINOS: POSSÍVEL ASSOCIAÇÃO COM PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS.....	55
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA O TEMPO DE CORRIDA DE CAVALOS PURO-SANGUE INGLÊS EM DISTÂNCIAS CURTAS.....	56
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA TEMPO DE CORRIDA, EM LONGAS DISTÂNCIAS, DE CAVALOS PURO-SANGUE INGLÊS NO BRASIL.....	57
PÓS-GWAS ALIADAS A ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA MARMOREIO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE.....	58
REDES NEURAS ARTIFICIAIS PARA PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA.....	59
TECNOLOGIAS GENÔMICAS E A RELAÇÃO COM O GANHO GENÉTICO EM BOVINOS DE LEITE.....	60

ALGORITMO DE APRENDIZAGEM SUPERVISIONADA PARA PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA COM BASE NOS ASCENDENTES

DIJKINGA, F.D.^{1,2}, TEIXEIRA, R.A.^{1,3}, EL FARO, L.⁴, DIAS, L.T.^{1,3}

¹Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

²Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil, bolsistas Capes e CNPq, respectivamente.

³Professora do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil.

⁴ Pesquisadora do Instituto de Zootecnia, APTA - Sertãozinho, 14160-90, Brasil.

e-mail autor: fernando.dijkinga@ufpr.br

Estratégias de acasalamento direcionado utilizam informações de pais e mães de forma racional para gerar progênies superiores, porém, para que existam mudanças genéticas significativas é necessário acurácia alta ou moderada nas predições de valores genéticos. Quando um animal não possui registros ou observações, pode ser utilizado informações de seus antecedentes, como os pais, porém, valores genéticos de fêmeas por muitas vezes são de baixa acurácia, por outro lado, touros possuem maior capacidade de geração de filhas, o que proporciona estimativas de valores genéticos mais acuradas. Dessa forma, neste trabalho objetiva-se utilizar valores genéticos de pai e avô materno para estimar valores genéticos de novos animais. Foi utilizado um banco de dados contendo registros e valores genéticos de 30.077 touros da raça Holandesa, e por meio de técnicas que se baseiam algoritmos de aprendizado indutivo e regressão linear da biblioteca *scikit-learn* para a linguagem de programação *Python*, um algoritmo de aprendizado de máquina (AAM) foi treinado para a predição de valores genéticos para produção de leite, gordura, proteína, vida produtiva, escore de células somáticas e resistência a mastite. Os resultados obtidos foram avaliados por meio de coeficiente de determinação do modelo e correlação de *Pearson* entre os valores genéticos reais e valores preditos pela AAM. Foram encontradas correlações para produção de leite, gordura, proteína, vida produtiva, escore de células somáticas e resistência a mastite de 0,81, 0,92, 0,91, 0,90, 0,75 e 0,80, respectivamente, e coeficientes de determinação dos modelos de 0,66, 0,85, 0,84, 0,82, 0,56 e 0,63. Os valores de correlação e coeficientes de determinação indicam que é possível utilizar esta metodologia para estimar valores genéticos de indivíduos, aliado ao fato da facilidade em gerar predições de novos animais a partir do modelo treinado, permite que dados gerados por AAMs sejam ser utilizados em diferentes estratégias, como acasalamentos direcionados, contribuindo para o avanço genético da raça.

Palavras-chave: aprendizagem supervisionada, *pedigree*, correlação, *machine learning*

Agradecimentos: À GenMate Genética LTDA pela concessão do banco de dados. E à CAPES e ao CNPq pela bolsa de estudos.

ANÁLISE DE ENRIQUECIMENTO FUNCIONAL DO GENE *IDH2* ASSOCIADO À ESPESSURA DE GORDURA SUBCUTÂNEA EM BOVINOS NELORE

MARTINS, R.¹, MACHADO, P.C.¹, SILVA, M.R.², BRITO, L.F.³, PEDROSA, V.B.⁴

¹Mestre em Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Brasil, e-mail: rafaelamartins.zootecnia@gmail.com;

²Agropecuária Katayama, Guararapes/São Paulo, Brasil;

³Professor, Departamento Animal Science, Purdue University, EUA;

⁴Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Brasil.

A espessura da gordura subcutânea (EGS) é fundamental no processo pós-abate, pois evita o encurtamento das fibras musculares causado pelo resfriamento rápido das carcaças, dessa maneira, uma maior quantidade de EGS pode resultar em uma carne com melhor qualidade posteriormente. Assim sendo, o conhecimento de genes que influenciam na deposição de gordura subcutânea é essencial, desse modo, o objetivo do presente estudo foi investigar o gene *IDH2* e identificar em quais vias biológicas o mesmo atua e qual sua influência na formação da EGS em bovinos da raça Nelore. Para tal estudo foram utilizados dados de animais pertencentes a Agropecuária Katayama, com fazendas localizadas em São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, e os fenótipos foram coletados aos 18 meses de idade. Um total de 1.440 animais da raça Nelore foram genotipados com o chip GGP - *indicus* 35K SNP para uso em ssGWAS para identificar SNPs associados a EGS. A análise ssGWAS foi realizada usando os programas da família BLUPF90 e os marcadores foram considerados significativos quando explicaram mais de 0,5% da variância genética aditiva da característica. A identificação dos genes foi realizada através do banco de dados Ensembl pela ferramenta BioMart e, posteriormente, o banco de dados PANTHER foi utilizado para descobrir em quais vias biológicas os genes desempenharam suas funções. O gene *IDH2* encontrado no cromossomo 21, codifica a proteína enzimática isocitrato desidrogenase 2, essa enzima atua no ciclo de Krebs fornecendo NADPH como energia para as células. Nos ruminantes, outra forma de fornecimento de energia para as células é por meio da ATP citrato liase, entretanto, devido à baixa atividade da ATP citrato liase nos tecidos dos ruminantes, a via que utiliza a isocitrato desidrogenase pode ser usada para fornecer energia. Por sua vez, essa energia em forma de NADPH, pode ser convertida em ácidos graxos, e posteriormente, armazenada como gordura. Dessa forma, o *IDH2* pode influenciar na produção de energia fornecida para as células, e conseqüentemente, na EGS em bovinos da raça Nelore.

Palavras-chave: gene candidato; isocitrato desidrogenase; qualidade de carcaça.

ANÁLISE DE ENRIQUECIMENTO FUNCIONAL DOS GENES *AHCYL2* E *SLC4A7* ASSOCIADOS À ESPESSURA DE GORDURA SUBCUTÂNEA EM BOVINOS NELORE

MARTINS, R.¹, MACHADO, P.C.¹, SILVA, M.R.², BRITO, L.F.³, PEDROSA, V.B.⁴

¹Mestre em Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Brasil, e-mail: rafaelamartins.zootecnia@gmail.com;

²Agropecuária Katayama, Guararapes, São Paulo, Brasil;

³Professor, Departamento Animal Science, Purdue University, EUA;

⁴Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Brasil.

A espessura de gordura subcutânea (EGS) é um importante fator relacionado com a qualidade da carne e demonstra ser uma característica de alto interesse econômico a ser avaliada na pecuária de corte. Dessa maneira, conhecer genes que estão presentes na formação dessa característica é essencial, assim, o objetivo do presente trabalho foi investigar os genes *AHCYL2* e *SLC4A7* e identificar a presença do mesmo em vias biológicas que possam ajudar na compreensão da formação da característica EGS. Para isso foram utilizados dados de animais pertencentes a Agropecuária Katayama, com fazendas localizadas em São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, e os fenótipos foram coletados aos 18 meses de idade. Um total de 1.440 animais da raça Nelore foram genotipados com o chip GGP - *indicus* 35K SNP para uso em ssGWAS para identificar SNPs associados a EGS. A análise ssGWAS foi realizada usando os programas da família BLUPF90 e os marcadores foram considerados significativos quando explicaram mais de 0,5% da variância genética da característica. A identificação dos genes foi realizada através do banco de dados Ensembl pela ferramenta BioMart e, posteriormente, o banco de dados PANTHER foi utilizado para descobrir em quais vias biológicas os genes desempenharam suas funções. O gene *AHCYL2* presente no cromossomo 4, foi identificado em nossas análises em diversas vias biológicas, entretanto, ressalta-se as vias envolvidas com pequenas moléculas (GO:0044281, GO:0055086). A presença do gene *AHCYL2* nessas vias pode ser explicado, pois, o gene está associado a alterações no diâmetro das lipoproteínas de baixa densidade, qual desempenha um papel importante no transporte através das membranas. O aumento do transporte de lipoproteínas pode estar relacionado ao aumento da deposição de tecido adiposo. Ainda, notou-se que o gene *AHCYL2* regula a atividade de outro gene identificado no cromossomo 22 em nossas análises (*SLC4A7*). O gene *SLC4A7* está envolvido no transporte de solutos, como o bicarbonato de sódio. Além disso, um gene da mesma família do *SLC4A7*, o gene *SLC27A1*, é relacionado com a distribuição de lipídios corporais, segundo estudos reportados na literatura. Corroborando com isso, em nossas análises de rede de conexão gênica, o gene *AHCYL2* estava conectado com o gene *SLC4A7*. Dessa forma, os genes *AHCYL2* e *SLC4A7* estão presentes em vias biológicas relevantes que podem contribuir para a formação da característica EGS em bovinos da raça Nelore.

Palavras-chave: bovinos zebuínos; genes candidatos; qualidade da carcaça; rede de conexão gênica.

ANÁLISE GENÉTICA E DE PREDIÇÃO GENÔMICA PARA CARÁTER MOCHO EM BOVINOS NELORE

TEMP, L.B.¹, BRUNES, L. C.², SCHMIDT, P. I.³, MAGNABOSCO, C. U.⁴, LÔBO, R. B.⁵, BALDI, F.⁶

¹Mestranda em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, email: larissa.b.temp@unesp.br;

²Pesquisadora Júnior, Embrapa Cerrados e Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal;

³Doutoranda em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁴Pesquisador A, Centro de Desempenho Animal, Embrapa Cerrados;

⁵Presidente, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores;

⁶Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

Nas últimas décadas, a seleção genética de linhagens para fenótipo mocho tem aumentado devido a razões econômicas, segurança do tratador e bem-estar animal, evitando assim o uso da descorna considerada prática danosa por envolver custos e possíveis efeitos negativos para com o animal pós procedimento. Objetivou-se com este estudo avaliar a influência do efeito sexo do animal nas estimativas de herdabilidade, acurácia e dispersão dos valores genômicos para o fenótipo mocho em bovinos da raça Nelore. Foram utilizadas aproximadamente 5.000 informações fenotípicas e genotípicas de animais Nelore. Estes pertenciam as fazendas Guaporé Pecuária, São José e Campina, localizadas em Mato Grosso e São Paulo. O fenótipo mocho foi avaliado como característica poligênica aplicando um modelo de limiar para quatro categorias: ausência de chifre, mocho filho de pai com chifre, batoque e presença de chifre. Os efeitos fazenda, ano de nascimento e sexo do animal constituíram o grupo de contemporâneo (GC). Com base neste, três modelos foram testados, onde o modelo 1 manteve a formação base do GC, o modelo 2 foi utilizado GC sem efeito do sexo e o modelo 3 foi utilizado GC sem efeito do sexo, mas com a inclusão dos SNPs presentes nos cromossomos sexuais. Para estimar os componentes de variância e herdabilidade foram realizadas análises bayesianas unicaracterística por intermédio do software THRGIBBSF90. Para as análises de predição genômica, foi utilizado o procedimento BLUP genômico de etapa única (ssGBLUP). Os parâmetros de acurácia e dispersão foram avaliados com base no método de regressão linear (LR), sendo utilizado uma população completa e uma parcial. Esta, foi composta por animais nascidos em 2020, e que possuíam fenótipo e genótipo. Porém, desta população, a informação fenotípica foi removida. A estimativa de herdabilidade variou entre 0,31 e 0,33, considerada moderada, indicando a viabilidade de seleção e ganho genético para o caráter mocho. Utilizando o modelo 1 e 3, os parâmetros de acurácia (0,90 e 0,89) e dispersão (1,39 e 1,31) foram similares. Em contrapartida, a não inclusão de informações sexuais no modelo 2, levou a uma menor acurácia (0,70) e maior dispersão (1,53). Desta forma, a omissão da informação de sexo no modelo, pode levar a menor habilidade de predição e superestimação do valor genômico. Esses resultados permitem inferir que pode haver uma relação entre aspectos sexuais e desenvolvimento do chifre e/ou que há uma possível relação entre o caráter avaliado e cromossomos não autossômicos, com modo de herança variando entre os sexos. Em termos de habilidade de predição, é equivalente informar o sexo como efeito fixo dentro do GC, ou incluir os SNPs presentes nos cromossomos sexuais para predição dos valores genômicos para o caráter mocho na raça Nelore. A seleção genética para essa característica apresenta viabilidade, sendo uma alternativa para obtenção de animais mochos.

Palavras-chave: acurácia, *Bos indicus*, mocho, ssGBLUP.

ANOTAÇÃO FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA TAMANHO DE LEITEGADA EM SUÍNOS

MARTINS, T.F.¹, MAGALHÃES, A.F.B.², VERARDO, L.L.³, GUIMARÃES, S.E.F.⁴, SANTOS, G.C.⁵, FERNANDES, A.A.S.⁶

¹Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: tania.martins@ufv.br;

²Docente do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

³Docente do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

⁴Docente do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁵Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

⁶Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

Na busca da elucidação de mecanismos moleculares de características reprodutivas como o tamanho de leitegada em suínos, as análises de redes gênicas constituem uma notável estratégia, assim como destacar Fatores de Transcrição (FTs), que são relevantes para o conhecimento da arquitetura genética das características. Neste contexto, objetivou-se neste estudo construir uma rede gene-fatores de transcrição, a partir de genes candidatos previamente identificados em estudo realizado por MARTINS, *et al.* 2022, a fim de destacar os principais genes candidatos, relacionados ao tamanho de leitegada em suínos. Foram identificados os genes candidatos a partir da revisão sistemática de estudos de associação genômica ampla (GWAS) para tamanho de leitegada em suínos, que possuísem variantes na região 5'UTR e/ou codificante. Genes contendo tais variantes foram utilizados para a construção da rede Gene-FTs. Analisando a rede, foram identificados genes altamente enriquecidos com sítios de ligação para FTs em destaque, que possivelmente controlam a expressão desses genes. Dez genes candidatos para o tamanho de leitegada foram identificados (*RMND1*, *CDKAL1*, *GRID2*, *UBFD1*, *EXO1*, *PALB2*, *LDLRAD3*, *ZBTB2*, *LOC106509346*, *SUGCT*). Esses genes foram enriquecidos na rede Gene-FTs, dos quais dois (*GRID2* e *PALB2*) foram elucidados com o intuito de conhecer sua função biológica e a possível relação com o número total de nascidos vivos. O gene *PALB2*, está ligado aos FT mais enriquecidos (*FOXD3*, *SOX2*, *ELF5* e *NOBOX*), e o gene *GRID2* aos FT (*NOBOX*, *SOX2* e *FOXD3*), para a característica de tamanho de leitegada, pressupondo a similaridade e a associação com a característica estudada. Estes genes se relacionam com a embriogênese em diferentes espécies e presume-se que possuem influência no crescimento e na formação dos fetos. O *GRID2* é importante para a regulação da migração celular e da sinaptogênese, desempenhando um papel importante no cerebelo do embrião para a sobrevivência. Já o *PALB2* relaciona-se com a proliferação de células iniciais e com o desenvolvimento do mesoderma; etapas fundamentais da embriogênese. Assim, presume-se que estes genes, possuam essencial função no desenvolvimento embrionário, possuindo ação sobre a coordenação de um grande número de vias de sinalização, necessárias para a adequada formação fetal, influenciando no número total de nascidos e, conseqüentemente, número de desmamados. Esta análise permitiu destacar os processos biológicos associados aos genes com possíveis ações sobre o desenvolvimento de leitões no decorrer da gestação, sendo de extrema importância para o conhecimento da arquitetura genética do desempenho reprodutivo de suínos e, conseqüentemente, na produção suinícola.

Palavras-chave: genoma, reprodução, suínos, fatores de transcrição, pós-GWAS.

ANOTAÇÃO FUNCIONAL DE VARIANTES GENÔMICAS EM BOVINOS GIR LEITEIRO

BRAGA, L.G.¹, CHUD, T.C.S.², SENA, T.M.³, MACHADO, M.A.⁴, SILVA, M.V.G.B.⁴, MUNARI, D.P.⁵

¹Doutoranda em Ciência Animal, Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista (UNESP), bolsista CAPES, email: larissa.graciano@unesp.br;

²University of Guelph, Canadá;

³Doutorando em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, UNESP, bolsista CAPES;

⁴Pesquisador na Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, bolsista de produtividade em pesquisa do CNPq;

⁵Professor Adjunto, Departamento de Engenharia e Ciências Exatas, UNESP; bolsista de produtividade em pesquisa do CNPq.

A análise de variantes resultantes do sequenciamento do genoma completo (WGS) é essencial para o melhoramento da raça Gir, pois possibilita a identificação de variantes que podem estar relacionadas a características de importância econômica, tais como produtivas, reprodutivas e de sanidade. Além disso, permite a descoberta e a inclusão de variantes específicas da raça em painéis de SNP. Neste estudo, os objetivos foram detectar e anotar funcionalmente variantes genômicas em bovinos Gir Leiteiro. Amostras de sangue e de sêmen de 30 touros participantes do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL) foram utilizadas. As amostras de DNA foram sequenciadas na plataforma Illumina NovaSeq 6000, com bibliotecas *paired-end*. O alinhamento ao genoma referência ARS-UCD1.2, a remoção de duplicatas, a recalibração do escore de qualidade das bases e a chamada de variantes seguiram os parâmetros recomendados pelo projeto *1000 Bulls Genome*. Variantes potencialmente falso-positivas foram removidas seguindo os critérios: (1) escore de qualidade média menor que 20; (2) profundidade de leitura mínima menor que 10X; (3) qualidade de mapeamento menor que 30; (4) distância entre variantes menor que 10 pb; (5) presença em, no mínimo, quatro animais; os programas *vcftools*, *vcf-annotate* e *bcftools* foram empregados no controle de qualidade. As variantes retidas foram analisadas pelo *Variant Effect Predictor* (VEP) versão 107 para anotação funcional. A cobertura média do genoma foi de $16,83 \pm 3,02X$. Após a filtragem, a taxa de transição/transversão foi de 2,26. O total de 26.732.768 variantes foi observado, em que 99,7% foram variantes de nucleotídeo único (SNV), 0,25% foram indels. Do mesmo total, 99% das variantes foram encontradas em cromossomos autossômicos, 0,5% no cromossomo X e 0,000014% no cromossomo mitocondrial. Cerca de 50% das variantes foram localizadas em regiões intrônicas e 38% em regiões intergênicas. As variantes se sobrepuseram a 26.733 genes e 42.852 transcritos. Das variantes em regiões codificantes, 226.791 foram mutações sinônimas, 134.115 mutações *missense*, 1.451 ocasionaram ganho de códon *stop*, 213 perdas de códon *stop*, 353 perdas de códon *start*, seis alterações em sequências codificantes e duas alterações de proteínas. A sobreposição a genes e transcritos e as consequências em regiões codificantes podem indicar relação de causalidade entre as variantes encontradas e características de importância econômica. Essas variantes podem ser selecionadas como base para demais estudos funcionais e poderão auxiliar na identificação de marcadores que estejam principalmente relacionados a características que não são controladas por *major genes* no Gir Leiteiro.

Palavras-chave: anotação funcional, Gir, indels, sequenciamento, SNV.

APLICAÇÃO DA ESPECTROSCOPIA NO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA CLASSIFICAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DA CARNE EM BOVINOS NELORE

PEREIRA, A. S.¹; MORAIS, C. L. M.²; VERARDO, L. L.³; ALBUQUERQUE, L. G.⁴; SILVA, D. B.S.⁵; MAGALHÃES, A. F. B.⁶

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, e-mail: alice.pereira.dtna@gmail.com ;

²Newsight Imaging Ltd., NEWSIGHT IMAGING;

³Professor adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

⁴Professora titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho;

⁵Professora, Universidade José Rosário Vellano – UNIFENAS (Alfenas, MG);

⁶Professora adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

As análises laboratoriais de qualidade da carne normalmente são difíceis de executar, são mais demoradas, os equipamentos são caros e específicos. Por isso, é necessário buscar um método alternativo para essas análises, tendo em vista que o intuito da coleta dessas informações serve para melhor direcionar as carcaças de acordo com os diferentes mercados consumidores e ser utilizado em programas de melhoramento genético. Nesse sentido, a espectroscopia do infravermelho próximo (NIR) pode ser uma ferramenta que permitirá a redução de custos, uma vez que não é um método destrutivo, é mais simples e rápido. O presente estudo teve como objetivo investigar a viabilidade do NIR para a força de cisalhamento e marmoreio de bovinos da raça Nelore, utilizando análise discriminante linear – algoritmo genético (GA-LDA). Amostras do músculo *Longissimus thoracis* foram retiradas para realização das análises em um espectrômetro Spectrum FT-IR (Perkin Elmer, Shelton, EUA) para obtenção dos espectros NIR em uma faixa de 4.000 a 10.000 cm⁻¹. A coleta de dados de qualidade da carne e de espectros foi descrita por Magalhães et al. (2018) e as análises estatísticas foram realizadas no software MATLAB (versão 7.9.3). As amostras de cada características foram divididas em classe de treinamento, validação e teste, utilizando o teste de Kennard-Stone e posteriormente foi feita a validação das análises do método GA-LDA, com a redução da matriz original em algumas variáveis selecionadas responsáveis pela melhor separação entre as classes. Em seguida, a análise discriminante linear (LDA) foi aplicada. A acurácia de classificação do modelo (GA-LDA) foi avaliada usando a sensibilidade e especificidade, calculadas de acordo com Baia et al. (2016). A acurácia para força de cisalhamento e marmoreio foram de 62,69% e 70,00%, respectivamente. A sensibilidade para a força de cisalhamento e marmoreio foi de 70,37% e 68,63%, respectivamente, enquanto a especificidade foi de 68,78% e 69,39% para as mesmas características. Os resultados demonstram que esta metodologia foi adequada para classificar as características de qualidade da carne. Outros estudos realizados em diversos tipos de alimento corroboram com os resultados do presente estudo. Esses trabalhos também utilizaram o método GA-LDA e relatam alta acurácia, que provavelmente, deve-se ao fato do algoritmo GA selecionar vários comprimentos de onda em uma única banda. Nesse sentido, conclui-se que o método de classificação GA-LDA mostrou-se eficaz para classificar a maciez e o marmoreio de carnes de bovinos da raça Nelore.

Palavras-chave: cisalhamento, marmoreio, NIR.

ASSOCIAÇÃO DO RENDIMENTO DE CARÇAÇA E PESO DOS ÓRGÃOS COM PESO AO ABATE E IDADE PARA OBTER 750 GRAMAS EM PERDIZES (*Rhynchotus rufescens*)

SANTOS, F. L. C. ¹, RUBIO, J. A. L. ², KELLES, K. R. ², CARDOZO, G. A. ³, SOARES, T. L. S. ¹,
SILVA, J.A.II.V. ⁴

¹Doutoranda em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”-UNESP e-mail: fl.santos@unesp.br

²Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”-UNESP

³Graduanda em Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”-UNESP

⁴Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”- UNESP

A perdiz (*Rhynchotus rufescens*) é uma ave nativa do Brasil que apresenta grande potencial para produção de carne. A sua criação para fins comerciais se mostra interessante, visto que o consumo de carne de animais silvestres representa um nicho de mercado específico, contudo, a atividade deve ser avaliada e certificada para não configurar prática ilegal. Considerando a avaliação das características produtivas, torna-se relevante conhecer as associações destas como forma de melhorar geneticamente as gerações futuras, obtendo melhor desempenho produtivo das aves. O objetivo deste trabalho foi avaliar o rendimento de carcaça, peso dos órgãos e as correlações fenotípicas com as características peso de abate (PA) e idade para atingir 750 gramas de peso (Id750). Foram avaliados 77 animais, machos e fêmeas, nascidos entre 2021 e 2022, abatidos por deslocamento cervical no abatedouro experimental de aves, localizado na Fazenda Experimental do Lageado da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Unesp, Botucatu, SP. O rendimento de carcaça (RC) foi obtido pela relação peso da carcaça eviscerada pelo peso de abate (PA) e os órgãos comestíveis, coração (Co), moela (Mo) e fígado (Fí) foram pesados após limpeza. O PA foi obtido com o animal vivo antes do abate e a Id750 foi determinada com base no ganho médio diário do animal, considerando o PA menos o peso ao nascer dividido pela idade do animal em dias no abate. As correlações de Pearson entre as características estudadas foram determinadas por meio do programa estatístico R. O rendimento da carcaça foi igual a 77,21%, apresentando similaridade com o relatado em outros estudos realizados em perdizes, indicando que *Rhynchotus rufescens* tem excelente rendimento em relação as aves comerciais. Os pesos do Co, Mo e Fí tiveram como média 2,41g, 14,0g e 13,08g respectivamente. As correlações do PA com o rendimento de carcaça e Co não foram significativas ($P>0,05$), contudo o PA apresentou correlações significativas com Mo e Fí, sendo 0,35 e 0,29 ($P<0,05$) respectivamente. Tais valores indicam que animais com maior peso vivo possuem maior peso da Mo e Fí, possivelmente devido às demandas metabólicas. Quanto as correlações das variáveis Co e Mo com Id750 estas apresentaram valores não significativos, no entanto com Fí a correlação obtida foi de -0,44 ($P<0,05$), indicando que o peso do Fí tende a diminuir com sua idade. Considerando o Id750, os resultados indicam que os animais levam em média 341 dias para atingir os 750 g, evidenciando a necessidade da redução do tempo para alcançar o peso desejado, a fim de melhorar a rentabilidade da criação de perdizes.

Palavras-chave: correlação fenotípica, rendimento de carcaça, vísceras comestíveis

ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE PESO CORPORAL E GORDURA VISCERAL EM TILÁPIA DO NILO

SCHLOTEFELDT, C.¹; CAMPOS, E.C.²; CARDOSO, A.J.S.³; BOMFIM, S.C.⁴; RIBEIRO, R.P.⁵; OLIVEIRA, C.A.L.⁶

¹Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, email: carolinaschlotefeldt@gmail.com;

²Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

³Doutor em Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁴Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

⁵Professor Associado, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

⁶Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá.

Nos programas de melhoramento genético de tilápias os objetivos de seleção com maior relevância estão fortemente associados à velocidade de crescimento, porém com o crescimento do cultivo e aumento da demanda, outros aspectos têm sido incorporados aos critérios de seleção. O acúmulo de gordura visceral em peixes pode indicar desbalanço nutricional ou ineficiência na utilização dos nutrientes para produção de proteína muscular e reservas energéticas, afetando diretamente o rendimento de cortes comerciais. Neste contexto, a utilização dessa característica como critério de seleção em programas de melhoramento genético de tilápias pode contribuir para a seleção de animais mais eficientes no uso dos nutrientes e, conseqüentemente, com maior velocidade de crescimento e rendimento de cortes comerciais. Portanto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e medidas de associação genética entre o percentual de gordura visceral e o peso corporal em tilápias do Nilo. Para isso, foram utilizados 1135 animais provenientes da 11ª geração do programa de melhoramento genético de tilápia da Universidade Estadual de Maringá (TILAMAX/UEM). Os animais foram mantidos em tanques-rede de 6m³ por aproximadamente 300 dias de cultivo e a ração fornecida foi a comercial variando a granulometria e teor de proteína bruta conforme o desenvolvimento dos peixes. A gordura visceral foi medida após a separação, embalagem e congelamento das vísceras de cada animal, o procedimento consiste em separar manualmente a gordura das vísceras. As vísceras e a gordura eram pesadas separadamente, gerando a informação para cada animal. Foram utilizados métodos Bayesianos para a estimação dos parâmetros genéticos implementados nos programas GIBBS1F90 e POSTGIBBSF90 da família BLUPF90. As estimativas de herdabilidade para peso corporal e percentual de gordura visceral foram 0.30 e 0.51, respectivamente. A correlação genética entre o peso corporal e o percentual de gordura visceral foi negativa e baixa (-0,35), porém estatisticamente significativa. Estes resultados apontam para existência de resposta direta para percentual de gordura e resposta correlacionada quando os animais são selecionados para velocidade de crescimento. Ao que foi constatado este é o primeiro estudo em que foi abordado o percentual de gordura visceral no contexto de um programa de melhoramento genético de tilápia. Os resultados observados evidenciam que é possível selecionar indivíduos para velocidade de crescimento e menor percentual de gordura visceral.

Palavras-chave: correlação genética, herdabilidade, velocidade de crescimento.

AValiação GENÔMICA USANDO UM MODELO DE NORMA DE REAÇÃO PARA PERÍMETRO ESCROTAL EM BOVINOS NELORE

CARVALHO FILHO, I¹, SCHENKEL, F.S.², LOURENCO, D.³, SILVA, D.A.⁴, ALBUQUERQUE, L.G.⁵, CARVALHEIRO, R.⁶

¹Doutorando em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, FCAV, UNESP, e-mail: i.carvalho-filho@unesp.br;

²Professor, Department of Animal Biosciences, University of Guelph;

³Professora, Department of Animal & Dairy Science, University of Georgia;

⁴Professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁵Professora, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”;

⁶Pesquisador, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”;

A seleção torna-se mais assertiva quando diferentes sistemas de produção são considerados nesse processo, pois muitos animais utilizados como reprodutores são selecionados em sistemas de criação diferentes dos quais suas progênes serão criadas. É esperado que a inclusão de informações genômicas na seleção considerando diferentes ambientes resulte no aumento da acurácia de predição e, conseqüentemente, no aumento dos ganhos genéticos nos ambientes distintos. Assim, objetivou-se avaliar o ganho em acurácia de predição (\widehat{ACC}) usando predição genômica de passo único (ssGBLUP) em comparação a predição tradicional na presença de interação genótipo ambiente (IGA) via modelo de norma de reação. Dados fenotípicos para perímetro escrotal foram obtidos do banco de dados Aliança Nelore. Após o controle de qualidade dos dados, mantendo-se apenas animais com pais conhecidos e grupos de contemporâneos (GC) com pelo menos 20 animais, 437,276 animais de 9,944 GC foram usados na análise. Ao todo 1,578,591 animais estavam presentes no pedigree, dos quais 51,485 foram genotipados com painéis de SNP com diferentes densidades e imputados para o painel HD, resultando em 460.578 SNPs após o controle de qualidade. As soluções de GC previamente estimadas usando um modelo animal (sem IGA) foram usados no modelo de norma de reação (NR) como gradientes ambientais (GA), após serem padronizados assumindo média 0 e variância 1. Apenas os gradientes entre -3 e 3 desvios padrão foram considerados. A sensibilidade genética à variação ambiental foi avaliada assumindo heteroscedasticidade residual e um polinômio segmentado linear-linear para modelar a curva fixa e a norma de reação dos efeitos aleatórios genéticos aditivos e residuais com nó no gradiente zero (médio). A validação da predição foi realizada para touros jovens genotipados, sem registro de progênie nos dados reduzidos, mas com pelo menos um registro de progênie nos dados completos, totalizando 5029 progênes de 357 touros. Os modelos foram comparados utilizando a acurácia realizada com base no método de regressão linear. Foram observadas reclassificações entre os animais e heterogeneidade da variância genética nos diferentes GA, sugerindo a presença de IGA. Os resultados para os coeficientes de regressão do modelo NR mostraram que a inclusão de informações genômicas aumentou a \widehat{ACC} em 0.07 para o intercepto, 0.04 para o a inclinação do primeiro segmento e 0.09 para a inclinação no segundo segmento. Além disso, quando os valores genéticos estimados para touros jovens genotipados foram considerados ao longo do GA, a \widehat{ACC} aumentou à medida que o GA melhorou (0.06 em média em todo o GA). Em conclusão, a predição usando ssGBLUP apresentou maior \widehat{ACC} quando comparado com a predição tradicional em todos os GA, indicando que a implementação da seleção genômica considerando a IGA seria benéfica nesta população Nelore.

Palavras-chave: acurácia de predição, interação genótipo-ambiente, spline

CARACTERIZAÇÃO DE CORRIDAS DE HETEROZIGOSIDADE NO GENOMA DA LINHAGEM DE CORRIDA DE EQUINOS QUARTO DE MILHA

SANTOS, W.B.¹, MAIORANO, A.M.², PEREIRA, C.B.³, SCHETTINI, G.P.⁴, OLIVEIRA, H.N.⁵, CURTI, R.A.⁶

¹Doutorando em Genética e Melhoramento Genético Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, e-mail: wellington.bizarria@unesp.br;

²Professora Adjunta, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Uberlândia;

³Graduanda em Zootecnia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁴Doutorando no Departamento de Ciência Animal e Avícola, Virginia Polytechnic Institute and State University;

⁵Professor Titular, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista;

⁶Professor Adjunto, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

Corridas de heterozigidade (ROHet) ou regiões particularmente ricas em heterozigidade podem revelar insights sobre a estrutura populacional e a sua história demográfica. Estudar regiões de heterozigidade tem sido desafio há anos, e apenas recentemente métodos precisos para empregar a abordagem ROHet foram disponibilizados. Assim, este estudo teve como objetivo caracterizar os padrões de ROHet que podem ter sido formados durante a seleção natural e artificial da linhagem de corrida da raça Quarto de Milha criada no Brasil. Um total de 336 indivíduos da linhagem foram genotipados com painéis de SNPs de 54K e 65K. Após a imputação de genótipos e a aplicação de controle de qualidade, 55.114 polimorfismos, considerando somente os autossomos, permaneceram para análise. O método utilizado para detectar ROHet foi o “consecutive runs” do pacote detectRUNS do programa R, o qual escaneia diretamente estas regiões no genoma, SNP por SNP. As ilhas ROHet foram definidas como regiões ricas em heterozigidade com frequências acima de 0,4 na população. O número total de ROHet detectado foi de 32.612. A maior região, com 3,94 Mbp, localiza-se no cromossomo 4. A região mais curta foi observada no cromossomo 8, com 0,25 Mbp. A classe com maior percentual de ROHet foi a de 0–2 Mbp, com 99% das observações. A classe 2–4 Mbp concentrou o 1% restante. Ilhas ROHet foram detectadas nos cromossomos 4, 5, 7, 8, 11, 23 e 25, sendo o cromossomo 7 o único a apresentar frequências acima de 0,5. Os resultados indicam a existência de diversidade genética substancial na população, possivelmente associada a uma população grande e em expansão, com contínuo “admixture”. A identificação de genes localizados nas ilhas ROHet pode ser relevante para entender adequadamente o papel biológico das regiões ricas em heterozigidade observadas no genoma da linhagem de corrida de equinos Quarto de Milha.

Palavras-chave: diversidade genética, ilhas ROHet, população em expansão

COMPARAÇÃO DE MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA ESTIMAR PARÂMETROS GENÉTICOS DO CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE VIA INFERÊNCIA BAYESIANA

SILVA, M.R.G.¹; SILVA, D.A.²; ABREU, C.P.³; SILVA, C.A.F.⁴; MARQUES, D.B.D²; LOPES, P.S.⁵.

¹ Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: maria.r.goncalves@ufv.br

² Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

³ Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁴ Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁵ Professor Voluntário, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A avaliação genética do crescimento de codornas (*Coturnix coturnix coturnix*) usando modelos de regressão aleatória (MRA) possibilita conhecer a estrutura de covariâncias genéticas entre as diferentes idades. Um passo importante na aplicação dos MRA é a escolha das funções de covariância e as ordens dos polinômios que se ajustam melhor aos dados. Assim, objetivou-se estimar componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos utilizando MRA com diferentes funções de covariâncias (polinômios ortogonais de Legendre – LEG ou B-splines – BSP) e ordens polinomiais, e com heterogeneidade (HET) ou homogeneidade (HOM) de variância residual para pesos de codornas de corte em diferentes idades via inferência Bayesiana; e escolher o modelo que melhor se ajusta aos dados. Os dados utilizados neste estudo são provenientes da linhagem experimental de codornas de corte UFV2, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Foram utilizados 65,150 registros de pesos mensurados a cada sete dias, ou seja, à eclosão, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade. Os grupos de contemporâneos, formados considerando a geração e o sexo, foram incluídos como efeito sistemático nos modelos. Os MRA foram ajustados considerando LEG (linear, quadrático ou cúbico) ou BSP (linear ou quadrático) para modelar a curva fixa aninhada dentro de geração e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente. Foram consideradas 7 classes (cada idade como uma classe) para os modelos com HET. Os modelos foram comparados com base na qualidade do ajuste (utilizando o *Deviance Information Criterion* - DIC) e nas estimativas dos parâmetros genéticos. O número de parâmetros variou de 13 a 27 quando aumentou a ordem de linear para cúbica com HET para o LEG e de 19 a 27 do linear para o quadrático com HET no BSP. O modelo linear com BSP assumindo HET apresentou o menor valor do DIC (359,553), porém a estimativa de herdabilidade para peso à eclosão considerando esse modelo foi muito baixa (menor que 0,02). Assim, o modelo cúbico com LEG assumindo HET apresentou o segundo menor valor de DIC (375,071) e estimativa de herdabilidade para peso à eclosão de 0,52, apresentando, assim, o melhor ajuste. Considerando esse modelo, de modo geral, as variâncias genéticas aditivas e de ambiente permanente estimadas aumentaram da eclosão aos 42 dias de idade e as estimativas de herdabilidade nas idades de 7 a 42 dias variaram de 0,28 a 0,39. Já as correlações genéticas entre os pesos nas diferentes idades foram positivas e de média a alta magnitudes, variando de 0,18 a 0,98. Desta forma, com base nos parâmetros genéticos e na qualidade do ajuste, conclui-se que o modelo de regressão aleatória com função polinomial de Legendre cúbica com heterogeneidade de variância residual foi o melhor modelo dentre os avaliados e deve ser utilizado na avaliação genética das curvas de crescimento das codornas de corte em estudo.

Palavras chaves: avaliação genética, b-splines, componentes de variância, herdabilidade, polinômios de legendre

CONVERGÊNCIA DE ESTIMATIVAS DE VARIÂNCIA PARA PESO AO DESMAME DE BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA

SILVA, B.N.¹; GLINS, A.C.²; RIBEIRO, E.S.C.³; AMARAL, M.C.F.³; VENTURA, H.T.⁴; BRITO, L.C.⁵

¹Graduanda em Agronomia, Universidade Federal Rural da Amazônia – Campus Capanema/PA e-mail: brenanunes1@gmail.com;

²Graduando em Bacharelado em Biologia, Universidade Federal Rural da Amazônia – Campus Capanema/PA;

³Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural da Amazônia;

⁴Superintendente Adjunto de Melhoramento Genético, Associação Brasileira dos Criadores de Zebu;

⁵Professora Adjunta, Universidade Federal Rural da Amazônia – Campus Capanema/PA.

Para obter as estimativas de componentes de (co)variância, um dos métodos utilizados é a inferência bayesiana com a implementação do Método de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) que geram várias iterações e longas cadeias, até que atinjam o equilíbrio. Deste modo, objetivou-se analisar visualmente a estacionariedade das cadeias para os componentes de variância de efeitos aleatórios para a característica de peso ao desmame padronizada aos 205 dias (P205). Os dados utilizados foram provenientes da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e consistiam de informações de bovinos da raça Tabapuã criados na Amazônia Legal. Foram utilizados registros de 91.992 informações de bovinos criados em regime de pastagem nascidos nos períodos de 1990 a 2018. A edição dos dados foi realizada com o auxílio do programa “R”. Foram considerados os efeitos sistemáticos de sexo, grupo de contemporâneo e idade da vaca ao parto. Com a finalidade de agrupar animais submetidos as mesmas condições de desenvolvimento os grupos de contemporâneos (GC) formados contém: estação, ano e fazenda de nascimento. Além disso, GC com menos de 3 animais foram excluídos e a idade da vaca ao parto (linear e quadrático) como covariável. O modelo utilizado para P205 considerou os efeitos aleatórios genéticos aditivos (direto e materno) e de ambiente permanente materno. As estimativas de componentes de variâncias e predição dos parâmetros genéticos foram estimadas pela abordagem bayesiana utilizando os programas da Família F90 (BLUPF90). Dentre os programas, foram utilizados o RENUMF90 (renumerar o cartão de parâmetros e corrige o pedigree) e o GIBBS3F90 (gera a cadeia MCMC e aplica o amostrador de Gibbs). A convergência foi verificada pela inspeção visual dos gráficos de cadeia (trace plots) para cada componente de variância. O componente de variância genético aditivo foi o que apresentou maior número de iterações para que a cadeia atingisse o equilíbrio (1.200.000). Isso ocorre porque as matrizes são mais complexas e estão presentes informações de pedigree. Para as cadeias geradas para o componente genético materno e de ambiente permanente materno, observou-se menor número de iterações para que a cadeia atingisse a estacionariedade (500 mil). Além disso, foram os componentes que mais facilmente alcançaram a estacionariedade, seguida do componente de variância residual. Para chegar a essa conclusão, foram observados os valores de componentes de variância e herdabilidade, que visualmente não foram afetadas pelo incremento no tamanho das cadeias. Portanto, se é estabelecida uma ordem de prioridade, maior atenção deve ser empregada à estacionariedade do componente de variância genético aditivo, uma vez que esta tendência atinja o equilíbrio, os demais também atingirão.

Palavras-chave: avaliação genética, bayesiana, variância

CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE PESO AO NASCER E MORTALIDADE EM CODORNAS DE CORTE

CARVALHO M.P.L.¹; SANTOS, G.C.²; PEREIRA, J.R.²; FERNANDES, A.A.S.², VERARDO, L.L.³,
MAGALHÃES, A.F.B.³

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales Jequitinhonha e Mucuri, email: lorena.carvalho@ufvjm.edu.br

²Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

³ Professor adjunto do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

No melhoramento de codornas de corte, as características de crescimento são critérios de seleção coletados rotineiramente, por ser de fácil mensuração e de baixo custo. No entanto, existem outros fatores que afetam muito a coturnicultura e que precisam ser estudados geneticamente antes de serem incluídos em programas de seleção, dentre eles pode-se citar a mortalidade. Objetivou-se com este trabalho estimar a correlação genética entre peso ao nascimento e mortalidade em uma linhagem experimental de codorna de corte. No estudo foram utilizadas 2.406 observações de pesos ao nascer e mortalidade da linhagem LF2 de codornas de corte (*Coturnix coturnix*) distribuídos em quatro gerações, provenientes do Setor de Coturnicultura, do Departamento de Zootecnia da UFVJM/Diamantina - MG. A característica de mortalidade foi codificada como binária, ou seja, às codornas com peso ao nascer, mas que não possuíam peso aos 35 dias de idade foi atribuído um valor de 1, enquanto as codornas registradas com peso ao nascimento e aos 35 dias receberam o valor 2. A correlação genética foi estimada por inferência bayesiana, usando o software GIBBSF90+, com 1.000.000 de iterações, descarte inicial de 15.000 e intervalo de 10 iterações. O modelo animal bicaracterística utilizado levou em consideração os efeitos fixos de geração e os efeitos genéticos aditivos e residuais como aleatórios. Os animais apresentaram um peso médio ao nascer de $9,68 \pm 0,93$ g e taxa de mortalidade de 19%. Foi observado uma estimativa de correlação genética entre peso ao nascer e mortalidade de -0,014, com intervalo de confiança (95%) variando de -0,18 a 0,17. A estimativa de correlação genética foi praticamente nula, indicando que a seleção para peso ao nascimento de codornas de corte não causará progresso genético na redução da mortalidade. Com isso, conclui-se que essas características são determinadas por diferentes conjuntos de genes de ação aditiva e por isso, ambas podem ser consideradas no programa de seleção de codornas da linhagem de corte LF2.

Palavras-chaves: coturnicultura, melhoramento, seleção

Agradecimentos: FAPEMIG, CNPQ (407667/2021-0) e a UFVJM.

CORRIDAS DE HOMOZIGOSE NO GENOMA DA LINHAGEM DE CORRIDA DE EQUINOS QUARTO DE MILHA

PEREIRA, C.B.¹, SANTOS, W.B.², MAIORANO, A.M.³, SCHETTINI, G.P.⁴, OLIVEIRA, H.N.⁵, CURTI, R.A.⁶

¹Graduanda em Zootecnia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, e-mail: buenocamila14@gmail.com;

²Doutorando em Genética e Melhoramento Genético Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista;

³Professora Adjunto, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Uberlândia;

⁴Doutorando no Departamento de Ciência Animal e Avícola, Virginia Polytechnic Institute and State University;

⁵Professor Titular, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista;

⁶Professor Adjunto, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

Estudos de corridas de homozigose (ROH) têm sido realizados em várias espécies de importância econômica como bovinos de corte e de leite, ovinos e equinos. A caracterização de ROH tornou-se abordagem essencial para estimar a endogamia em populações a nível genômico, permitindo inferir a história demográfica das populações e regiões do genoma sob seleção. O objetivo do presente estudo foi estimar o coeficiente de endogamia genômico (F_{ROH}) e caracterizar as ilhas ROH na linhagem de corrida de cavalos da raça Quarto de Milha, criada no Brasil. Um total de 336 indivíduos foram genotipados com painéis de aproximadamente 54.000 e 65.000 marcadores do tipo SNP. Após a imputação e a aplicação do controle de qualidade de genótipos, 55.114 SNPs de cromossomos autossomos permaneceram para a análise. O método utilizado para detectar o ROH foi o de SNP consecutivos (“*consecutive-SNP*”) do pacote detectRUNS do programa R, escaneando o genoma SNP por SNP. O F_{ROH} foi calculado para cada animal considerando informações de cinco classes diferentes de ROH obtidas com base no comprimento (1-2 Mbp, 2-4 Mbp, 4-8 Mbp, 8-16 Mbp, e > 16 Mbp). As ilhas ROH foram definidas como regiões ricas em homozigose com frequência acima de 50% na população. O número total de ROH detectadas, considerando as cinco classes, foi de 46.594. A classe com o maior percentual de observações foi a de 1-2 Mbp (50,71%), o que indica a prevalência de segmentos em homozigose curtos na linhagem brasileira de cavalos de corrida da raça Quarto de Milha. A classe com menor percentual de observações foi a de > 16 Mbp (1,79%). As estimativas de F_{ROH} variavam de 0,11 a 0,33, com média de 0,19. No total, 22 ilhas ROH foram identificadas nos cromossomos 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 14, 17, 18, e 23. Os resultados indicam que a linhagem de corrida apresenta endogamia relativamente alta, como consequência de acasalamentos frequentes de animais parentes. A identificação das ilhas ROH pode ser relevante para revelar regiões genômicas e genes sob forte seleção positiva recente e, portanto, para auxiliar no melhoramento genético da linhagem e no monitoramento dos acasalamentos.

Palavras-chave: corridas de homozigose, endogamia, equideocultura, nucleotídeos

DESCARTE DE CARACTERÍSTICAS REDUNDANTES DE UM CONJUNTO DE DADOS DE ANIMAIS DA RAÇA BRAHMAN

SOARES, T.L.S.¹, VALENTE, F.L.J.², SANTOS, F. L. C.³, VALENTE, J.P.S.³, KELLES, K.R.⁴, MERCADANTE, M.E.Z.⁵

¹Doutoranda em Ciência Animal, Departamento de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, email: tainara.soares@unesp.br;

²UBERBRAHMAN, Uberlândia-MG e Valença-RJ;

³Doutoranda em Ciência Animal, Departamento de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”;

⁴Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”;

⁵Pesquisadora, Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto e Zootecnia, SAA-SP.

Os programas de melhoramento genético têm incluído diversas características nas avaliações dos animais. Para o produtor, essas informações são fornecidas em forma de DEP (Diferença Esperada na Progenie) disponibilizadas em sumários de touros. Contudo, a grande quantidade de variáveis pode dificultar a escolha de reprodutores, principalmente quando a seleção é realizada para mais de uma característica. A análise de componentes principais (CP) é uma técnica multivariada que possibilita reduzir um conjunto de dados, composto por variáveis relacionadas, sem perdas significativas de informações. Essa abordagem permite eliminar características redundantes que pouco contribuem para a variação total dos dados. O objetivo desse estudo foi reduzir um conjunto de DEPs utilizando análises de CP. Os dados utilizados pertencem ao projeto “Avaliação Genética e Seleção de Bovinos da Fazenda UberBrahman e Estimativa do Impacto em Fazendas Clientes e Parceiras”. A avaliação genética dos animais foi realizada pelo Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de P&D de Bovinos de corte, no ano de 2021. Foram utilizadas DEPs de 12.730 animais da raça Brahman. As características avaliadas foram: peso aos 210 dias de idade - efeito direto (P210d), peso aos 210 dias de idade – efeito materno (P210m), peso aos 365 dias de idade (P365), peso aos 450 dias de idade (P450), perímetro escrotal (PE), estrutura (E), precocidade (P), musculatura (M), umbigo (U), características raciais (R), aprumos (A) e características sexuais (S). Os dados foram padronizados e posteriormente submetidos à análise de CP e análise de correlação simples utilizando o *software* R (R Project, <http://www.r-project.org>). Sete componentes principais apresentaram autovalor menor que 0,7, portanto sete características foram passíveis de descarte. As características eliminadas foram aquelas que apresentaram maior associação (valor absoluto) com os CP de menor variabilidade. A partir do último CP, as características sugeridas para descarte foram: S, P365, A, P, E, P210d e PE, ou seja, 58,33% das características avaliadas são passíveis de descarte por serem associadas com os componentes principais que apresentaram menores variabilidades. As características responsáveis pela maior variação dos dados e sugeridas para serem mantidas são: P450, M, R, P210m e U. A análise de correlação simples demonstrou que as características sugeridas para o descarte apresentam alta correlação com as características a serem mantidas, portanto, são redundantes. Conclui-se que os componentes principais são eficientes para auxiliar no descarte de características redundantes de conjuntos de dados composto por muitas variáveis.

Palavras-chave: Componentes Principais, Bovinos de Corte, Sumário de Touros, Análise Exploratória

EFEITO DA ENDOGAMIA EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ CRIADOS NA AMAZÔNIA LEGAL

SILVA, B.N.¹; CÂMARA, G.M.S.²; GLINS, A.C.³; AMARAL, M.C.F.⁴; VENTURA, H.T.⁵; BRITO, L.C.⁶

¹Graduanda em Agronomia, Universidade Federal Rural da Amazônia – Campus Capanema/PA e-mail: brenanunes1@gmail.com;

²Mestranda em Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba;

³Graduando em Bacharelado em Biologia, Universidade Federal Rural da Amazônia – Campus Capanema/PA;

⁴Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural da Amazônia;

⁵Superintendente Adjunto de Melhoramento Genético, Associação Brasileira Criadores de Zebu;

⁶Professora Adjunta, Universidade Federal Rural da Amazônia – Campus Capanema/PA.

A consanguinidade ou endogamia é uma consequência do acasalamento, intencional ou não, de animais aparentados e pode causar prejuízos na produção quando administrada de forma incorreta. Dessa forma, o objetivo com este trabalho é analisar a estrutura populacional por meio da análise de pedigree de bovinos Tabapuã criados na Amazônia Legal. As informações de genealogia foram provenientes de rebanhos da raça Tabapuã, disponibilizados pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), participantes do Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ). A base de dados foi editada no programa “R” e a estrutura populacional analisada no pacote “OptiSel” e no programa ENDOG. No pacote “OptiSel” foram analisadas informações de 151.028 animais, sendo 85.924 fêmeas e 65.104 machos. Um total de 49.792 animais possuem progênie, sendo 2.732 touros e 47.060 vacas, e sem progênie são 101.236 animais. Foram identificados 18.169 animais somente com o pai desconhecido e 17.677 animais com mãe desconhecida. Os machos e fêmeas que possuem pai e mãe desconhecidos totalizam 1.375 e 13.953, respectivamente. Também foi possível encontrar animais que não conhecem pai ou mãe, sendo um total de 16.433, diferenciando dos animais que não conhecem pai e mãe com um número de 19.413. Com isso, foi analisado que 84.318 (55,4%) dos animais são endogâmicos, e por outro lado, 67.815 não são endogâmicos. A média do coeficiente de endogamia (F) foi de 1,32% e 2,39% entre todos os animais e somente os endogâmicos, respectivamente, com um máximo encontrado de 42,2%. No ENDOG foram analisados 150.628 animais, que possuíam um coeficiente de parentesco médio de 2,12%. O tamanho efetivo da população foi de 132,21 e um número efetivo de fundadores de 102. As médias de gerações máximas, completas e equivalentes foram, respectivamente, de 6,37, 2,16 e 3,81. O número de fundadores, fundadores equivalentes e a contribuição ancestral para a população de referência foram, em ordem de 12.563, 11.903 e 12.617 respectivamente. A média do coeficiente de endogamia é considerado baixo, o que pode estar relacionado a baixa completude do pedigree ou ao efetivo controle da endogamia na população. Sempre é necessário a adoção de medidas para manter ou aumentar a variabilidade genética da população para viabilizar o processo seletivo e o baixo índice de endogamia da população em geral, pois o mesmo pode causar depressão de várias características economicamente importantes em bovinos de corte. Portanto, é imprescindível acompanhar a estrutura populacional e os níveis de endogamia para evitar a depressão endogâmica em populações submetidas ao melhoramento genético, sendo essencial para o desenho de políticas de conservação das espécies.

Palavras-chave: depressão endogâmica, melhoramento genético, pedigree

EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE A VARIÁVEL LATENTE MACIEZ EM LINHA MACHO DE FRANGOS COMERCIAL

KELLES, K.R.¹; PAIVA, J.T.²; MATTOS, E. C.³; ELER, J. E.⁴; FERRAZ, J. B. S.⁴; GAYA, L. G.⁵

¹Mestrando em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, email: kelvin.kelles@unesp.br;

²Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Roraima;

³Técnica em informática Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo;

⁴Professor Titular, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo;

⁵Professora Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei.

A endogamia é um importante sistema de acasalamento utilizado no fluxograma de produção das aves para fixação de características através do aumento da homozigose. Objetivou-se neste estudo, estimar os efeitos da endogamia sobre a variável latente (ou fator) maciez, encontrada a partir da análise de fatores pré-existente em uma população de 107.154 de frangos de corte linha macho comercial. A variável latente maciez foi originada a partir da relação entre as variáveis: perda líquida por exsudação, por descongelamento e por cozimento (em porcentagem) (todos expressos em porcentagem) e força de cisalhamento (em quilogramas-força) da carne. Todas as análises estatísticas para os cálculos envolvendo o coeficiente de endogamia foram realizadas no software R (R version 4.2.0), adotando-se o nível de 5% de significância. O coeficiente de endogamia foi calculado por meio do pacote *pedigree*, pela função `calcInbreeding`. A priori, foi proposto a análise de regressão simples do fator maciez em função dos coeficientes de endogamia. Os testes realizados para verificação das pressuposições do modelo de regressão foram Shapiro-Wilk e Breusch-Pagan, com o intuito de avaliar se o fator assume distribuição normal e se há homogeneidade das variâncias. Em caso de não normalidade do fator, foi proposto a transformação quadrática com a soma uma constante de valor 4, com o propósito de que a resolução (valor) da raiz quadrada fosse maior do que 0. Devido à persistência da não normalidade do fator, a análise de regressão não paramétrica foi o recurso utilizado, por meio do teste de regressão linear proposto Theil-Sen através da função *mblm*. O coeficiente de endogamia médio calculado para essa população foi de 0,01144. O teste de Shapiro-Wilk apontou para não normalidade ($p < 0,05$) da regressão do coeficiente de endogamia em função da variável em estudo, mesmo sendo realizado a transformação. Por meio da análise de regressão não paramétrica de Theil-Sen, o modelo de regressão da variável latente maciez em função do coeficiente de endogamia foi significativo ($p = 0,0479$). A equação da regressão é dita como, $Y = X + 0,0319$, na qual Y corresponde a variável latente maciez e X o coeficiente de endogamia. Percebe-se a tendência de perdas de água e aumento da força de cisalhamento, assim a qualidade da carne é prejudicada. Os rendimentos e a qualidade da carne podem ser alterados pelo incremento do coeficiente, já que com o seu aumento, maiores são as perdas de água, não sendo interessante para o consumidor e para a indústria. Já a força de cisalhamento, quanto maior, mais dura será a textura da carne. Portanto, ao realizar o manejo reprodutivo das próximas gerações dessa população, o sistema de acasalamento e a seleção devem ser considerados, pois o aumento do coeficiente de endogamia poderá acarretar em problemas futuros relacionados à qualidade da carne.

Palavras-chave: acasalamento, avicultura, análise de fator, homozigose, qualidade da carne.

EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE A VARIÁVEL LATENTE PESO EM LINHA MACHO DE FRANGOS COMERCIAL

KELLES, K.R.¹; HENRIQUES, R.F.²; MATTOS, E. C.³; ELER, J. E.⁴; FERRAZ, J. B. S.⁴; GAYA, L.G.⁵

¹Mestrando em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, email: kelvin.kelles@unesp.br;

²Doutoranda em Ciência Animal, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul;

³Técnica em informática Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo;

⁴Professor Titular, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo;

⁵Professora Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei.

O monitoramento do coeficiente de endogamia dentro de uma população é um importante parâmetro para os programas de melhoramento genético animal, pois o seu aumento pode causar problemas de perda da diversidade genética e diminuição do ganho genético, além do efeito causado no desempenho dos animais. Objetivou-se estimar os efeitos da endogamia sobre a variável latente (ou fator) peso, encontrada a partir da análise de fatores pré-existente, em uma população de linha macho de frangos de corte comercial. A variável latente peso foi originada a partir das variáveis: peso corporal aos 7, 35 e 42 dias, peso corporal eviscerado, peso do peito e peso da perna, todos expressos em gramas. A matriz de parentesco possuía 107.154 registros com informações do animal, pai e mãe. O coeficiente de endogamia de cada indivíduo foi calculado por meio do pacote *pedigree*, pela função `calcInbreeding` no *software* estatístico R (R version 4.2.0). A análise de regressão foi utilizada para estimar o efeito do coeficiente na variável latente por análises de regressão. Os testes realizados para verificação das pressuposições do modelo de regressão foram Shapiro-Wilk e Breusch-Pagan, com o intuito de avaliar se o fator assume distribuição normal e apresenta homogeneidade das variâncias, considerando-se nível de significância estatística de 5%. Em caso de não normalidade do fator, propôs-se transformação quadrática com a soma de uma constante de valor 4, com o propósito de que a resolução (valor) da raiz quadrada fosse maior do que 0. Por ocasião da persistência da não normalidade do fator, a análise de regressão não paramétrica foi o recurso utilizado, por meio do teste de regressão linear proposto por Theil-Sen através da função `mblm` no *software* estatístico R (R version 4.2.0). O coeficiente de endogamia médio calculado para essa população foi de 0,01144. O modelo de regressão do fator peso em função do coeficiente de endogamia antes e depois da transformação dos dados demonstrou uma distribuição não normal ($p < 0,05$). Desta forma, a análise de regressão não paramétrica de Theil-Sen foi utilizada, na qual o modelo de regressão foi significativo ($p = 0,00023$). A equação da regressão é dita como, $Y = -1,42X + 0,0932$, na qual Y corresponde a variável latente peso e X o coeficiente de endogamia. Percebe-se que o peso tende a diminuir com o aumento do coeficiente de endogamia, sugerindo perdas nas características originais que compõem o fator. A endogamia pode ocasionar o aparecimento de genes deletérios recessivos devido ao aumento da homozigose, assim, anomalias congênitas que somente se manifestariam na homozigose recessiva, podem se tornar mais frequentes. O controle do coeficiente de endogamia, por meio de direcionamento dos acasalamentos, é necessário, pois como é observado neste trabalho, o aumento deste coeficiente pode causar perdas na produção para essa população devido à depressão endogâmica.

Palavras-chave: avicultura, análise de fator, normalidade, Theil-Sen

EFEITO DO GRUPO GENÉTICO EM CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA DE SUÍNOS

DIAS, L.C.C.M.¹, REIS, A.C.Z.¹, GARCIA, A.O.¹, ABREU, C.P.², MARQUES, D.B.D.³, VERONEZE, R.³

¹Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: layla.dias@ufv.br;

²Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Os programas de melhoramento reduziram drasticamente a espessura de gordura da carcaça suína, aumentaram o conteúdo de carne e fornecem animais com crescimento acelerado e eficientes para os suinocultores. A maior produtividade das linhas melhoradas levou a substituição das raças locais nos sistemas de produção, fazendo com que raças como a Piau se tornassem ameaçadas de extinção. A utilização de cruzamentos para a produção de produtos de alto valor agregado pode ser uma solução para fomentar a conservação do Piau, mas para tal é preciso conhecer as potencialidades da raça. Assim, o objetivo desse trabalho foi comparar o rendimento de carcaça de suínos de quatro grupos genéticos distintos: Large White (LL) e Piau (PP) puros, Piau x Large White (PL) e Duroc x Large White (DL). O trabalho foi realizado na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento de Suínos da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Foram utilizados 39 machos castrados, sendo 9 LL, 6 PP, 11 PL e 13 DL. Durante as fases de recria e terminação animais foram alojados em baias individuais e submetidos às mesmas condições nutricionais e de manejo, com ração e água à vontade. Os animais foram abatidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão Frigorífico Escola da UFV com idade média de 177 dias. Foram aferidos: peso da carcaça quente (PCQ) e fria (PCF), rendimento de carcaça quente (RCQ), rendimento de carcaça fria (RCF), espessura de toucinho (ET) e área de olho de lombo (AOL). Os dados foram analisados utilizando os pacotes *stats* e *agricolae* do software R. As médias dos grupos genéticos foram comparadas pelo teste de Tukey. O teste F da ANOVA foi significativo ($P < 0,05$) para todas as variáveis. Animais do cruzamento DL apresentaram maior peso de carcaça quente (122 Kg) e fria (119,04 Kg) em comparação aos demais grupos avaliados, conforme esperado, por se tratar de uma raça não selecionada, o Piau apresentou menor média para ambos os pesos (64,47 Kg e 63,14 Kg). Animais PL apresentaram pesos de carcaça quente e fria intermediários (93,53 Kg e 91,61 Kg) e que diferiram dos demais grupos. O rendimento de carcaça quente não diferiu significativamente entre os grupos LL (81,74%) e DL (81,05%), o Piau apresentou o menor rendimento (79,46%), contudo a média não difere do PL (80,68%). O RCF apresentou o mesmo padrão do RCQ, contudo animais DL não diferiram dos grupos PL e PP. Conforme esperado, a ET foi significativamente superior nos grupos PL (36,38 mm) e PP (30,02 mm), porém, o grupo PL (36,75 cm²) apresentou AOL maior que o PP (27,04 cm²), mas inferiores aos grupos DL (62,63 cm²) e LL (56,85 cm²) que, por sua vez, não diferem significativamente. A raça Piau apresentou maior conteúdo de gordura na carcaça e menor peso de carcaça, contudo o cruzamento com animais Large White resultou em maior peso da carcaça quente e fria e AOL.

Palavras-chave: rendimento de carcaça, suínos, grupo genético, piau, heterose

EFEITO DO GRUPO GENÉTICO NO DESEMPENHO DE SUÍNOS NA CRECHE

EMERENCIANO, C.M.S.¹, DIAS, L.C.C.M.², ABREU, C.P.³, PIRES, C.¹, MÁXIMO, N.S.³, VERONEZE, R.⁴

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: camila.emerenciano@ufv.br;

²Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁴Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A menor produtividade das raças locais de suínos fez com que elas fossem substituídas por linhas melhoradas e passassem a ser ameaçadas de extinção. A fase de creche é um período crítico para os leitões, uma vez que o estresse causado pela desmama resulta em maior susceptibilidade a doenças o que pode levar à um menor crescimento nessa fase e impactar o desempenho durante toda a fase de crescimento. Avaliar o desempenho da raça Piau e de seus cruzamentos nessa fase é substancial para entender o potencial da raça para a inserção em nichos de mercado. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a performance de leitões das raças puras Piau (PP) e Large White (LL) e dos cruzamentos Piau x Large White (PL) e Duroc x Large White (DL) na fase de creche. O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento de Suínos na Universidade Federal de Viçosa, localizada na cidade de Viçosa do estado de Minas Gerais, Brasil. Foram utilizados 69 leitões, machos e fêmeas, em cada baia foram alojados 3 animais, com peso similar, pertencentes ao mesmo sexo e grupo genético. A creche possui galpão de alvenaria, com gaiolas suspensas e os animais receberam água e ração à vontade. Durante todo o período de creche as sobras de consumo foram coletadas e pesadas para posterior determinação do consumo médio dos animais (CRMD) e da conversão alimentar (CA). Além disso, os animais foram pesados aos 35, 49 e 63 dias para verificação do desempenho. As análises foram realizadas utilizando o software R, os grupos genéticos foram comparados pelo teste de Tukey ($P < 0,05$). Não houve diferença entre animais DL (0,227 Kg/dia) e LL (0,252 Kg/dia) e DL e PL (0,167 Kg/dia) no ganho de peso diário (GPD) da desmama aos 35 dias. Dos 35 aos 63 dias animais DL (0,587 Kg/dia) e LL (0,546 Kg/dia) e LL e PL (0,505 Kg/dia) não diferiram quanto ao ganho de peso. Animais Piau apresentaram menor GPD em ambas as fases avaliadas, 0,071 Kg/dia da desmama aos 35 dias e 0,277 Kg/dia dos 35 aos 63 dias. Animais LL e DL e PL apresentaram menor conversão alimentar (CA) em comparação ao Piau e não diferiram entre si da desmama aos 35 dias e dos 36 aos 63 dias. Os resultados mostram excelente performance na fase de creche de animais PL, o que pode, em parte, ser explicado pelo efeito da heterose, e revelam potencial do Piau para utilização em cruzamentos com raças comerciais.

Palavras-chave: grupo genético, desempenho, suínos, heterose, ganho de peso, piau

EFEITO DO GRUPO GENÉTICO NO pH DE CARCAÇAS SUÍNAS

MÁXIMO, N.S.¹, DIAS, L.C.C.M.², SILVA, M.R.G.¹, PEDROSA, L.B.³, LACERDA, M.C.M.³,
VERONEZE, R.⁴

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: natanieli.maximo@ufv.br;

²Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁴Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Atualmente, os programas de melhoramento de suínos, além de buscarem animais mais eficientes e rentáveis, desejam animais com melhores parâmetros de qualidade de carne. Os processos metabólicos que ocorrem no músculo do animal vivo, após o abate e durante a maturação da carne impacta diretamente as propriedades da carne, sendo o pH um dos principais fatores. As raças Duroc e Large White são amplamente utilizadas em sistemas de produção de suínos, ambas são intensamente selecionadas principalmente para características produtivas, contudo a raça Duroc é conhecida por possuir melhor qualidade de carne. Animais da raça brasileira Piau, possuem um maior teor de gordura, portanto, pressupõe-se que a carne de suínos dessa raça possuem qualidade superior às raças ou cruzamentos comerciais. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi comparar o pH do músculo de animais das raças Piau (PP) e Large White (LL) e dos cruzamentos Duroc x Large White (DL) e Piau x Large White (PL) aferido em três períodos: hora do abate (pH0), 45 minutos *post mortem* (pH45) e 24 horas após o abate. O trabalho foi realizado na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento de Suínos da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Foram utilizados 39 machos castrados, sendo 6 PP, 9 LL, 13 DL e 11 PL. Durante as fases de recria e terminação os animais foram alojados em baias individuais de alvenaria e foram submetidos as mesmas condições nutricionais e de manejo, com ração e água à vontade. Os abates ocorreram na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão Frigorífico Escola da UFV. Para aferição do pH foi utilizado um pHmetro (DIGIMED, DM-20) alocado entre as 12^a e 13^a vértebras das meia-carcaças esquerdas. Os dados foram analisados utilizando os pacotes *stats* e *agricolae* do software R. As médias dos grupos genéticos foram comparadas pelo teste de Tukey. O teste F da ANOVA foi significativo ($P < 0,05$) para todas as variáveis. Para pH0, o LL (6,15) apresentou o menor pH no músculo, mas que não diferiu do PL (6,25), enquanto DL (6,55) e PP (6,63) apresentaram pH maiores, que não diferem entre si e nem do grupo PL. Em pH45, o PL (6,00) e LL (6,03) apresentaram menores valores de pH, mas que não diferem do DL (6,21), enquanto o PP apresentou maior valor de pH (6,36) mas que também não difere do grupo DL. Para todos os grupos, os valores observados de pH45 são considerados normais ($> 6,0$), valores de pH45 abaixo de 5,8 são indesejáveis uma vez que são indicativos de carne PSE. Para pH24, o LL (5,67) apresentou menor pH, mas que não difere significativamente dos grupos DL (5,80) e PL (5,76). Animais PP apresentaram valor de pH 24 de 6,03, o qual não difere dos grupos DL e PL. O pH24 está relacionado a capacidade de retenção de água, cor e tempo de prateleira, sendo que valores entre 5,6 e 5,9 são considerados normais. Alguns autores reportam que raças locais apresentam menor capacidade glicolítica, o que pode explicar o maior pH observado para a raça Piau.

Palavras-chave: pH, qualidade de carne, suínos, piau, duroc

EFEITOS DE ENDOGAMIA E DOMINÂNCIA NO MODELO ANIMAL PARA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUÍNOS

OLIVEIRA, L.F.¹, REIS, A. C. Z.¹, SANTOS, C. G.¹, SILVA, D. A.², MARQUES, D. B. D.²; VERONEZE, R.²

¹Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: leticia.f.oliveira@ufv.br;

²Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A inclusão da endogamia e efeitos genéticos não aditivos em modelos de avaliação genética podem melhorar o ajuste de modelos e promover a obtenção de parâmetros genéticos e valores genéticos mais acurados. Neste estudo objetivou-se avaliar o impacto da inclusão do coeficiente de endogamia como covariável e o efeito aleatório de dominância no ajuste do modelo animal e na estimação de parâmetros genéticos em suínos. Para as análises, foi utilizado um banco de dados públicos incluindo fenótipos pré-corrigidos para os efeitos fixos, genótipos e pedigree, sendo incluídas duas características (t2 e t3), reportadas como apresentando herdabilidades moderadas, com 2715 e 3141 observações, respectivamente. O banco de dados incluiu 3534 animais genotipados para 52843 SNPs. Após o controle de qualidade (MAF \geq 0.01, call rate \geq 90% e HWE \geq 10-5) 40828 SNPs permaneceram para as análises. Foram ajustados os seguintes modelos: MA: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MAI: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{f}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MAD: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{d} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MAID: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{f}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{d} + \boldsymbol{\varepsilon}$; em que \mathbf{y} é o vetor de fenótipos corrigidos para efeitos fixos; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos que inclui apenas a média; \mathbf{f} é o vetor de coeficientes de endogamia; \mathbf{b} é o vetor de depressão endogâmica; \mathbf{a} é o vetor de efeitos genéticos aditivos, $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{G}_A\sigma_a^2)$, sendo σ_a^2 variância genética aditiva e \mathbf{G}_A matriz de parentesco genético aditivo; \mathbf{d} é o vetor de desvio de dominância, $\mathbf{d} \sim N(0, \mathbf{G}_D\sigma_d^2)$, sendo σ_d^2 variância de dominância e \mathbf{G}_D matriz de parentesco de dominância; $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_\varepsilon^2)$, sendo σ_ε^2 variância residual; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência dos efeitos fixo e genéticos, respectivamente. Foi utilizado o software ASREML 4.1 para obtenção dos componentes de variância. Os modelos ajustados foram comparados pelo critério de informação de Akaike (AIC). Para a característica t2, o modelo MA apresentou o menor AIC (2710,436), enquanto para a característica t3 o modelo MAI apresentou melhor ajuste (AIC = 2619,590). Portanto, para a população e características avaliadas a inclusão do efeito de dominância não melhoraram o ajuste dos modelos, enquanto a inclusão da endogamia melhorou o ajuste do modelo apenas para a característica t3. As estimativas de variância genética aditiva usando diferentes modelos foram similares entre 0,2926 e 0,2946 para t2 e de 0,1845 a 0,1881 para t3. As estimativas de herdabilidade foram praticamente idênticas entre os modelos (de 0,2680 a 0,2696 para t2 e de 0,2045 a 0,2083 para t3). As estimativas de variância de dominância usando os modelos MAD e MAID foram baixas e similares (0,0221 e 0,0224, respectivamente, para t2; 0,0186 e 0,0194, respectivamente, para t3). Embora tenham sido observadas diferenças no ajuste do modelo, o impacto do modelo nos parâmetros genéticos pode ser negligenciado para as características avaliadas.

Palavras-chave: efeito genético não-aditivo, herdabilidade, predição genômica

ENDOGAMIA VIA PEDIGREE E CORRIDAS DE HOMOZIGOSE E SEU EFEITO NA PRODUÇÃO DE LEITE DE UMA SUBPOPULAÇÃO GENOTIPADA DE BOVINOS GUZERÁ

CARRARA, E.R.^{1*}; PEIXOTO, M.G.C.D²; BRUNELI, F.A.T.²; VENTURA, H.T.³; VERONEZE, R.¹; LOPES, P.S.¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil, *email: eulacarrara@gmail.com;

²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil;

³Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, Uberaba, Minas Gerais, Brasil.

A endogamia ocorre pelo acasalamento de indivíduos que estão relacionados entre si por ascendência. Como consequência, há o aumento da homozigose nas progênes, aumentando também a chance de expressão de genes recessivos deletérios, levando à depressão endogâmica. Tradicionalmente, o coeficiente de endogamia é obtido por meio de genealogia, mas, com a disponibilidade de tecnologias de genotipagem e sequenciamento do genoma, novas oportunidades surgiram para acessar esse parâmetro na população. Nesse contexto, as corridas de homozigose (ROH) constituem uma excelente ferramenta pois são segmentos contínuos de DNA em homozigose e possuem alta correlação com segmentos que são idênticos por descendência. Assim, o nosso objetivo foi estimar os coeficientes de endogamia por meio de genealogia (F_{PED}) e de ROH (F_{ROH}), e verificar seus efeitos sobre a produção de leite truncada aos 305 dias (PL305) de uma subpopulação genotipada de bovinos Guzerá. Um modelo animal misto unicaracterístico que incluiu o efeito fixo de grupos de contemporâneos, idade ao parto como covariável e efeito aleatório de animal foi ajustado para obtenção dos valores genéticos dos animais e dos coeficientes de endogamia. Foram utilizados registros de PL305 de 5.229 vacas primíparas e um arquivo de genealogia contendo 433 mil animais. A PL305 corrigida foi obtida como a soma do valor genético e o resíduo. Para as ROHs, foram utilizados 1.733 animais genotipados para 44.284 SNPs. Embora F_{PED} tenha sido obtido para a população completa, todas as comparações entre F_{PED} e F_{ROH} englobaram apenas a subpopulação de 1.733 animais genotipados. A depressão endogâmica foi verificada por meio de regressão linear dos fenótipos corrigidos nos coeficientes de endogamia. O F_{PED} médio foi igual a 0,007 ($\pm 0,022$) e o F_{ROH} médio foi igual a 0,023 ($\pm 0,0003$). A correlação de Pearson entre F_{PED} e F_{ROH} foi igual a 0,31. As ROHs foram capazes de captar a endogamia mais antiga, uma vez que para animais nascidos antes de 1999 o valor médio de F_{PED} foi zero e o valor médio de F_{ROH} foi 0,016. Os coeficientes angulares da regressão (β) não foram significativos considerando um nível de 5%, ou seja, não foi detectada depressão endogâmica em PL305 considerando F_{PED} e F_{ROH} . Para F_{PED} o β foi igual a 5,65% ($\pm 15,10$; p-valor > 0,724) e para F_{ROH} o β foi igual a -5,25 ($\pm 12,72$; p-valor > 0,680). Embora os valores de F_{PED} e F_{ROH} estejam abaixo dos valores reportados para outras raças bovinas e não tenha sido identificada depressão endogâmica em PL305 considerando a subpopulação estudada, o nível de endogamia da população não deve ser negligenciado e deve ser monitorado com frequência.

Palavras-chave: autozigose, endogamia, gado leiteiro, Zebu.

Agradecimentos: UFV, CAPES, CNPq, FAPEMIG, CBMG², Embrapa Gado de Leite e ABCZ.

ESTIMATIVA DA HERDABILIDADE PARA IDADE À PRIMEIRA OVIPOSIÇÃO EM *ESCARGOTS CORNU ASPERSUM MAXIMUM*, SOB CONFINAMENTO TOTAL

SILVA, N. C.¹, PAIVA, J. T.², LEÔNCIO, T. A.³, MIRANDA, C. F.³, REIS, A. C. Z.⁴, GAYA, L. G.⁵.

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei; email: nataliacax123@gmail.com

²Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Roraima;

³Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei;

⁴Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁵Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei.

A criação de escargots é definida como helicicultura, sendo os caracóis da subespécie *Cornu aspersum maximum* os mais utilizados por apresentarem bom desempenho em características de interesse econômico. Dentre estas, a precocidade destaca-se como de grande importância para a produção, pois visa antecipar o período de vida reprodutiva e aumentar o número de indivíduos produzidos por matriz. Visto isso, objetivou-se estimar o coeficiente de herdabilidade para a característica idade à primeira oviposição (IPO) em uma população de *escargots* da subespécie *Cornu aspersum maximum*, selecionados fenotipicamente para peso corporal aos 60 dias de idade. Utilizou-se uma base de dados composta por 1.866 informações e, destas, 113 matrizes possuíam o fenótipo da idade à primeira oviposição, distribuídas em quatro gerações de seleção. Para calcular a herdabilidade, foram estimados os componentes de (co) variância da característica. Foram testadas fontes de variação não-genéticas pelo método de modelos lineares gerais. Os efeitos sistemáticos significativos foram estação de oviposição e caixa de juvenil de origem ($p < 0,05$). Por meio de modelo animal, foram realizadas análises genéticas uni-características, utilizando inferência bayesiana, indicada para a avaliação de pequenos conjuntos de dados. Foi obtida uma estimativa de herdabilidade média para IPO de 0,64, com o intervalo de credibilidade entre 0,25 e 0,99. Estes intervalos foram altos, possivelmente, devido ao pequeno número de observações realizadas. Embora com alto intervalo de credibilidade, a herdabilidade estimada foi alta, indicando grande correspondência entre genótipo e fenótipo. Assim, IPO é capaz de responder à seleção, caso utilizada como critério de seleção na população avaliada. Estes resultados contribuíram para a compreensão da biologia e da fisiologia dos caracóis e do comportamento genético de IPO em *Cornu aspersum maximum*, sob confinamento total. Recomendam-se estudos futuros envolvendo a correlação genética entre IPO e outras características de interesse econômico, para que seja possível a melhor definição das estratégias de seleção a serem aplicadas nessa população.

Palavras-chave: inferência bayesiana, helicicultura, melhoramento animal, seleção.

ESTIMATIVA DE COMPONENTE DE VARIÂNCIA PARA MORTALIDADE EM CODORNAS DE CORTE

CARVALHO, L.S.¹, SANTOS, G.C.¹, CARVALHO, L.M.P.¹, FERNANDES, T.M.², VERARDO, L.L.³, MAGALHÃES, A.F.B.³

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: lilia.carvalho@ufvjm.edu.br;

² Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³ Professor Adjunto, DZO, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

A coturnicultura era uma atividade considerada apenas para sustento familiar, mas atualmente, a criação de codornas tem ocupado um cenário de melhor tecnificação. No entanto, no Brasil não existe um programa adequado de melhoramento genético para esses animais, e com a falta de controle e falta de esquema de seleção adequado, acarreta problemas de depressão pela endogamia, o que pode resultar em queda de postura, fertilidade e aumento da mortalidade. O alto índice de mortalidade tem sido considerado um dos grandes entraves da criação de codornas, por isso objetiva-se com esse estudo estimar componentes de variância para mortalidade de codornas de corte. Foram utilizadas informações de mortalidade de codornas de corte (*Coturnix coturnix*) da linhagem LF2, provenientes do Setor de Coturnicultura, do Departamento de Zootecnia da UFVJM/Diamantina-MG. Para isso, 2.406 observações coletadas foram codificadas como binária atribuindo valor de “1” para as codornas que possuíam peso ao nascer, mas sem registro de peso aos 35 dias, e valor de “2” para as codornas que possuíam ambas as informações. A herdabilidade foi estimada por interferência bayesiana, usando o software GIBBSF90+, com 1.000.000 de iterações, 15.000 de descarte inicial e intervalo de 10 iterações. No modelo animal unicaracterística, os efeitos fixos de geração foram considerados como fixos e os efeitos genéticos aditivos e residuais como aleatórios. A taxa de mortalidade do nascimento aos 35 dias de vida das codornas nesse estudo foi de 19%, enquanto as estimativas de variância genética aditiva (σ^2_a), variância residual (σ^2_r) e herdabilidade (h^2) foram de 0,12969, 1,0030 e 0,11 respectivamente. A estimativa de h^2 nesse estudo foi de baixa magnitude, indicando que a seleção para mortalidade não resultará em altos ganhos genéticos em curto prazo e que as condições ambientais também são determinantes para aumentar a sobrevivência de codornas de corte. Com isso, pode-se concluir que embora a estimativa de h^2 para mortalidade tenha sido baixa, é importante manter um trabalho de seleção dos animais geneticamente superiores para essa característica, uma vez que a redução da mortalidade em criação de codornas é fundamental para o sucesso da produção.

Palavras-chave: herdabilidade, linhagens de corte, seleção

Agradecimentos: CNPq(407667/2021-0) e Departamento de Zootecnia- UFVJM

ESTIMATIVAS DE TENDÊNCIA GENÉTICA E INCREMENTO DA CONSANGUINIDADE EM UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE TILÁPIAS.

SCHLOTEFELDT, C.¹, SIEMER, S.², MACHADO, N.V.³, SILVA, P.M.N.⁴
RIBEIRO, R.P.⁵, OLIVEIRA, C.A.L.⁶

¹Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, e-mail: carolinaschlotefeldt@gmail.com;

²Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

³Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

⁴Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá

⁵Professor Associado, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá.

⁶Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá.

As ações de melhoramento genético de tilápias do Nilo começaram a ser realizadas na última década do século passado com programas de seleção cujo objetivo era o aumento da velocidade de crescimento, ao longo do tempo foram introduzidas características relacionados ao rendimento de cortes comerciais e resistência a patógenos. Os programas de melhoramento genético de tilápias são caracterizados por núcleo de seleção fechados, sem sobreposição de gerações e com estratégias de acasalamentos que minimizem o incremento de consanguinidade e maximizem o ganho genético. O programa de melhoramento genético de tilápias do Nilo da Universidade Estadual de Maringá está em atividade desde 2005, com avaliações de desempenho em tanques rede desde 2008, com 12 gerações de seleção para velocidade de crescimento. Portanto, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos, componentes de variância para a característica peso corporal e o incremento da consanguinidade no programa de melhoramento genético de tilápias do Nilo ao longo de 12 gerações de seleção. Os animais foram avaliados em tanques rede com densidade de cultivo de aproximadamente 75 kg por metro cúbico, durante os meses de março a novembro nos anos de 2008 a 2021, o período de cultivo era de aproximadamente 150 dias. O conjunto de dados continha 23.656 informações de peso à despesca de 12 gerações formadas. Na estimação dos componentes de variância, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos para peso vivo, considerou-se no modelo os efeitos fixos de tanque-rede/ano, sexo/ano e idade como covariável (efeitos linear e quadrático) além dos efeitos aleatórios, efeito comum de família e genético aditivo direto. Para as análises de estimação dos parâmetros genéticos foram utilizados os programas a família BLUPF90. Os coeficientes de consanguinidade foram estimados utilizando a estrutura genealógica contendo informações de 2.7674 animais, para a estimação utilizou-se o programa computacional MTGSRNM. A porcentagem de indivíduos consanguíneos variou de 0%, nas três primeiras gerações, até 100% nas gerações 9, 10 e 11. Com a introdução de representantes de uma outra variedade comercial verificou-se na décima segunda geração uma redução de cerca de 14 pontos percentuais do número de indivíduos consanguíneos em relação as três gerações anteriores, contudo o percentual de animais consanguíneos nesta geração foi superior a 85%. Os resultados indicaram uma taxa de incremento da consanguinidade de 0,22 pontos percentuais por geração. A estimativa da herdabilidade foi de 0.14 e o efeito comum de família representou mais de 20% da variação total. Considerando os valores genéticos, observou-se um incremento do valor genético ao longo das gerações, a tendência genética foi superior a 2% por geração.

Palavras-chave: endogamia, melhoramento genético, parâmetros genéticos

ESTUDO GENÔMICO E ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA NÚMERO DE TETOS EM SUÍNOS

MARTINS, T.F.¹, MAGALHÃES, A.F.B.², VERARDO, L.L.³, GUIMARÃES, S.E.F.⁴, SANTOS, G.C.⁵, FERNANDES, A.A.S.⁶

¹Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: taniamartins@ufv.br;

²Docente do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

³Docente do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

⁴Docente do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁵Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

⁶Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

Considerando a importância na indústria e a baixa variabilidade genética das características reprodutivas em suínos, tal como número de tetos, os estudos de associação genômica ampla (GWAS) têm sido realizados com a finalidade de identificação de genes candidatos. A característica número de tetos é essencial para os programas de melhoramento animal, devido à sua relevância para a cadeia produtiva, pois influencia na habilidade materna das porcas, sendo um fator limitante para o aumento do número de leitões desmamados. Dessa forma, apesar de existirem vários GWAS já publicados na literatura, ainda é necessário aprofundar os estudos genéticos para essa característica, identificando possíveis genes candidatos e suas respectivas funções biológicas. Diante do exposto, objetivou-se construir uma rede gene-processos biológicos a partir de genes candidatos realizado por estudo de Martins *et al.* (2022), a fim de destacar os principais genes candidatos relacionados ao número de tetos em suínos. Os genes candidatos que possuísem variantes na região 5'UTR e/ou codificante foram submetidos a análise funcional para obtenção de uma rede gene-processo biológico. A rede destacou processos associados a seis genes candidatos (*GHR*, *IFT80*, *FSTL3*, *SKOR*, *AKT3* e *SMURF1*). Os genes *GHR* e *IFT80* compartilham o processo biológico de via de sinalização do receptor do hormônio de crescimento, relacionando-se com o crescimento, desenvolvimento de glândulas mamárias e o tamanho corporal. Já os genes *FSTL3*, *SKOR1* e *SMURF1* compartilham o processo biológico de regulação da via de sinalização de BMP (*Bone Morphogenetic Proteins*) ou proteínas morfogenéticas de osso, que contribuem com a formação óssea, muscular e celular. Assim, pressupõe-se que esses genes auxiliem na conformação do corpo das fêmeas suínas, desempenhando alguma função importante para o número de tetos. Por fim, o gene *AKT3* relaciona-se com a regulação e proliferação de vasos sanguíneos, o que é fundamental para a formação das glândulas mamárias e proliferação de células endoteliais vasculares. Este gene, desempenha papéis importantes na maturidade da glândula mamária e lactação, indicando sua importância na produção de leite e, conseqüentemente no desenvolvimento dos vasos linfáticos para formação das glândulas mamárias. Deste modo, sugere-se que estes seis genes (*GHR*, *IFT80*, *FSTL3*, *SKOR1*, *SMURF1* e *AKT3*), são genes candidatos promissores associados com o número de tetos. Estes, desempenham importantes funções no desenvolvimento das glândulas mamárias, que necessitam de uma adequada morfogênese e um bom desenvolvimento dos vasos linfáticos. Com esta análise foi possível destacar a importância de estudar os processos biológicos associados aos genes com possíveis ações sobre o desenvolvimento de glândulas mamárias, auxiliando em uma maior compreensão da arquitetura genética para o número de tetos, uma vez que as características reprodutivas são de suma importância para a atividade suinícola.

Palavras-chave: glândula mamária, genoma, rede gênica, pós-GWAS.

FATORES AMBIENTAIS QUE INFLUENCIAM O TEMPO DE CORRIDA, EM DISTÂNCIAS CURTAS, DE CAVALOS PURO-SANGUE INGLÊS NO BRASIL

PADILHA, D. A. O.¹; PADILHA, S. F.¹; MARTINS, R.²; MILIORINI, M. R.³; DIAS, L. T.⁴; TEIXEIRA, R. A.⁴

¹Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná-UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CAPES, email: denyusaugustp@gmail.com;

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CNPq;

³Zootecnista formada pela UFPR, Curitiba, PR, Brasil;

⁴Professor Associado do Depto. de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

As corridas de cavalos são populares no mundo e movimentam diversos setores econômicos. Assim, existe interesse em identificar os melhores animais, sendo comum utilizar medidas de tempo de corrida para selecioná-los. Porém, para predizer os valores genéticos com precisão é essencial compreender os efeitos não genéticos sobre o tempo de corrida. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar os efeitos ambientais relacionados ao tempo de corrida em segundos (TCS) de cavalos puro-sangue inglês (PSI) para distâncias de 1.000 e 1.600 metros (D1000 e D1600). Foram avaliadas informações de 1.835 animais, do banco de dados público do Jockey Club de São Paulo, com 5.016 registros de TCS (3.615 de D1000 e 1.401 de D1600) entre janeiro de 2018 e agosto de 2022. Inicialmente, foram excluídos TCS 3 desvios-padrão acima e abaixo da média e de animais com mais de 8 anos de idade. Foi utilizado o procedimento GLM e o melhor modelo foi definido com a função *stepwise* do pacote *stats*, através do *software* RStudio (versão 4.2.1). No modelo estatístico, foram incluídos, como fixos, os efeitos de distância (D1000 e D1600), dificuldade da prova (normal, *claiming*, *listed race* e grupo 1, 2 e 3), condição de pista (grama leve, macia e pesada), sexo, baliza, jôquei e, como covariáveis, o peso do animal, peso do jôquei e regressores linear e quadrático da idade do animal (entre 2 e 8 anos). Nas distâncias curtas, todos os efeitos tiveram influência sobre TCS. Distância, prova, pista, sexo, jôquei, idade e peso do animal ($p < 0,001$); peso do jôquei ($p < 0,05$) e baliza ($p < 0,1$). Em relação aos efeitos diretamente associados ao animal (sexo, peso, idade linear e quadrática), os resultados obtidos foram coerentes com aspectos da fisiologia envolvidos com a resistência cardiorrespiratória, desenvolvimento muscular, ósseo e hormonal de machos e fêmeas, sendo que machos foram 0,24 segundos mais rápidos que fêmeas e, animais mais velhos foram 1,21 segundos/ano mais velozes que os mais jovens. Além disso, fatores físicos (como a condição de pista) promoveram TCS diferentes. Em grama leve, os animais foram 0,45 e 1,37 segundos mais rápidos do que em grama macia e pesada, respectivamente. Em relação ao efeito das balizas, as mais internas favorecem boas posições durante o percurso, pois as mais externas tendem a conduzir o piloto a reduzir o ritmo após a largada, deslocando o animal para a área interna da pista durante as curvas. Tal efeito é importante no hipódromo de São Paulo devido a curva presente no percurso, mesmo nas provas curtas, o que não é comum em outros locais. Sendo assim, ressalta-se que o desempenho final de cavalos PSI em curtas distâncias é resultado do somatório de fatores ambientais relacionados a características físicas do local e da biologia dos animais, para os quais recomenda-se que sejam incluídos nas avaliações genéticas para o tempo de corrida de cavalos PSI.

Palavras-chave: cavalos, corrida, equinos, milha, tempo de prova.

Agradecimentos: à CAPES e ao CNPq.

FATORES AMBIENTAIS SOBRE O TEMPO DE CORRIDA DE CAVALOS PURO-SANGUE INGLÊS EM DISTÂNCIAS LONGAS

PADILHA, S. F.¹; PADILHA, D. A. O.¹; MARTINS, R.²; MILIORINI, M. R.³; DIAS, L. T.⁴; TEIXEIRA, R. A.⁴

¹Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CAPES. e-mail: suelenfpadilha7@gmail.com;

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CNPq; ³Bacharel em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil;

⁴Professor Associado do Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR.

O cavalo puro-sangue inglês (PSI) é mundialmente conhecido por sua velocidade e resistência, por isso, há interesse nas medidas de desempenho em corridas, destacando-se, número de vitórias, colocações (ranqueamento) e tempo de corrida. Entretanto, não é recomendável compará-las sem considerar as diferenças promovidas por fatores externos relacionados ao animal e às condições de prova. Diante disso, o objetivo foi estimar os efeitos ambientais sobre o tempo de corrida em distâncias de 2000 e 2400 metros (D2000 e D2400, respectivamente) de cavalos PSI. Foram utilizados tempos de corridas em segundos (TCS), de 568 animais do banco de dados público do Jockey Club de São Paulo, com 1.438 desempenhos (984 para D2000 e 454 para D2400) entre janeiro/2018 e agosto/2022. Inicialmente, animais acima de 8 anos e TCS acima de 3 desvios-padrão foram removidos. Posteriormente, foi utilizado o procedimento GLM e definiu-se o melhor modelo através da função *stepwise* (pacote *stats*), por meio do *software* RStudio (versão 4.2.1). No modelo estatístico, considerou-se como efeitos fixos, a distância, dificuldade da prova (normal, *claiming*, *listed race* e grupo 1, 2 e 3), condições de pista (grama leve, macia e pesada), sexo, baliza e, como covariáveis, peso do animal e idade do animal linear (3 a 8 anos) e quadrática. Todos os efeitos influenciaram o tempo de corrida a diferentes níveis de significância. Distância, prova, pista, sexo e idade ($p < 0,001$); baliza ($p < 0,01$); peso do animal ($p < 0,05$) e idade quadrática ($p < 0,1$). A influência do sexo, peso, idade linear e quadrática sobre os TCS são esperados, pois promovem às diferenças fisiológicas associadas à capacidade atlética dos animais, por exemplo, a diferença hormonal entre machos e fêmeas, sendo machos 1,27 segundos mais rápidos que as fêmeas. Além disso, conforme os animais ficam mais velhos, apresentam melhor desenvolvimento ósseo, muscular e resistência, por isso, foram 0,83 segundos/ano mais rápidos que os animais mais novos. Em geral, conforme os animais adquirem experiência e apresentam bons desempenhos em distâncias curtas, também são desafiados a competir em distâncias longas. Outros fatores físicos também influenciaram o TCS, pois maiores distâncias, tipos de pista e prova, proporcionam diferentes níveis de dificuldade para os animais, sendo que, em grama leve foram 0,27 e 3,24 segundos mais rápidos do que em grama macia e pesada, respectivamente. Devido a curvatura da pista do hipódromo, as balizas mais externas são desfavorecidas pois, a fim de compensar a diferença causada pela curva, os pilotos direcionam o animal para a parte interna da pista reduzindo o ritmo de corrida. Dessa maneira, o TCS de cavalos PSI em longas distâncias é, em parte, resultado da influência dos fatores ambientais e, por isso, é recomendável considerar esses efeitos em futuras avaliações genéticas para TCS de cavalos PSI.

Palavras-chave: condição de pista, corrida, equinos, idade, tempo de prova

Agradecimentos: à CAPES e ao CNPq pela concessão da bolsa de estudo.

FREQUÊNCIAS GENOTÍPICAS E ALÉLICAS DO *GROWTH DIFFERENTIATION FACTOR – 8* EM BOVINOS DA RAÇA SENEPOL

SOUZA, C.B.¹; SANTOS, M.G.¹; MENEZES, G.R.O.²; GUIMARÃES, S.E.F.³

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: christian.souza@ufv.br;

²Pesquisador, Centro Nacional em Pesquisa de Gado de Corte, Embrapa;

³Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A síndrome da musculatura dupla (DM), caracterizada como condição hereditária responsável pelo aumento da hipertrofia e hiperplasia das fibras musculares, resultante de mutação gênica ocorrida no gene GDF-8 (Growth Differentiation Factor 8), codificador da miostatina, expressa comportamento dominante. O qual reflete no fenótipo com desenvolvimento muscular acentuado e reprodutivo retardado, bem como a alta incidência de partos distócicos e menor concentração de gordura na carcaça apresentada pelos indivíduos portadores dos alelos mutantes. Diante disto, objetivou-se analisar as frequências alélicas e genotípicas do gene em questão em uma população de bovinos da raça Senepol sob seleção para características de interesse econômico. O banco de dados utilizado foi cedido pelo Programa Embrapa de Melhoramento de Gado Corte – Geneplus e Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol – ABCB Senepol, proveniente da avaliação-genética do ano 2022 contendo 5273 animais genotipados com SNP chip de 50K. A população foi classificada em 4389 indivíduos homocigotos livres da mutação (dmdm), 867 heterocigotos portadores da DM (DMdm) e 17 homocigotos portadores (DMDM). As análises foram executadas por meio do *software R*, o cálculo de frequência genotípica ($f G_i$) foi obtido através seguinte equação: $f G_i = \frac{\sum G_i}{t}$ no qual $\sum G_i$ é o somatório de indivíduos com o *i-ésimo* genótipo, *t* é o total geral da população. Enquanto as frequências alélicas ($f A_i$) foram obtidas por meio da seguinte equação: $f A_i = f \left(G_i + \frac{1}{2} H \right)$ no qual *H* é a frequência genotípica do heterocigoto. Posteriormente, calculou-se a frequência e o número de indivíduos por genótipo esperado em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) através da fórmula de $p^2 + 2pq + q^2 = 1$. Por fim, aplicou-se o teste de qui-quadrado (χ^2) associado a 1 grau de liberdade com $\alpha = 0,005$. Foram observados valores de $f G_i$ para os genótipos dmdm, DMdm e DMDM de 0,83, 0,165 e 0,005 respectivamente. Enquanto para as $f A_i$ foram observados valores de 0,91 para dm e 0,09 para DM, já o teste de χ^2 resultou em 14,3. Os resultados demonstram que o gene não está em EHW e subsidiam o princípio do agente causal seleção, durante o processo conduzido pelo programa de melhoramento da raça acarretou na minimização da frequência do alelo responsável pelo fenótipo da dupla musculatura.

Palavras-chave: constituição genética, dupla musculatura, equilíbrio de Hardy-Weinberg

FREQUÊNCIAS GENOTÍPICAS E ALÉLICAS DO *SLICK HAIR* EM BOVINOS DA RAÇA SENEPOL

SOUZA, C.B.¹; SANTOS, M.G.¹; MENEZES, G.R.O.²; GUIMARÃES, S.E.F.³

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: christian.souza@ufv.br;

²Pesquisador, Centro Nacional em Pesquisa de Gado de Corte, Embrapa;

³Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O locus conhecido como *Slick Hair*, está localizado na região entre 37,5 e 39,5 Mb no BTA20 a qual refere-se ao gene PRLR. Esta condição é responsável por originar o fenótipo de pelos curtos, finos e com maiores glândulas sudoríparas, que por sua vez, resulta em indivíduos com maior resistência ao stress térmico e potencialmente detentores de melhores índices produtivos e reprodutivos em condições tropicais. A produtividade de animais submetidos ao stress térmico é restringida, através de alterações fisiológicas as quais modulam o organismo para manutenção de funções vitais em ambientes desafiadores. Desta forma, o objetivo deste estudo foi avaliar as frequências genotípicas e alélicas do gene em questão em uma população de bovinos da raça Senepol em processo seleção. O banco de dados utilizado foi cedido pelo Programa Embrapa de Melhoramento de Gado Corte – Geneplus e Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol – ABCB Senepol, proveniente da avaliação-genética do ano 2022 contendo 5197 animais genotipados com SNP chip de 50K. A população foi classificada em 3346 homozigotos para *slick hair* (SS), 1699 heterozigotos (Ss) e 152 homozigotos não portadores do alelo (ss). As análises foram executadas por meio do *software R*, o cálculo da frequência genotípica ($f G_i$) foi obtido através seguinte equação: $f G_i = \frac{\sum G_i}{t}$ no qual $\sum G_i$ é o somatório de indivíduos com o *i-ésimo* genótipo, *t* é o total geral da população. Enquanto as frequências alélicas ($f A_i$) foram obtidas por meio da seguinte equação: $f A_i = f \left(G_i + \frac{1}{2} H \right)$ no qual *H* é a frequência genotípica do heterozigoto. Posteriormente, calculou-se a frequência e o número de indivíduos por genótipo esperado em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), através da formula de $p^2 + 2pq + q^2 = 1$. Por fim, aplicou-se o teste de qui-quadrado (χ^2) associado a 1 grau de liberdade com $\alpha = 0,005$. Foram observados valores de $f G_i$ para os genótipos SS, Ss e ss de 0,64, 0,33 e 0,03 respectivamente. Em relação a $f A_i$ foi observado valores de 0,81 e 0,19 para S e s respectivamente, enquanto o teste de χ^2 resultou em 13,4. Portanto o *slick hair* não está em EHW na população, as frequências alélicas demonstram que o processo de seleção acarretou na busca por indivíduos portadores do alelo em questão. A seleção baseada na adaptabilidade ao clima tropical conduzida ao longo dos anos está concomitantemente arraigada a estes resultados.

Palavras-chave: adaptabilidade, pelame, taurino tropical

GENES PLEIOTRÓPICOS ENTRE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS E PRODUTIVAS EM BUFALOS MURRAH

SILVA, A.A.¹, SILVEIRA, K.R.², SANTOS, J.C.G.², SILVA, D.A.³, TONHATI, H.⁴

¹Pós-doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária FCAV/UNESP, email: silvalessandrazb@gmail.com;

²Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária FCAV/UNESP;

³Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁴Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária FCAV/UNESP.

Dada a crescente demanda por produtos lácteos oriundos do leite de búfala, compreender a estrutura genética para as características produtivas é essencial para acelerar o ganho genético. As abordagens de meta-análise combinadas aos estudos de associação genômica ampla (GWAS) tem possibilitado a identificação de regiões e/ou genes candidatos relacionadas à expressão de mais de uma característica e, portanto, melhorar a compreensão dos mecanismos genéticos que as controlam. Assim, objetivou-se realizar um estudo de meta-análise multi-característica para identificar genes candidatos pleiotrópicos entre características produtivas e reprodutivas em búfalos Murrah. Um total de 2.663, 1.715 e 2.441 registros de idade ao primeiro parto (IPP), intervalo entre partos (IEP), e produção de leite aos 305 dias (PL305) de búfalas Murrah, com partos entre 1987 e 2017, foram analisados. O arquivo de pedigree incluiu 5.784 animais. Além disso, um total de 823 animais genotipados (Affymetrix/ThermoFisher Scientific, Santa Clara, CA, USA) incluindo um total de 45.376 SNPs autossômicos após o controle de qualidade foram incluídos nas análises. As análises de associação genômica ampla em passo único (ssGWAS) foram realizadas considerando um modelo animal para predição dos valores genéticos genômicos e dos efeitos dos SNP com os respectivos *p*-valores. O estudo de meta-análise foi realizado utilizando o método multi-característica. Este método refere-se a um teste estatístico seguindo uma distribuição χ^2 com *n* graus de liberdade, onde *n* = 3 é o número de características incluídas na meta-análise. O limiar para os *p*-valores significativos, baseado no $-\log_{10}(p)$, utilizado nas análises de GWAS e meta-análise foi de 4,00 para todas as características. Um total de 3, 6 e 5 SNPs significativos foram selecionados nas análises de ssGWAS para IPP, IEP e PL305, respectivamente. Na meta-análise foram selecionados 4 SNPs significativos localizados no BBU 9, 10 e 17. Considerando uma janela de 500Kb a partir da posição do SNP selecionado, um total de 17, 54 e 86 genes candidatos foram identificados respectivamente para IPP, IEP e PL305 por meio das abordagens de ssGWAS. Os genes *TRNAE-UUC*, *TRNAW-CCA* e *TRNAE-UUC* foram compartilhados entre IEP e PL305, indicando que possíveis genes com efeitos pleiotrópicos já estavam sendo identificados nas análises de GWAS separadamente. Na análise de meta-análise foram identificados 44 genes, sendo que 22 também foram identificados para IEP e um para PL305. Entre os genes identificados destacam-se o *TNFAIP8*, *HSD17B4*, *FAM170A*, *HTR1E*, *AKIRIN2*, *HTR1E*, *CGA*, *ZNF292*, *GJB7*, *SMIM8*, *C10H6orf163*, *CFAP206*, *SLC35A1*, *RARS2*, *ORC3*, *AKIRIN2*, *TRNAE-UUC*, *RAPGEF2*, *TRNAY-AUA*. Em conclusão, genes pleiotrópicos afetando as características IPP, IEP e PL305 foram identificados usando meta-análise multi-característica. Esses genes podem ser usados em estudos genômicos funcionais para melhor compreender os aspectos genéticos relacionados às características.

Palavras-chave: bubalinos, GWAS, meta-análise, SNP

HERDABILIDADE PARA VARIÁVEIS LATENTES DERIVADAS DA ANÁLISE DE FATORES EM CODORNAS

PAIVA, J.P.¹, CARRARA, E.R.², SILVA, D.A.³, VERONEZE, R.³, SILVA, F.F.³, LOPES, P.S.⁴

¹Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Roraima, e-mail: jose.paiva@ufr.br;

²Pós-doutoranda, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

⁴Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A análise de fatores é uma abordagem multivariada que transforma o conjunto original de variáveis em variáveis latentes (fatores). Esta abordagem pode ser utilizada para investigar as relações existentes entre as variáveis originais, e os fatores encontrados podem ser tratados como novos fenótipos nas avaliações genéticas. Objetivou-se explorar a relação entre as características de desempenho e qualidade do ovo em codornas por meio da metodologia de análise de fatores e estimar a herdabilidade para os fatores via inferência Bayesiana. Foram utilizados 526 registros de peso corporal coletados ao longo da vida do animal, nascimento (P1), 7 dias (P7), 14 dias (P14), 21 dias (P21), à seleção (P28), 35 dias (P35) e ao abate (P42), além das características de qualidade do ovo, peso médio (POM), largura (LOM), comprimento (COM), peso de gema (PGM), peso da casca (PCM) e peso de albúmen (PAM). A adequabilidade dos dados para realização da análise de fatores foi avaliada com base no critério de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) e o teste de esfericidade de Bartlett. Os fatores foram extraídos utilizando o método dos componentes principais e o algoritmo de rotação varimax, por intermédio do pacote “psych” do software R. Os componentes de variância para os fatores foram estimados pelo método Bayesiano, utilizando o modelo com efeito aleatório genético aditivo direto e residual, e os efeitos sistemáticos de geração e sexo. Foram geradas 200.000 amostras considerando um burn-in de 10.000 iterações e um thin de 5. De acordo com o índice de KMO (0,82) e com o teste de esfericidade de Bartlett (p -valor $<$ 0,01), verificou-se que houve adequabilidade dos dados para execução da análise de fatores. A análise de fatores foi capaz de extrair dois fatores latentes a partir da matriz de correlação fenotípica das características estudadas, os quais explicaram 76% da variância original dos dados. A variável P1 apresentou valor de carga baixo para ambos os fatores (0,20 e 0,10), e por isso não foi incluída. As variáveis pertencentes aos fatores tiveram interpretação biológica e mostraram valores de comunalidade maiores que 0,54 (com exceção do peso da casca que foi 0,33), indicando que mais de 54% da variabilidade das características foi explicada pelos dois fatores. O primeiro fator (F1) teve uma relação positiva e alta com as características de peso corporal (P7, P21, P28, P35 e P42), indicando que essas características estão fortemente associadas. O segundo fator (F2) apresentou correlação forte e positiva com as características de qualidade do ovo (POM, LOM, COM, PGM, PCM, PAM). A herdabilidade estimada para o fator F1 foi 0,31 [0,07; 0,55] e para o fator F2 foi 0,36 [0,14; 0,58], indicando que é possível obter ganhos genéticos para todas as características incluídas nos fatores, caso sejam utilizados como critérios de seleção. Portanto, é possível reduzir o número de características na avaliação genética de codornas utilizando variáveis latentes a partir da análise de fatores.

Palavras-chave: análise multivariada, qualidade do ovo, parâmetro genético, peso corporal

IDENTIFICAÇÃO DE eQTL ASSOCIADO AO METABOLISMO DO ÁCIDO LINOLEICO EM SUÍNOS

FREITAS, F.A.O.¹; DURVAL, M.C.²; OLIVEIRA, C.S.³; NASCIMENTO, L. E.⁴; CESAR, A.S.M.⁵, BRITO, L.F.⁶

¹Mestrando em Ciência Animal e Pastagens, Departamento de Zootecnia, ESALQ - USP, felipeandre18@live.com;

²Mestranda em Biociência Animal, Departamento de Zootecnia, FZEA – Universidade de São Paulo;

³Doutoranda em Ciência Animal e Pastagens, Departamento de Zootecnia; ESALQ - Universidade de São Paulo;

⁴Mestrando em Ciência Animal e Pastagens, Departamento de Zootecnia; ESALQ - Universidade de São Paulo;

⁵Professora Doutora, Biologia Molecular e Genômica Funcional, Departamento de Agroindústria, Alimentos e Nutrição, ESALQ - USP;

⁶Associate Professor of Quantitative Genetics and Genomics, Department of Animal Sciences, Purdue University.

A carne suína está entre as mais consumidas no mundo e apresenta um alto valor nutricional sendo uma importante fonte de ácidos graxos monoinsaturados e insaturados, que possuem importante papel como componentes funcionais. Entre os importantes papéis destes ácidos graxos podemos citar antiinflamação, regulação gênica e anticarcinogênicos. No entanto, o balanço entre ômega 6 e ômega 3 é um importante índice de direcionamento das vias metabólicas pró e antiinflamatórias. Assim, o estudo da associação entre o perfil do transcriptoma e genótipos baseados nos polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) de suínos pode colaborar para o melhor entendimento das vias metabólicas associadas à características de interesse econômico para a produção de carne suína com interesse na saúde do consumidor em relação ao perfil nutricional da carne. Dentre as abordagens mais utilizadas nos estudos ômicos, está a identificação de locos de característica quantitativa de expressão (eQTL), que consiste na identificação de SNP que expliquem a variação na expressão gênica (perfil do transcriptoma). Até o momento, poucos eQTL foram identificados para características que envolvam a qualidade físico-química e nutricional da carne suína. O objetivo deste trabalho foi identificar eQTL SNPs associados a características de qualidade físico-química e nutricional da carne suína. Para isso, foram utilizados os dados de sequenciamento de mRNA total (RNA-Seq) do músculo esquelético (*longissimus lumborum*) de 72 suínos machos imunocastrados da raça Large White. O pacote Matrix eQTL do *software* R foi utilizado para a identificação de eQTL próximos (até 1 Mb de distância *up* and *down*) a genes expressos no músculo esquelético (Cis-eQT) considerando FDR < 1%. O pacote WebGestaltR do *software* R foi utilizado para a análise de enriquecimento funcional a partir da lista de genes associados aos Cis-eQTL, considerando FDR < 1%. A via de metabolismo de ácido linoleico (ssc00591) foi enriquecida (FDR = 0,002; Enrichment Ratio: 12,9) e os genes envolvidos foram o citocromo P450 (CYP3A46), araquidonato 15-lipoxigenase (ALOX15) e o precursor de proteína tipo fosfolipase A2 secretora do grupo XIIB (PLA2G12B). Estes genes foram associados aos SNPs rs346360847 (variante sinônima) e rs335006134 (variante missense), porém, o polimorfismo da região associada ao ALOX15 não possui dados de variante de sequência (dbSNP e outras bases) e está na região do gene CAMTA2. Desse modo, o presente estudo permitiu a identificação de eQTL que responderam pela variação do nível de expressão de genes ligados à via de metabolismo de ácido linoleico (ômega-6), o qual tem um direcionamento para ações pró-inflamatórias. Esses resultados podem contribuir para o direcionamento de futuros estudos com interesse na seleção de animais com perfil transcriptômico de maior interesse para produção de carne com valor nutricional diferenciado e estudos mais aprofundados das abordagens ômicas.

Palavras-chave: nutrigenômica, ômega-6, suínos, transcriptoma.

IDENTIFICAÇÃO DE VARIANTES ASSOCIADAS A GENES PARA CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL EM BOVINOS PANTANEIRO

FERREIRA, P.H.¹, VIEIRA, J. I. G.², VILLELA, S. D.³, MAGALHÃES, A. F. B.³, SILVA, M. V. G. B.⁴, VERARDO, L. L.³

¹Mestrando em Zootecnia, DZO, Universidade Federal dos Vales Jequitinhonha e Mucuri, email: henrique.pablo@ufvjm.edu.br;

²Mestre em Zootecnia, DZO, Universidade Federal dos Vales Jequitinhonha e Mucuri;

³Professor Adjunto, DZO, Universidade Federal dos Vales Jequitinhonha e Mucuri;

⁴Pesquisador, Centro Nacional de Pesquisa Gado de Leite, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA.

Bovinos da raça Pantaneiro possuem boa adaptação ao calor garantindo melhores condições para a produção de leite e carne. Esta raça produz leite com alto teor de gordura e carne com características desejáveis como maciez e suculência. O consumo alimentar residual (CAR) é um índice linear derivado da combinação de características de consumo de alimento e produção. Entre os genes já identificados e associados ao CAR, o *CSK* é citado como candidato em bovinos e aves. Objetivou-se avaliar *in silico* a região promotora do *CSK* em bovinos Pantaneiro para identificar possíveis variantes funcionais que possam afetar a ligação de fatores de transcrição (FT), por meio de dados de resequenciamento de genoma completo de 12 animais. O sequenciamento, mapeamento e a chamada de variantes foram realizados de acordo com o *pipeline* padrão-ouro do 1000 Bulls Genome Project. Em média, foram obtidas 335.182.687 reads, dos quais 99,52% foram mapeados no genoma de referência (ARS-UCD1.2), com cobertura de 14,08X, tendo sido identificadas inserções e deleções (InDels). Estas variantes foram classificadas de acordo com sua posição no genoma usando a ferramenta *Ensembl Variant Effect Predictor* (VEP, versão 84). Todos os InDels foram recuperados na região à montante do *CSK* (3.000 pb à montante e 300 pb à jusante do local de início da transcrição). Arquivos FASTA, com a sequência do tipo selvagem da região promotora e sequências com cada InDel identificado, foram usados como entrada no programa *TFM-explorer* para procurar sítios de ligação de FT super-representados (SLFT) usando matrizes de peso do banco de dados de vertebrados JASPAR. Um total de nove InDels novas foram observadas. Das sequências promotoras com as InDels identificadas, uma com inserção de 11 pares de bases promoveu a ligação do FT *RUNX1*. Este FT pertence à família *RUNX1* e já citado na literatura por também estar associado com CAR em suínos. Neste estudo, observou-se uma inserção na sequência promotora do gene *CSK*, mais precisamente, em uma posição promovendo a ligação do FT *RUNX1*. Tanto o *CSK* quanto o *RUNX1* foram citados como envolvidos em eficiência alimentar, sugerindo que essa inserção possa ser usada para análises adicionais *in vitro* e *in vivo* para confirmar possível ação no CAR em animais da raça Pantaneiro.

Palavras-chave: eficiência alimentar, genoma, sequenciamento

IDENTIFICAÇÃO DE VIAS METABÓLICAS A PARTIR DE CIS-eQTLs EM FÍGADO DE SUÍNOS

DURVAL, M.C.¹; OLIVEIRA, C.S.²; FREITAS, F.A.O.³; NASCIMENTO, L. E.⁴; GERVÁSIO, I. C.⁵; CESAR, A.S.M.⁶.

¹Mestranda Biociência Animal, Departamento de Zootecnia, Faculdade De Zootecnia e Engenharia De Alimentos – Universidade de São Paulo, mariahdurval@usp.br;

²Doutoranda Em Ciência Animal E Pastagens, Departamento de Zootecnia; Escola Superior De Agricultura “Luiz De Queiroz”- Universidade de São Paulo;

³Mestrando Em Ciência Animal E Pastagens, Departamento de Zootecnia, Escola Superior De Agricultura “Luiz De Queiroz”- Universidade de São Paulo;

⁴Mestrando Em Ciência Animal E Pastagens, Departamento de Zootecnia; Escola Superior De Agricultura “Luiz De Queiroz”- Universidade de São Paulo;

⁵Doutoranda Em Ciência Animal E Pastagens, Departamento de Zootecnia; Escola Superior De Agricultura “Luiz De Queiroz”- Universidade de São Paulo;

⁶Professora Doutora, Biologia Molecular e Genômica Funcional, Departamento de Agroindústria, Alimentos e Nutrição, Escola Superior De Agricultura “Luiz De Queiroz”- Universidade de São Paulo.

O fígado possui papel fundamental na degradação e transformação lipídica, além disso, produz a bile, produto essencial para a emulsificação da gordura, assim, podendo também ser chamado de centro metabólico. Nesse contexto, como os lipídios cumprem importantes funções no organismo, estudos envolvendo os mecanismos metabólicos dos lipídios no fígado podem ajudar a compreender os processos biológicos envolvidos no metabolismo de ácidos graxos. Uma abordagem comumente utilizada em estudos ômicos consiste no enriquecimento e detecção de vias metabólicas a partir de genes detectados ou associados em estudos anteriores envolvendo associações de polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNP) e dados de transcrição de genes, comumente chamados de locos de característica quantitativa de expressão (eQTL). Portanto, objetivou-se com esse trabalho identificar vias metabólicas relacionadas com metabolismo lipídico a partir de genes modulados por eQTLs. Amostras do fígado de 72 machos da raça Large White (*Sus scrofa*) foram sequenciadas utilizando a técnica de RNAseq, obtendo assim, dados de expressão gênica e SNPs. O pacote Matrix eQTL do *software* R foi utilizado para a identificação de eQTL próximos (até 1 Mb de distância *up* and *down*) à genes expressos no fígado (Cis-eQT) considerando FDR < 1%. O pacote WebGestaltR do *software* R foi utilizado para a análise de enriquecimento funcional a partir da lista de genes associados aos Cis-eQTL, considerando FDR < 1%. Foram identificadas 15 vias metabólicas, dentre elas, a via de sinalização PPAR (FDR 0.001) degradação e metabolismo de ácidos graxos (FDR 0.02 e 0.03 respectivamente), via do metabolismo da beta alanina e da glutatona (FDR 0.03 e 0.002 respectivamente), biossíntese do hormônio esteróide (FDR 0.03) além da via de interconversões de pentose e glucuronato (FDR 0.04). A via de sinalização do PPAR está relacionada com o metabolismo de lipídios, atuando no transporte lipídico, lipogênese, metabolismo de colesterol e oxidação de ácidos graxos. Já a via de degradação dos ácidos graxos chama-se β -oxidação e ocorre na matriz mitocondrial, enquanto o seu metabolismo ocorre no interior da mitocôndria. Sendo assim, este estudo permitiu a identificação de vias metabólicas relacionadas ao metabolismo de lipídios do sistema endócrino, metabolismo de carboidrato e de aminoácidos no fígado enriquecidas a partir de genes associados a cis-eQTLs. Este estudo traz apontamentos sobre a relação entre genes identificados em cis-eQTLs e o metabolismo de lipídios no fígado de suínos.

Palavras-chave: lipídios, metabolômica, RNAseq, expressão gênica.

IMPACTO DO TAMANHO DO GRUPO DE CONTEMPORÂNEO NAS AVALIAÇÕES GENÉTICAS PARA CIRCUNFERÊNCIA ESCROTAL EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

TEMP, L.B.¹, DOMINGUES, M.V.², SILVA, D.A.³, ROBERTO, C.⁴, MELO, T. P.⁵, BALDI, F.⁶

¹Mestranda em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, email: larissa.b.temp@unesp.br;

²Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria;

³Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁴Colaborador, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁵Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria;

⁶Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

A correta definição dos grupos de contemporâneos (GCs) impacta nos valores genéticos estimados (EBVs). A inclusão dos GCs em avaliações genéticas permite corrigir efeitos ambientais que podem influenciar os EBVs dos animais. O objetivo com este estudo foi comparar diferentes estruturas e variabilidades de GC quanto às estimativas de herdabilidade, acurácia e viés dos valores genéticos para circunferência escrotal (CE) em machos da raça Nelore. Foram utilizados aproximadamente 495.000 dados da CE de machos pertencentes a base de dados da Aliança Nelore, contendo registros de animais criados em diferentes rebanhos comerciais nas regiões centro-oeste e sudeste do Brasil e Paraguai. O GC do modelo base (MS1) foi formado pela concatenação das variáveis safra, estação de nascimento (EN), fazenda e grupo de manejo ao sobreano (GMS) como efeito fixo e idade ao sobreano do animal como covariável (efeito linear e quadrático). Essa definição de GC foi comparada com o modelo MS2 (safra, EN, fazenda, GMS e grupo de manejo do nascimento ao desmame do animal) sem covariável. Os tamanhos mínimos (TMGC) de GC utilizados foram 3, 7 e 15 observações. O desvio-padrão de $\pm 3,0$ foi utilizado como critério para remoção de *outliers*. A população de validação continha aproximadamente 32.000 informações de animais nascidos nas safras 17, 18 e 19. Os critérios avaliados foram herdabilidade, acurácia, viés e dispersão dos EBVs de modo similar ao proposto pelo método de regressão linear (LR). A acurácia foi obtida como a regressão dos EBVs da população de validação sobre os EBVs da população de treinamento. Os programas da família BLUPf90 foram utilizados nas análises. As estimativas de herdabilidade para CE (0,43 a 0,44) foram compatíveis às descritas na literatura para a raça Nelore. Os parâmetros apresentaram alguma variação entre modelos, em especial para a acurácia variando de 0,59 a 0,66. Para o viés e a dispersão esta variação foi mais discreta -0,06 a -0,08 e 0,83 a 0,89, respectivamente. O modelo MS1 TMGC 3 apresentou menor viés (-0,06), menor dispersão e acurácia (0,83 e 0,59). Já o modelo MS2, obteve as maiores estimativas de acurácia (0,66) no TMGC 3, 7 e 15, e maior dispersão (0,89) no TMGC 3 e 7. A inclusão da covariável idade ao sobreano do animal produziu estimativas mais viesadas no modelo MS1. O tamanho mínimo de 3 e 7 animais por grupo de contemporâneo, no modelo que incluiu todos os efeitos dentro de GC e os efeitos de manejo do nascimento ao desmame do animal e sobreano do animal apresentou, no geral, EBVs mais acurados e proporcionou as melhores estimativas dos parâmetros genéticos.

Palavras-chave: acurácia, dispersão, nelore, viés

INCLUSÃO DE EFEITO DE DOMINÂNCIA PARA PREDIÇÃO DE FENÓTIPOS EM ANIMAIS CRUZADOS

OLIVEIRA, L.F.¹, SANTOS, C. G.¹, REIS, A. C. Z.¹, MARQUES, D.B.D.², EMERENCIANO, C.M.S.³, VERONEZE, R.²

¹Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: leticia.f.oliveira@ufv.br;

²Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Os cruzamentos são amplamente utilizados nos sistemas de produção animal, principalmente em suínos e aves. Assim, objetivou-se avaliar a performance da inclusão do efeito de dominância para predição de fenótipos em animais cruzados. O banco de dados foi simulado por meio do software AlphaSimR, utilizando uma população genérica de 5000 fundadores, 10 cromossomos e 1000 loci por cromossomo. As linhas A e B foram geradas a partir de 100 machos e 500 fêmeas da população de fundadores acasalados aleatoriamente. As linhas foram mantidas sob acasalamento ao acaso por 30 gerações e durante as 5 primeiras gerações se mantiveram em expansão, produzindo duas progênes por cruzamento, após a expansão, mantiveram tamanho constante de 2000 indivíduos entre as gerações 6 e 30. Foram selecionados, aleatoriamente, 1000 indivíduos de cada linha e acasalados para a formação dos animais cruzados F1. Foi simulada uma característica poligênica com efeitos aditivos e de dominância, com os seguintes parâmetros: efeito aditivo médio (0), variância aditiva (1), efeito de dominância médio (0), variância de dominância (0,25) e herdabilidade no sentido restrito (0,20). Os dados simulados foram utilizados para estimar os componentes de variância e realizar predições dos valores genéticos e efeitos de dominância de acordo com os seguintes modelos: MA: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MAD: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{d} + \boldsymbol{\varepsilon}$; em que \mathbf{y} é o vetor de fenótipos corrigidos para efeitos fixos; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos que inclui a média e efeito de sexo; \mathbf{a} é o vetor de efeitos genéticos aditivos, $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{G}_A\sigma_a^2)$, sendo σ_a^2 variância genética aditiva e \mathbf{G}_A matriz de parentesco genético aditivo; \mathbf{d} é o vetor de desvio de dominância, $\mathbf{d} \sim N(0, \mathbf{G}_D\sigma_d^2)$, sendo σ_d^2 variância de dominância e \mathbf{G}_D matriz de parentesco de dominância; $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_\varepsilon^2)$, sendo σ_ε^2 variância residual; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência dos efeitos fixos e genéticos, respectivamente. Os animais das linhas A e B foram considerados população de treinamento, enquanto os animais cruzados tiveram seus fenótipos omitidos para comporem a população de validação. Foram calculadas as acurácias de predição dos modelos através da correlação do fenótipo simulado e o fenótipo predito. As estimativas de variância aditiva (0,9727 e 0,9710 para MA e MAD, respectivamente) e de herdabilidade (0,2070 e 0,2067 para MA e MAD, respectivamente) foram similares entre os modelos e próxima do valor simulado, enquanto a estimativa de variância de dominância por MAD foi inferior a simulada ($\sigma_d^2 = 4,21 \times 10^{-7}$). As acurácias de predição dos fenótipos dos animais cruzados foram iguais para ambos os modelos avaliados (0,2979). Assim, conclui-se que o MAD não foi capaz de capturar o efeito de dominância simulado e não resultou em melhoria na predição da performance dos animais cruzados.

Palavras-chave: efeitos genéticos não-aditivos, componentes de variância, acurácia de predição.

INCLUSÃO DE EFEITOS NÃO ADITIVOS NO MODELO INFLUENCIAM AS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE

SANTOS, C.G.^{1*}, OLIVEIRA, L.F.¹, REIS, A.C.Z.¹, MARQUES, D.B.D.², LOPES, P.S.², VERONEZE, R.²

¹Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, *e-mail: cassiane.g.santos@ufv.br;

²Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A avaliação da inclusão dos efeitos genéticos não aditivos (dominância e epistasia) em modelos para predição genômica podem contribuir para melhoria da partição dos componentes de variância, modificando as herdabilidades e conseqüentemente o ganho genético. Assim, objetivou-se avaliar como a inclusão dos efeitos de dominância e epistasia no modelo influenciam nas estimativas de herdabilidade. Foi utilizado um banco de dados público da Empresa de melhoramento de suínos *Pig Improvement Company*, que incluiu dados de 3.534 indivíduos genotipados para 52.843 SNPs, de pedigree e fenótipos. Foram utilizadas duas características T1 e T2, com herdabilidade baixa e moderada, respectivamente. O controle de qualidade dos dados de genótipos consistiu na remoção de SNPs com *call rate* menor que 0,90, frequência do alelo menor (MAF) menor que 0,01 e desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg com p-valor menor que 10^{-5} . Após o controle de qualidade restaram 40.828 SNPs para as análises subseqüentes. Foram ajustados dois modelos, incluindo ou não efeitos genéticos não aditivos. MA: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MADE: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{d} + \mathbf{Z}\mathbf{e}_{aa} + \boldsymbol{\varepsilon}$; em que \mathbf{y} é o vetor de fenótipos corrigidos para efeitos fixos; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos que inclui apenas a média; \mathbf{a} é o vetor de efeitos genéticos aditivos, $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{G}_A\sigma_a^2)$, sendo σ_a^2 variância genética aditiva e \mathbf{G}_A matriz de parentesco genético aditivo; \mathbf{d} é o vetor de desvio de dominância, $\mathbf{d} \sim N(0, \mathbf{G}_D\sigma_d^2)$, sendo σ_d^2 variância de dominância e \mathbf{G}_D matriz de parentesco de dominância; \mathbf{e}_{aa} é o vetor de efeito genético epistático aditivo x aditivo, $\mathbf{e}_{aa} \sim N(0, \mathbf{G}_{AA}\sigma_{aa}^2)$, sendo σ_{aa}^2 variância de epistasia aditiva-aditiva e \mathbf{G}_{AA} matriz de parentesco de epistasia aditiva-aditiva; $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_\varepsilon^2)$, sendo σ_ε^2 variância residual; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência dos efeitos fixo e genéticos, respectivamente. A estimação dos componentes de variância para os modelos foi realizada por meio do software ASREML 4.1. A inclusão dos efeitos genéticos não aditivos, alterou a variância genética aditiva para ambas as características, passando de 0,0477 para 0,0190 na T1 e de 0,1881 para 0,1048 na T2. As variâncias de dominância e epistática foram de $8,42 \times 10^{-8}$ e 0,1864 para T1 e $1,10 \times 10^{-7}$ e 0,3891 para T2, respectivamente. As variâncias residuais passaram de 1,4103 para 1,2542 na T1 e de 0,7151 para 0,4090 na T2 com a inclusão dos efeitos não aditivos. Esses resultados mostram que a inclusão dos efeitos não aditivos altera a partição da variância reduzindo, principalmente, a variância residual, mas também impactando a variância aditiva. A herdabilidade de T1 foi reduzida de 0,0327 para 0,0130 e de T2 de 0,2083 para 0,1161 utilizando o modelo MADE. Deste modo, conclui-se que inclusão dos efeitos não aditivos, principalmente epistasia, impacta a estimativa de variância genética aditiva e conseqüentemente a herdabilidade.

Palavras-chave: efeito genético não-aditivo, dominância, predição genômica, variância

INFERÊNCIAS SOBRE A ENDOGAMIA VIA PEDIGREE EM UMA POPULAÇÃO DE BOVINOS GUZERÁ

CARRARA, E.R.^{1*}; PEIXOTO, M.G.C.D.²; MARQUES, D.B.D.¹; SILVA, D.A.¹; JOSAHKIAN, L.A.³; LOPES, P.S.¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil, *email: eulacarrara@gmail.com;

²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil;

³Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, Uberaba, Minas Gerais, Brasil.

Os bovinos Guzerá são um importante recurso genético para a pecuária brasileira. A população brasileira de animais Guzerá se originou de um pequeno grupo de animais importados da Índia no início do século 19, crescendo e se tornando predominante no país em meados dos anos 30. Contudo, sofreu um declínio em meados dos anos 50 pelo uso intenso em sistemas de cruzamento. Os efeitos fundador e gargalo podem elevar os níveis de endogamia na população, uma vez que se aumenta a chance de acasalamento entre indivíduos que são mais aparentados do que a média. Dessa maneira, controlar os níveis de endogamia na raça ao longo dos anos de seleção é fundamental. O objetivo com o trabalho foi estimar os coeficientes de endogamia por meio do arquivo de genealogia da raça, contendo 433.823 animais, incluindo 121.497 reprodutoras e 7.200 touros, de 14 gerações sobrepostas e com nascimentos registrados de 1940 a 2019. Dos animais da genealogia, 77% possuíam pai e mãe conhecidos; 4% possuíam somente pai conhecido; 16% possuíam somente mãe conhecida; e 3% possuíam pai e mãe desconhecidos. O coeficiente de endogamia foi calculado como a probabilidade que dois alelos em qualquer locus no indivíduo sejam idênticos por descendência. O coeficiente de endogamia médio foi igual a 0,007 ($\pm 0,025$), variando de 0 a 0,41, considerando todos os animais. Esse valor foi baixo comparado a outras raças bovinas e mantém-se baixo comparado com estudos anteriores na raça. Considerando apenas os indivíduos endogâmicos, a média do coeficiente de endogamia foi 0,030 ($\pm 0,045$). Embora com 14 gerações sobrepostas, o número de gerações completas e de gerações equivalentes foi 6 e 7,79, respectivamente, o que pode ter refletido no baixo coeficiente médio de endogamia. Considerando o ano de nascimento, os coeficientes médios de endogamia foram iguais a 0,002 ($\pm 0,019$), 0,002 ($\pm 0,022$), 0,002 ($\pm 0,017$), 0,004 ($\pm 0,021$), e 0,011 ($\pm 0,029$), para animais nascidos antes de 1979, entre 1980 e 1989, entre 1990 e 1999, entre 2000 e 2009, e depois de 2010, respectivamente. Em relação ao valor do coeficiente de endogamia, 77% dos animais apresentaram coeficiente igual a zero, 10% apresentaram coeficiente de 0 a 0,01; 8% de 0,01 a 0,04; 3% de 0,04 a 0,10; e 2% acima de 0,10. Mesmo que a raça Guzerá tenha passado por eventos históricos nas últimas décadas, tais como gargalo populacional e efeito fundador, a raça tem mantido um nível baixo de endogamia, sugerindo um bom nível de diversidade genética. Contudo, esse parâmetro não deve ser negligenciado e deve ser monitorado frequentemente.

Palavras-chave: bovinocultura, consanguinidade, genealogia, Zebu.

Agradecimentos: UFV, CAPES, CNPq, FAPEMIG, CBMG², Embrapa Gado de Leite e ABCZ.

INFLUÊNCIA DA INCLUSÃO DE EFEITOS GENÉTICOS NÃO-ADITIVOS NO MODELO NA CLASSIFICAÇÃO DOS ANIMAIS

REIS, A. C. Z.¹, OLIVEIRA, L. F.¹, SANTOS, C. G.¹, SILVA, D.A.², CARRARA, E.R.³, VERONEZE, R.²

¹Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: aricia.reis@ufv.br;

²Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Pós doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Programas de melhoramento genético animal tem como principal objetivo selecionar os melhores indivíduos para serem pais da próxima geração, sendo que a escolha do modelo a ser utilizado na avaliação genética pode alterar a classificação dos animais. Desta forma, objetivou-se avaliar o impacto da inclusão de efeitos genéticos não-aditivos na classificação dos animais. Foi utilizado um banco de dados público da empresa de melhoramento de suínos *Pig Improvement Company*, que inclui dados de 3.534 indivíduos, genotipados com 52.843 SNPs, para 5 características com herdabilidades de 0,07; 0,16; 0,38; 0,58 e 0,62 para T1, T2, T3, T4 e T5, respectivamente. O controle de qualidade dos dados de genótipos consistiu na remoção de SNPs com call rate menor que 0,90, frequência do alelo menor (MAF) menor que 0,01 e desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg com p-valor menor que 10^{-5} . Após o controle de qualidade, permaneceram 40.828 SNPs. Foram ajustados os seguintes modelos: MA: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MADE1: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{d} + \mathbf{Z}\mathbf{e}_{aa} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MAD: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{d} + \boldsymbol{\varepsilon}$; MADE2: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{d} + \mathbf{Z}\mathbf{e}_{aa} + \mathbf{Z}\mathbf{e}_{ad} + \boldsymbol{\varepsilon}$; em que \mathbf{y} é o vetor de fenótipos corrigidos para efeitos fixos; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos que inclui apenas a média; \mathbf{a} é o vetor de efeitos genéticos aditivos, $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{G}_A\sigma_a^2)$, sendo σ_a^2 variância genética aditiva e \mathbf{G}_A matriz de parentesco genético aditivo; \mathbf{d} é o vetor de desvio de dominância, $\mathbf{d} \sim N(0, \mathbf{G}_D\sigma_d^2)$, sendo σ_d^2 variância de dominância e \mathbf{G}_D matriz de parentesco de dominância; \mathbf{e}_{aa} é o vetor de efeito genético epistático aditivo x aditivo, $\mathbf{e}_{aa} \sim N(0, \mathbf{G}_{AA}\sigma_{aa}^2)$, sendo σ_{aa}^2 variância de epistasia aditiva-aditiva e \mathbf{G}_{AA} matriz de parentesco de epistasia aditiva-aditiva; \mathbf{e}_{ad} é o vetor de efeito genético epistático aditivo x dominância, $\mathbf{e}_{ad} \sim N(0, \mathbf{G}_{AD}\sigma_{ad}^2)$, sendo σ_{ad}^2 variância de epistasia aditiva-dominante e \mathbf{G}_{AD} matriz de parentesco de epistasia aditiva-dominante; $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_\varepsilon^2)$, sendo σ_ε^2 variância residual; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência dos efeitos fixo e genéticos, respectivamente. As análises foram realizadas usando o software ASREML. Foi calculada a correlação de Spearman (r) para avaliar a reclassificação de 5% dos animais com maiores GEBVs de todos os modelos em relação ao modelo MA. Apesar de alguns artigos reportarem que a inclusão de efeitos genéticos não-aditivos resulta em GEBVs mais acurados, para as características T2, T3, T4 e T5 não houve mudança na classificação dos animais ao incluir dominância e epistasia nos modelos de predição genômica, uma vez que as correlações foram maiores ou iguais a 0,97. Para T1 a correlação foi de 0,82 nos modelos MADE1 e MADE2 e de 1,0 no MAD, indicando que a inclusão do efeito de epistasia pode resultar em reclassificação. O efeito de dominância não alterou a classificação dos animais para nenhuma das características avaliadas. Assim, os efeitos não-aditivos tiveram reduzido impacto na classificação dos animais, sendo recomendada a utilização de modelo mais parcimonioso, neste caso o modelo MA.

Palavras-chave: predição genômica, dominância, epistasia, seleção

MACHINE LEARNING NA PREDIÇÃO DA MACIEZ DA CARNE BOVINA USANDO A TÉCNICA NIR

BORGES, E. R. P. S.¹; DALLAGO, G. M.²; ALBUQUERQUE, L. G.³; SILVA, D. B. S.⁴; VERARDO, L. L.⁵; MAGALHÃES, A. F. B.⁶

¹Graduanda em Zootecnia – Departamento de Zootecnia – UFVJM, Email: elora.borges@ufvjm.edu.br; ² Pós-doutorando do Departamento de Ciência da Computação da Université du Québec à Montréal; ³ Professora Titular - Departamento de Zootecnia - UNESP. ⁴ Professora - Universidade José Rosário Vellano; ^{5,6} Professor Adjunto - Departamento de Zootecnia – UFVJM

Quando se refere à carne bovina, a maciez é uma das características que mais influencia a decisão de compra dos consumidores, tendo impacto em decisões tomadas ao longo de toda a cadeia produtiva. Com isso, aumenta a necessidade de se obter animais geneticamente superiores para essa característica, o que reflete em coleta de dados em larga escala. Uma das alternativas para obter grande quantidade de dados para maciez é a utilização da espectroscopia do infravermelho próximo (NIR). Essa técnica cresceu notavelmente na indústria de alimentos, pois reduz custos e obtém medições de maneira mais simples, rápida e não-destrutiva. Devido a difícil mensuração da maciez e a perda de amostras na forma convencional, o NIR deve ser avaliado como uma opção de avaliação. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o uso da técnica NIR para predição da maciez em larga escala utilizando machine learning. Foram coletadas 1305 amostras do músculo *longissimus thoracis* de machos inteiros da raça Nelore, com aproximadamente 2 anos de idade, e em cada uma das amostras foram realizadas a análise de maciez e a coleta espectral do NIR. Para a coleta espectral, a temperatura da carne foi monitorada e ao atingir 5 °C os espectros NIR foram obtidos com um espectrômetro Spectrum 100N FT-IR, os dados espectrais foram coletados como absorvância relativa em um comprimento de onda de 4000 a 10000 cm⁻¹ (2500 a 1000 nm) em intervalos de 2 cm⁻¹ e 64 varreduras. Após análise dos espectros, a maciez foi medida pelo procedimento padrão Warner-Bratzler shear force (WBSF). Na edição dos dados as entradas duplicatas (N=2) foram removidas, e para os comprimentos de ondas foi considerada a redução do intervalo espectral (4132 cm⁻¹ a 9116 cm⁻¹). Após isso, os dados (N=1303) foram divididos entre arquivos de treinamento (N=977) e validação (N=326) seguindo a proporção 75:25, respectivamente. Foi testado o algoritmo *support vector machine* com kernel polinomial (SVM.Pol) para prever os parâmetros de qualidade da carne com base nos comprimentos de onda. A estatística descritiva para maciez apresentou resultados acima do esperado para gado Nelore, de acordo com a literatura, gerando um resultado médio de 6,74 kg com um desvio padrão de 1,73 kg e coeficiente de variação de 27%. Com o uso algoritmo SVM.Poly, foi obtido como resultados de treinamento (N=977): coeficiente de determinação (R²) = 0,38; raiz do erro médio quadrático (REMQ) = 1,36 kg; erro absoluto médio (EAM) = 1,04 kg e erro percentual absoluto médio arco-tangente (EPAMA) = 16,7%. Enquanto os resultados de validação (N=326) foram: R² = 0,24; REMQ = 1,51 kg; EAM = 1,15 kg e EPAMA = 18,0%. Esses resultados demonstraram habilidade moderada de predição da maciez da carne usando SVM.Pol como metodologia. Acredita-se que mais estudos, utilizando técnicas de pré-processamentos e diferentes modelos de predição, serão necessários para obter resultados mais acurados e aplicá-los, futuramente, na predição de maciez em larga escala.

Palavras-chave: espectroscopia, qualidade da carne, predição, WBSF.

MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA UTILIZANDO B-SPLINE QUADRÁTICO APRESENTA MELHOR AJUSTE PARA ESTIMAR PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM DIFERENTES IDADES EM CODORNAS DE CORTE

ABREU, C. P.¹, SILVA, D. A.², SILVA, M. R. G.¹, SILVA, C. A. F.³; MARQUES, D.B.D²; LOPES, P.S.².

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; e-mail: caroline.p.abreu@ufv.br

²Professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Atualmente, as codornas têm sido amplamente utilizadas em diversos países para a produção de carne e ovos e desempenham um papel importante na nutrição humana, principalmente em países em desenvolvimento. Assim, é essencial investir em programas de melhoramento de codornas para se obter maiores ganhos genéticos para as características de interesse, como o peso dos animais em diferentes idades, e, para isso, a escolha dos melhores modelos para a análise desses dados torna-se crucial. Dessa forma, objetivou-se comparar modelos de regressão aleatória (MRA) utilizando diferentes funções de covariância (polinômios de Legendre – LEG ou B-splines – BSP) e ordens polinomiais e com heterogeneidade (HET) ou homogeneidade (HOM) de variância residual para dados de peso de codornas de corte em diferentes idades via inferência Bayesiana. Os dados são pertencentes à linhagem UFV1 do Programa de Melhoramento Genético de Aves da Universidade Federal de Viçosa. Foram utilizados 62,587 registros de pesos da eclosão até os 42 dias de idade com intervalos de 7 dias. Os MRA foram ajustados considerando LEG linear, quadrático ou cúbico e BSP linear ou quadrático para modelar a curva fixa aninhada por geração e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente. Nos modelos com HET, cada idade foi considerada como uma classe, resultando em 7 classes. Os modelos foram comparados com base na qualidade do ajuste utilizando o *Deviance Information Criterion* (DIC) e nas estimativas dos parâmetros genéticos. O número de parâmetros variou de 13 a 27 para os modelos estudados. O modelo BSP quadrático assumindo HET apresentou o melhor ajuste devido ao menor valor de DIC (377,849) e estimativas de parâmetros genéticos similares às reportadas na literatura. Considerando o melhor modelo, de modo geral, as estimativas das variâncias genéticas aditivas e de ambiente permanente aumentaram da eclosão aos 42 dias de idade. As herdabilidades variaram de 0,53 (1 dia) a 0,27 (42 dias). As correlações genéticas entre os pesos nas diferentes idades variaram de 0,12 a 0,96, as correlações genéticas não diferiram de zero pelo intervalo de credibilidade. Assim, conclui-se que o modelo de regressão aleatória B-Spline quadrático com heterogeneidade de variância residual apresentou o melhor ajuste e deve ser utilizado para avaliação genética dos pesos nas diferentes idades em codornas de corte da linhagem UFV1.

Palavras-chave: B-spline, correlação genética, herdabilidade, Legendre

NOVA DELEÇÃO IDENTIFICADA EM BOVINOS: POSSÍVEL ASSOCIAÇÃO COM PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS

ALMEIDA, E.A.R.¹, PEREIRA, J.R.¹, VIEIRA, J.I.G.², MAGALHÃES, A.F.B.³, VERARDO, L.L.³, SILVA, M.V.G.B.⁴.

¹Graduando em Zootecnia, DZO, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: emilyalvesrodrigues2609@gmail.com;

²Mestre em Zootecnia, DZO, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

³Professor Adjunto, DZO, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

⁴Pesquisador, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG.

Pesquisas têm identificado semelhanças do perfil de ácidos graxos (PAG) na carne de bovinos da raça Pantaneiro em relação à outras raças, como o Nelore, embora o Pantaneiro apresente maior suculência e maciez. A carne bovina é uma fonte natural de ácidos graxos essenciais, sendo que os tecidos adiposos intramuscular e subcutâneo são os principais depósitos. Entre os genes candidatos para PAG, o *MFSD2A* possui papel de destaque por promover a proliferação e migração de pré-adipócitos intramusculares em frangos, além de ser apontado como gene candidato para PAG em bovinos. Assim, objetivou-se analisar *in silico* a região à montante deste gene em busca de variantes com possíveis efeitos na ligação de fatores de transcrição (FT). Foram utilizados dados de resequenciamento de 12 animais da raça Pantaneiro. O sequenciamento, mapeamento e identificação das variantes foram realizados de acordo com o preconizado no projeto 1000 Bulls Genome Project, sendo obtido um total de 335.182.687 *reads*, com 99,51% de mapeamento e cobertura de 14,07 X. Inserções e deleções (InDels) foram identificadas de acordo com a montagem atualizada do genoma bovino (ARS-UCD1.2). As variantes foram classificadas de acordo com sua posição e selecionadas apenas aquelas na região à montante dos genes usando a ferramenta Ensembl Variant Effect Predictor (VEP, version 84). Dentre estas variantes, uma nova deleção de 64 pb foi observada à aproximadamente 5kb de distância do sítio de início de transcrição (SIT) do gene *MFSD2A*. Assim, a sequência à montante do SIT (6kb) foi obtida no NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), e dois arquivos FASTA montados, sendo um com a sequência original do bovino e outra com a deleção. Estas sequências foram utilizadas como entrada no programa TFM-explorer para buscar por sítios de ligação de fatores de transcrição usando matrizes de peso do banco de dados de vertebrados JASPAR. A sequência contendo a deleção promoveu a ligação do FT *ARID3A* no local. Assim como o *MFSD2A*, este FT está relacionado com a diferenciação e proliferação celular, e desta forma, podendo atuar juntos na diferenciação e proliferação de células de gordura em bovinos. Pelo fato do *MFSD2A* e *ARID3A* compartilharem ações biológicas, sugere-se que a deleção identificada possa ser mais bem estudada *in vitro* e *in vivo* para confirmar seu possível papel no PAG em bovinos da raça Pantaneiro.

Palavras-chave: sequenciamento, genoma, qualidade de carne

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA O TEMPO DE CORRIDA DE CAVALOS PURO-SANGUE INGLÊS EM DISTÂNCIAS CURTAS

PADILHA, S.F.¹; PADILHA, D.A.O.¹; MARTINS, R.²; MILIORINI, M.R.³; DIAS, L.T.⁴; TEIXEIRA, R.A.⁴

¹Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CAPES. e-mail: suelenpadilha7@gmail.com;

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CNPq;

³Bacharela em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil;

⁴Professor Associado do Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR.

As corridas de cavalos são competições com o objetivo de entretenimento e que movimentam volume financeiro considerável em apostas. Apesar das provas serem reconhecidas como “jogo de azar”, os criadores acreditam que o desempenho do animal é influenciado por características genéticas e fatores ambientais. Sendo assim, a análise estatística de dados pode contribuir tanto para melhorar a precisão dos resultados, como na escolha de melhores reprodutores que possam transmitir informações genéticas para melhor desempenho de suas progênes. Diante disso, o objetivo deste estudo foi estimar a herdabilidade e a repetibilidade do tempo de corrida em segundos (TCS) para curtas distâncias em equinos da raça puro-sangue inglês no Brasil. Para isso, foram utilizadas informações de 1.919 animais que competiram entre janeiro de 2018 a agosto de 2022, obtidos do banco de dados público do Jockey Club de São Paulo. Inicialmente, o banco continha 5.364 registros de desempenho, sendo que desses, 3.618 eram de corridas de 1.000m (D1000) e 1.746 de 1.600m (D1600). Foi realizada a análise estatística por meio do *software* RStudio e o melhor modelo foi definido através do procedimento *stepwise*. Por fim, o modelo considerou como efeitos fixos a distância (D1000 e D1600), dificuldade de prova (normal, *claiming*, *listed race* e grupo 1, 2 e 3), condição de pista (areia macia, pesada, encharcada e grama leve, macia e pesada), sexo, baliza, jóquei e, como covariáveis, idade linear (2 a 8 anos) e quadrática, peso do animal e peso do jóquei. A matriz de parentesco foi composta por 5.489 animais. Os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados pelo programa AIREMLF90 da família BLUPF90. As médias fenotípicas e os desvios-padrão de TCS para D1000 e D1600 foram $57,257 \pm 1,598$ e $97,229 \pm 2,150$, respectivamente. A estimativa de herdabilidade para TCS foi $0,32 \pm 0,033$ semelhante a resultados observados na literatura para TCS em curtas distâncias. Tais estimativas encontradas demonstram que quanto menor a distância, maiores são as diferenças que podem ser atribuídas a ação dos genes envolvidos no desempenho, ou seja, a característica TCS é passível de seleção genética. A repetibilidade estimada para TCS foi de $0,38 \pm 0,021$, valores também semelhantes aos observados na literatura e que indicam que parte relevante do desempenho futuro pode ser predito com base nos desempenhos iniciais da vida esportiva do animal. Desse modo, os resultados encontrados sugerem que a característica TCS pode responder positivamente à seleção, permitindo ganhos genéticos em programas de melhoramento de cavalos de corrida da raça puro-sangue inglês.

Palavras-chave: herdabilidade, hipódromo, repetibilidade, tempo-término, velocidade.
Agradecimentos: à CAPES e ao CNPq pela concessão da bolsa de estudo.

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA TEMPO DE CORRIDA, EM LONGAS DISTÂNCIAS, DE CAVALOS PURO-SANGUE INGLÊS NO BRASIL

PADILHA, D.A.O.¹; PADILHA, S.F.¹; MARTINS, R.²; MILIORINI, M.R.³; DIAS, L.T.⁴; TEIXEIRA, R.A.⁴

¹Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná-UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CAPES, email: denyusaugustp@gmail.com;

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil, bolsista CNPq;

³Zootecnista formada pela UFPR, Curitiba, PR, Brasil;

⁴Professor Associado do Depto. de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba, PR, Brasil.

A seleção de cavalos de corrida tradicionalmente utiliza como critérios a combinação de informações de desempenho associadas ao *pedigree*. No entanto, além de serem decisões subjetivas, não refletem precisamente a capacidade genética de um animal, o que dificulta compreender a variação genética para o desempenho de corrida. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi estimar a herdabilidade e a repetibilidade para o tempo de corrida em segundos (TCS) para as distâncias de 2.000 metros (D2000) e 2.400 metros (D2400) em cavalos puro-sangue inglês. Foram utilizadas informações de 622 animais (235 fêmeas e 387 machos), obtidos através do banco de dados público do Jockey Club de São Paulo, incluindo 1.677 registros de TCS (1.191 de D2000 e 486 de D2400) coletados entre janeiro de 2018 e agosto de 2022. Inicialmente foram excluídos TCS 3 desvios-padrão acima e abaixo da média e animais com mais de 8 anos de idade. A estatística descritiva e o modelo ideal, definido utilizando o procedimento *stepwise* do pacote *stats*, foram realizados através do *software* RStudio (versão 4.2.1). A característica TCS foi analisada por meio de modelo animal unicaracterístico, considerando-se, como fixos, os efeitos de distância (D2000 e D2400), dificuldade da prova (normal, *claiming*, *listed race* e grupos 1, 2 e 3), condição de pista (areia macia, pesada, encharcada e grama leve, macia e pesada), sexo e baliza e, como covariáveis, o peso do animal e a idade linear (3 a 8 anos) e quadrática dos animais. A matriz de parentesco foi composta por 5.489 animais. Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados através do *software* AIREMLF90 da família BLUPF90. As médias fenotípicas e os desvios-padrão da característica TCS foram de $123,929 \pm 2,75$ para D2000 e $151,346 \pm 3,52$ para D2400. A herdabilidade para a característica TCS em distâncias longas foi de $0,16 \pm 0,07$ e a repetibilidade de $0,21 \pm 0,03$. Resultados da literatura para TCS em longas distâncias também indicaram herdabilidades e repetibilidades que variaram de baixa a moderada magnitude, sendo que a magnitude dos valores para estes parâmetros genéticos aumenta em distâncias mais curtas. Em geral, conforme os animais adquirem experiência e apresentam bons desempenhos em distâncias curtas, também são desafiados a competir em distâncias longas. Sendo assim, seria importante identificar características com maior precocidade de obtenção e que sejam favoravelmente correlacionadas aos desempenhos em provas longas. Os resultados obtidos indicaram que apesar do componente genético influenciar em menor proporção a variação para TCS, ainda assim as avaliações genéticas podem contribuir para a seleção de reprodutores com progênes de melhor desempenho. Entretanto, é essencial coletar informações e implementar um programa de avaliação genética eficiente, uma vez que se espera progresso genético a longo prazo.

Palavras-chave: corridas, equinos, fundistas, herdabilidade, repetibilidade.

Agradecimentos: à CAPES e ao CNPq.

PÓS-GWAS ALIADAS A ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA MARMOREIO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

FERNANDES, A.A.S.¹; FERREIRA, P.H.³; FREITAS, A.G. DE O.²; CARVALHO, L.S.²;
MAGALHÃES, A.F.B.⁴; VERARDO, L.L.⁴.

¹ Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales Jequitinhonha e Mucuri, email: aline.auxiliadora@ufvjm.edu.br

² Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

³ Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales Jequitinhonha e Mucuri;

⁴ Professor adjunto do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

A crescente demanda da bovinocultura de corte faz com que o mercado busque cada vez mais incrementar produtos que atendem às exigências dos consumidores. Carnes marmorizadas tem sido um produto de alta procura e isso vem ganhando destaque nos grupos de pesquisas do mundo todo. Devido a esse motivo, estudos de associação genômica ampla (GWAS) são relevantes para identificar genes candidatos associados a esta característica de interesse. Aliado a estes estudos, análises pós-GWAS contribuem com informações sobre genes identificados. Assim, esse estudo teve como objetivo construir uma rede gene-processos biológicos a partir de genes candidatos previamente identificados por (MAGALHÃES *et al.*, 2015), destacando os genes mais candidatos relacionados a carne marmorizada de bovinos da raça Nelore. Os genes candidatos foram submetidos a uma análise, funcional para obtenção de uma rede gene-processos biológicos, que demonstrou processos relacionados à genes como *NMNAT1*, *PGD* e *NEU3*, destacando processos biológicos que atuam na marmorização da carne e indicando genes candidatos em potencial. De início foram anotados todos os marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) e janelas de SNPs associadas a possíveis candidatos, como sua (bp) nos respectivos cromossomos. A partir dessa anotação, os genes mapeados nas regiões flangeadoras, janelas ou a redor de marcadores associados descritos no trabalho, foram anotados através do banco de dados GenBank do NCBI. A rede destacando os processos biológicos relacionados aos genes candidatos foram obtidos através do programa Cytoscape via plug-in ClueGO (BINDEA *et al.*, 2009). Sendo assim, foi possível destacar processos biológicos associados ao marmoreio do Nelore e os respectivos genes candidatos. O gene *NMNAT1* codifica para proteína *Nicotinamide Nucleotide Adenylyltransferase 1*, que possui evidências de estar envolvida em processos metabólicos relacionados no controle de adipogênese em ratos (HUANG *et al.*, 2020). Além disso, este gene foi associado ao processo metabólico do NAD. A nicotinamida adenina dinucleotídeo (NAD) é considerada um metabólico sensível ao nível de energia, podendo funcionar como uma coenzima em várias reações redox nas principais vias de produção de energia, como glicólise, ciclo do ácido tricarbóxico (TCA), e oxidação de ácidos graxos (OKABE *et al.*, 2019). Já o gene *PGD* codifica para proteína Fosfogluconato desidrogenase, a qual é sugerida atuar no processo de lipogênese (LIN *et al.*, 2015). Este gene foi associado ao processo biossintético de pentose. Este processo está relacionado a via pentose fosfato, a qual existem estudos indicando sua relação com lipogênese (JIN *et al.*, 2019). A análise da rede gene-processos biológicos permitiu a identificação de dois possíveis genes (*NMNAT1* e *PGD*) mais candidatos associados à característica de marmoreio. Dessa forma, espera-se que esses genes realizem funções biológicas que auxiliem no processo de seleção para marmoreio na carne de bovinos da raça Nelore.

Palavras-chave: bovinocultura de corte, genoma, redes gênicas.

Agradecimentos: CNPQ e a UFVJM pelo apoio financeiro.

REDES NEURAIS ARTIFICIAIS PARA PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA

DIJKINGA, F.D.^{1,2}, MARTINS, R.^{1,2}, TEIXEIRA, R. A.^{1,3}, EL FARO, L.⁴, DIAS, L.T.^{1,3}

¹Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

²Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil, bolsistas Capes e CNPq, respectivamente.

³Professor do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil.

⁴ Pesquisadora do Instituto de Zootecnia, APTA - Sertãozinho, 14160-900, Brasil.

e-mail autor: fernando.dijkinga@ufpr.br

O progresso genético pode ser acelerado pela rápida e acurada identificação de animais superiores, a fim de se atingir os objetivos de seleção. Em geral, a estimativa de valores genéticos demanda grande capacidade computacional e ocorre, geralmente, de forma periódica. Dessa forma, métodos confiáveis e ágeis são essenciais em programas de melhoramento genético para auxiliar nas tomadas de decisão. Os valores genéticos já estimados, podem ser utilizados para treinamento de um modelo baseado em redes neurais artificiais para a predição de novos valores genéticos. Desse modo, o objetivo do presente estudo foi estimar valores genéticos para produção de leite (PL) de bovinos da raça Holandesa por meio de redes neurais artificiais. Para isso foram utilizados dados de 7.282 fêmeas da raça Holandesa com registro de primeira lactação entre 2000 e 2020 disponibilizadas pela GenMate Genética LTDA. Para cálculo dos valores genéticos foi utilizado modelo animal, em que foram considerados, como efeitos fixos, os efeitos de rebanho, ano de nascimento e número de ordenhas realizadas por dia, o efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente, como efeitos aleatórios. As análises foram realizadas por meio do software AIREML da família BLUPF90. O modelo de rede neural artificial (RN) foi implementado pelo pacote *tensorflow* e *keras* para a linguagem *Python*. Foram utilizadas 5 camadas de neurônios contendo 4 neurônios na camada de entrada, 4 neurônios nas camadas ocultas e 1 neurônio na camada de saída, todos com ativação linear. Além disso, foi utilizado o método de gradiente descendente estocástico otimizado *Adam*, 90% do banco de dados para treinamento e 10% para validação do modelo. Como resultados, foram constatados pelo *software* AIRMLF90 coeficiente de herdabilidade para PL de 0,32 e valores genéticos (VG) de PL variando em 269,08±674,42kg. Os valores genéticos preditos por RN foram comparados aos valores genéticos preditos tradicionalmente por meio de correlação de *Pearson*. Os resultados dos valores genéticos preditos apresentaram erro médio absoluto de 128,53kg em sua validação, consideravelmente baixos, e coeficiente de correlação alto entre o VG preditos por RN e VG predito tradicionalmente (R=0,9854). A facilidade da realização de predições a partir do modelo treinado e a alta correlação entre os valores genéticos verdadeiros e preditos pela rede neural, apontam que essa metodologia pode ser empregada como método de auxílio em tomadas de decisão e contribuir para o melhoramento genético da raça.

Palavras-chave: aprendizagem supervisionada, *avaliação genética*, correlação, *machine learning*

Agradecimentos: À GenMate Genética LTDA pela concessão do banco de dados. E à CAPES e ao CNPq pela bolsa de estudos.

TECNOLOGIAS GENÔMICAS E A RELAÇÃO COM O GANHO GENÉTICO EM BOVINOS DE LEITE

ASSIS, T.R.M.¹; GUIMARAES, S.E.F.²

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: thais.r.assis@ufv.br;

²Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O melhoramento genético consiste na seleção, que é a escolha dos melhores indivíduos para serem utilizados como reprodutores e no acasalamento. A eficiência da seleção pode ser mensurada pelo ganho genético, que é a superioridade genética da progênie em relação aos seus pais. Sendo assim, objetivou-se avaliar como as tecnologias genômicas possibilitam o aumento do ganho genético na bovinocultura leiteira. Para isso, foi realizada uma revisão de literatura bem como um compilado dos trabalhos publicados acerca do tema citado. As descobertas das tecnologias genômicas como Polimorfismo de Nucleotídeo Único (SNPs), Loci de Características Quantitativas (QTLs), genes candidatos e Seleção Assistida por Marcadores Moleculares (MAS) associadas ao melhoramento genético são ferramentas mais eficientes na seleção dos animais para aumentar a produtividade na bovinocultura leiteira. Os marcadores moleculares são fenótipos moleculares originados de um gene expresso em um segmento específico do DNA. Os loci de características quantitativas (*Quantitative Trait Loci*, QTLs) são polimorfismos presentes na sequência de DNA utilizados para identificar regiões genômicas de características de interesse por meio do mapeamento das regiões cromossômicas associadas às variações genéticas. Os QTLs. A Seleção Assistida por Marcadores Moleculares (MAS) se baseia na seleção de indivíduos com alelos favoráveis para genes que controlam características desejáveis para produção. Os Polimorfismos de Nucleotídeo Único ou SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*) são a forma mais simples de polimorfismo genético sendo as variações que ocorrem com maior frequência no genoma. Consiste na mudança de um único nucleotídeo no contexto de uma sequência do DNA. Com uso dos SNPs tornou-se possível genotipar bezerros logo nas primeiras semanas de vida com uma confiança de 50 a 70%, dependendo da característica, e em animais adultos identificar genes recessivos que prejudicam a reprodução. Com isso, reduziu o intervalo de geração de 6 para 2 anos e aumentou a acurácia das predições genéticas. Outra tecnologia são os genes candidatos que tem função biológica conhecida e fazem parte do desenvolvimento ou fisiologia da característica estudada. A maior limitação é que poucos genes que controlam as características quantitativas são conhecidos, isso dificulta o efeito preciso do gene. Portanto, com base no que foi descrito, o melhoramento genético é uma das maneiras mais eficientes de aumentar a produtividade na bovinocultura leiteira. As tecnologias genômicas, citadas nessa revisão, apesar de possuírem algum tipo de limitação, contribuem para acelerar o ganho genético, seja na redução do intervalo de gerações ou no aumento da acurácia e da intensidade de seleção. É notório que as técnicas mais recentes carecem de mais estudos para entender mais a fundo seu funcionamento e algumas necessitam de aprimoramento.

Palavras-chave: bovinocultura leiteira, genômica, melhoramento animal, reprodução

Organização/organizer



Apoio/support



Patrocinador/sponsor

