



Sim Melhor

III Simpósio de Genética e Melhoramento Animal
III Symposium on Genetics and Animal breeding



I Workshop de Inteligência Artificial Aplicada à Pecuária Digital
I Workshop on Artificial Intelligence Applied to Digital Livestock

14 e 15 de Novembro/2024
November 14 & 15, 2024

III SimMelhor e I Workshop IAPD

III Simpósio de Genética e Melhoramento Animal e I Workshop de
Inteligência Artificial Aplicada à Pecuária Digital

Daniele Botelho Diniz Marques et al.



Realização

Grupo de Discussão em Genética e Melhoramento Animal – GDMA

Laboratório de Zootecnia de Precisão – LZP

Departamento de Zootecnia – UFV

14 e 15 de novembro, 2024

Viçosa – MG

III SimMelhor e I Workshop IAPD

III Simpósio de Genética e Melhoramento Animal e I Workshop de
Inteligência Artificial Aplicada à Pecuária Digital

ANAIS

Editores

Daniele Botelho Diniz Marques

Paulo Sávio Lopes

Simone Eliza Facioni Guimarães

Renata Veroneze

Delvan Alves da Silva

Érica Beatriz Schultz

Mario Luiz Chizzotti

Fabio Luiz Buranelo Toral

Lucas Lima Verardo

Leila de Genova Gaya

Caroline Pereira de Abreu

Cassiane Gomes dos Santos

Jacyara Lopes Pereira

Luís Miguel Gonçalves Fernandes

Ana Carolina Rodrigues Oliveira

Daniela Silvéria de Lana

Marcelo José Böck

Mariana Guimarães Pereira

Thaís Rodrigues Monteiro de Assis

Edvania Neres Lino

Inaê Ikegami Machado

14 e 15 de novembro, 2024

Viçosa – MG

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

SimMelhor e Workshop IAPD (3. : 1. : 2024 : Viçosa,
MG)

III Simpósio de Genética e Melhoramento Animal
e I Workshop de Inteligência Artificial Aplicada à
Pecuária Digital [livro eletrônico] / organização
Daniele Botelho Diniz Marques. -- Viçosa, MG :
Grupo de Discussão em Genética e Melhoramento
Animal - GDMA, 2024.

PDF

Vários autores.

Vários colaboradores.

Bibliografia.

ISBN 978-65-80028-02-3

1. Agropecuária 2. Genética animal 3. Melhoramento
genético 4. Pecuária 5. Zootecnia - Congressos
I. Marques, Daniele Botelho Diniz. II. Título.

25-246749

CDD-636.06

Índices para catálogo sistemático:

1. Zootecnia : Congressos 636.06

Aline Grazielle Benitez - Bibliotecária - CRB-1/3129

III SimMelhor e I Workshop IAPD

III Simpósio de Genética e Melhoramento Animal e I Workshop de Inteligência Artificial Aplicada à Pecuária Digital

COMISSÃO

Presidente da comissão organizadora

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

Comissão Organizadora

Paulo Sávio Lopes – Professor do Departamento de Zootecnia, UFV

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

Renata Veroneze – Professora Adjunta do Departamento de Zootecnia, UFV

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

Érica Beatriz Schultz – Professora Adjunta do Departamento de Zootecnia, UFV

Mario Luiz Chizzotti – Professor Adjunto 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

Caroline Pereira de Abreu – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Cassiane Gomes dos Santos – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Jacyara Lopes Pereira – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Luís Miguel Gonçalves Fernandes – Estudante de Doutorado em Zootecnia, UFV

Ana Carolina Rodrigues Oliveira – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Daniela Silvéria de Lana – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Marcelo José Böck – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Mariana Guimarães Pereira – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Thaís Rodrigues Monteiro de Assis – Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV

Edvania Neres Lino – Estudante de Graduação em Zootecnia, UFV

Inaê Ikegami Machado – Estudante de Graduação em Zootecnia, UFV

Comissão Científica

Alessandra Alves da Silva - Pós-Doutoranda em Zootecnia, UFV

Eula Regina Carrara – Postdoctoral associate in Animal Breeding and Genetics, University of
Georgia

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

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 - Postdoctoral Research assistant in Animal Breeding and
Genomics, Purdue University

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

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

Yann Malini Ferreira – PhD in Animal Biosciences, University of Guelph

AGRADECIMENTOS

À comissão organizadora

A todos os membros da comissão organizadora que contribuíram para o sucesso deste evento.

Aos funcionários

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

Aos palestrantes

Dr. Juan Steibel – Iowa State University, EUA

Dr. Luan Sousa dos Santos – Universidade Federal Mato Grosso do Sul – UFMS

Dra. Lucia Galvão de Albuquerque – Universidade Estadual Paulista – UNESP

Dr. Jose Gilson Regadas Filho – Cargill Digital Solutions

Dr. Renata Veroneze – Universidade Federal de Viçosa – UFV

Dr. Gabriel Machado Dallago – University of Manitoba, CA

Dr. Luigi Cavalcanti – Ponta Agropecuária

Dr. Gregório Miguel Ferreira de Camargo – Universidade Federal da Bahia – UFBA

Dr. João Ricardo Dorea – University of Wisconsin, EUA

Dr. Bertram Brenig, University of Göttingen, DE

Aos patrocinadores e apoiadores

Associação Brasileira dos Criadores de Zebu – ABCZ

Salminas/Nutriplan

Topigs Norsvin

Universidade Federal de Viçosa – UFV

Centro de Ciências Agrárias – UFV

Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-graduação – UFV

Departamento de Zootecnia – UFV

Programa de Pós Graduação em Zootecnia – UFV

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

Fundação Arthur Bernardes – FUNARBE

Bristol Viçosa Hotel

Restaurante Casa de Fazenda

Conselho Regional de Medicina Veterinária do Estado de Minas Gerais – CRMV-MG

Editora UFV

Instituto IData

Comissão Organizadora
III Simpósio de Genética e Melhoramento Animal (III SimMelhor) e I Workshop de
Inteligência Artificial Aplicada à Pecuária Digital (I Workshop IAPD)

AGORA VOCÊ JÁ SABE QUAL PROGRAMA ESCOLHER!

PMGZ



DIVULGAÇÃO EM PERCENTIL (%)

PARA CLASSIFICAÇÃO DECA1 E 2 COM ACURÁCIA MÍNIMA



**INCLUSÃO DE CARACTERÍSTICAS
DE AVALIAÇÃO DE CARÇAÇA**

NO IABCZ (ÁREA DE OLHO DE LOMBO E ACABAMENTO)



**MAIOR PROGRAMA DE
MELHORAMENTO
GENÉTICO DE ZEBUÍNOS
DO MUNDO**

**CDP: 5,9 MILHÕES DE ANIMAIS
DESDE 1968**



**PGP: 190,4 MIL ANIMAIS
DESDE 1972**



**+ DE 1 MILHÃO
DE CONTROLES
LEITEIROS DE
80.713 MATRIZES
DESDE 1976**



**15 MILHÕES DE
ANIMAIS REGISTRADOS
CERTIFICADOS PELO MAPA DESDE 1938**



**MATRIZES ATIVAS
PMGZ CORTE: 400 MIL
PMGZ COMERCIAL: 38 MIL**

O ÚNICO PROGRAMA
COM **VALIDAÇÃO
INTERNACIONAL**



**+ DE 22 MILHÕES DE
INFORMAÇÕES FENOTÍPICAS
NAS CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO, REPRODUTIVAS,
CARÇAÇA, MORFOLOGIA E
465 MIL ANIMAIS GENOTIPADOS**



**102 TÉCNICOS ATUANDO
EM 25 ESCRITÓRIOS
E 5 PONTOS DE APOIO
PELO BRASIL**



**O MELHOR CUSTO-BENEFÍCIO
DO MERCADO***



PROGRAMA B PROGRAMA C

100 MATRIZES R\$ 2,33 R\$ 4,47 R\$ 2,36

250 MATRIZES R\$ 2,04 R\$ 2,75 R\$ 2,36

500 MATRIZES R\$ 1,51 R\$ 2,24 R\$ 2,36

1.000 MATRIZES R\$ 1,28 R\$ 2,24 R\$ 2,36

*VALOR MENSAL POR MATRIZ

***O PMGZ É O ÚNICO PROGRAMA QUE CONSIDERA APENAS O NÚMERO DE MATRIZES ATIVAS DO REBANHO PARA O CÁLCULO DA COBRANÇA DE AVALIAÇÕES GENÉTICAS.**



ACESSE ABCZ.ORG.BR E SAIBA MAIS

ACESSE O QR CODE
AO LADO E CONHEÇA
O NOSSO PROGRAMA



Nutriplan

Eficiência, Sustentabilidade e Cuidado Nutricional

Ciência que nutre e transforma a pecuária

Na Nutriplan, acreditamos que nutrição e ciência são essenciais para o desenvolvimento sustentável da produção. Cada suplemento e ração que produzimos é resultado de pesquisa científica aplicada, com foco em eficiência produtiva e respeito ao meio ambiente.

Nosso compromisso é proporcionar o melhor para a saúde e o desempenho dos seus animais, com soluções equilibradas e sustentáveis.



Direção técnica de ponta e consultoria especializada

Com mais de 30 publicações científicas e mais de duas décadas de experiência na Embrapa, o Dr. Milton de Souza Dayrell lidera a Nutriplan com uma visão científica e de cuidado ao produtor. Além dos produtos de alta qualidade, a Nutriplan oferece a seus clientes consultoria gratuita para ajudar com soluções nutricionais que promovam o bem-estar animal e a eficiência do rebanho.

Quer saber mais?

Visite o site e descubra como a ciência pode transformar o desempenho do seu rebanho.



SALMINAS





Topigs Norsvin

FORMA010.com.br

TN70



+

PESADOS



+

UNIFORMES



+

EFICIENTES



A MELHOR MATRIZ DO MUNDO

SUMÁRIO

3D IMAGES FOR BIOMETRIC MEASUREMENTS EVALUATION OF BEEF CARCASSES	18
3D IMAGES TO PREDICT BEEF COLD CARCASS WEIGHT AND COMMERCIAL CUT YIELDS	19
ABORDAGEM MULTIVARIADA REVELA ALTERAÇÕES NO PERFIL DA EXPRESSÃO GÊNICA ASSOCIADOS AO METABOLISMO ENERGÉTICO DO MÚSCULO ESQUELÉTICO DE BEZERROS NELORE DESMAMADOS PRECOCEMENTE	20
ACURÁCIA DA PREDIÇÃO GENÔMICA PARA RESISTÊNCIA À <i>francisella orientalis</i> EM TILÁPIA DO NILO (<i>oreochromis niloticus</i>)	22
A FÊMEA SUÍNA COMO BOA PRODUTORA DE LEITÕES: MECANISMOS GENÉTICOS ENVOLVIDOS	23
ANÁLISE DE SOBREVIVÊNCIA EM ANIMAIS GIROLANDO 3/4 E 5/8.....	25
ANÁLISE DO GENOMA COMPLETO REVELA MECANISMOS GENÉTICOS ASSOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DA CARÇAÇA EM BOVINOS NELORE	26
ANÁLISE DOS NÍVEIS DE ENDOGAMIA EM TOUROS DA RAÇA JERSEY DISPONÍVEIS EM CATÁLOGOS DE REPRODUTORES NO BRASIL	28
ANÁLISE FATORIAL MÚLTIPLA COMO FERRAMENTA PARA OTIMIZAR A COLETA DE DADOS EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO	29
ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA PERFIL DE ÔMEGA 3 NO LEITE	30
ANÁLISE GENÉTICA DE CURVAS DE CRESCIMENTO DE COELHOS DA RAÇA NOVA ZELÂNDIA BRANCO.....	31
ANÁLISE MULTIVARIADA NA AVALIAÇÃO DE CARÇAÇA DE SUÍNOS	33
ANÁLISE TOCHER PARA IDENTIFICAR GRUPOS DE FAMÍLIAS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE TILÁPIAS DO NILO (TILAMAX-UEM) COM BAIXO GRAU DE DIMORFISMO SEXUAL PARA CRESCIMENTO.....	35
ANALYSIS OF PUBERTY IN 3/4 AND 5/8 GIROLANDO HEIFERS: PHYSIOLOGICAL AND GENETIC INDICATORS	36
ASSOCIAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE MEDIDAS MORFOMÉTRICAS E VOLUME DE CARNE DE GAROUPAS-VERDADEIRAS (<i>Epinephelus marginatus</i> , Lowe, 1834) CRIADAS EM DIFERENTES SISTEMAS	37
AVALIAÇÃO COMPARATIVA DE <i>WEB TOOLS</i> PARA SELEÇÃO DE RNAs GUIA PARA EDIÇÃO GENÔMICA POR CRISPR-CAS	39

AVALIAÇÃO DA ENDOGAMIA EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE: COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS COM BASE EM PEDIGREE E GENÔMICA.....	41
AVALIAÇÃO DA REDUÇÃO DO DIMORFISMO SEXUAL PARA PESO CORPORAL EM TILÁPIAS DO NILO, POR MEIO DE ACASALAMENTOS DIRIGIDOS.....	42
AVALIAÇÃO DA RESILIÊNCIA EM BOVINOS GUZERÁ SUBMETIDOS À PROVA DE GANHO DE PESO	44
AVALIAÇÃO DE MODELOS NÃO LINEARES PARA AJUSTE DA CURVA DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA SANTA GERTRUDIS CRIADOS NO BRASIL	45
AVALIAÇÃO GENÔMICA DE FAMÍLIAS DE TOUROS GIR PARA PRODUÇÃO DE OÓCITOS E EMBRIÕES	46
AVALIAÇÃO GENÔMICA MULTIRRACIAL PARA INDICADORES DE DESEMPENHO PRODUTIVO E REPRODUTIVO EM BOVINOS DE RAÇAS ZEBUÍNAS.....	47
AVALIANDO O AMBIENTE CLIMÁTICO DE UM <i>COMPOST BARN</i> SOB DIFERENTES PROJEÇÕES CLIMÁTICAS UTILIZANDO <i>MACHINE LEARNING</i>	49
CLASSIFICAÇÃO MORFOMÉTRICA E GEOMÉTRICA DE OVÁRIOS BOVINOS: PRIMEIRA ETAPA NA ELABORAÇÃO DE UM ÍNDICE DE SELEÇÃO DE DOADORAS PARA PRODUÇÃO IN VITRO DE EMBRIÕES	50
COEFICIENTE DE HERDABILIDADE PARA CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO E QUALIDADE DE LÃ EM OVINOS CORRIEDALE.....	52
COMPARAÇÃO DE MODELOS DE <i>DEEP LEARNING</i> PARA CLASSIFICAÇÃO DE ESCORE DE CONDIÇÃO CORPORAL DE CABRAS LEITEIRAS.....	53
COMPARAÇÃO DE MODELOS LINEARES EM CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA NOS BOVINOS DO COMPOSTO MONTANA	54
CORRELAÇÃO ENTRE PERÍMETRO ESCROTAL E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM REBANHO DA RAÇA SIMENTAL	56
CORRELAÇÃO FENOTÍPICA ENTRE PESOS A DIFERENTES IDADES E TEXTURA DE DUAS LINHAGENS DE MACHOS DE CODORNAS DE CORTE	57
CRITÉRIOS DE SELEÇÃO EM OVINOS DE CORTE.....	58
DADOS FENOTÍPICOS DE FÊMEAS SUÍNAS DA RAÇA PIAU: ANÁLISE COMPARATIVA QUANTO A CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS	60
DETERMINAÇÃO SEXUAL EM CONCEPTOS SUÍNOS UTILIZANDO DADOS DE RNA-SEQ: UMA ABORDAGEM BASEADA EM GENES DO CROMOSSOMO Y	61
DUAL ENERGY X-RAY ABSORPTIOMETRY (DEXA) FOR PREDICTING THE TISSUE COMPOSITION OF GOAT CARCASSES.....	63

DUAS MEDIDAS MORFOMÉTRICAS INÉDITAS PARA CARACTERIZAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO DE EQUINOS SELECIONADOS PARA MARCHA NO BRASIL.....	64
É POSSÍVEL DISCRIMINAR CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE OVOCITÁRIA A PARTIR DA MORFOLOGIA OVARIANA?	66
EFEITO DA HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES GENÉTICAS PARA CARACTERÍSTICAS DA CURVA DE CRESCIMENTO DE BOVINOS SANTA GERTRUDIS.....	68
EFEITO DO NÍVEL DE ENDOGAMIA SOBRE A PRODUÇÃO DE CASEÍNA DO LEITE EM VACAS HOLANDESAS	70
EFEITOS AMBIENTAIS QUE INFLUENCIAM AS CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO E QUALIDADE DE LÃ EM OVINOS DA RAÇA CORRIEDALE.....	72
EFEITOS AMBIENTAIS SOBRE CARACTERÍSTICAS AVALIADAS POR ESCORES VISUAIS À DESMAMA EM BOVINOS NELORE.....	73
EPMURAS COMO CRITÉRIOS DE SELEÇÃO PARA BOVINOS DA RAÇA NELORE.	74
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESO AJUSTADO AOS 210 DIAS DE IDADE E IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM NOVILHAS GUZERÁ.....	76
ESTIMATIVA DA HERDABILIDADE DO BHBA EM VACAS HOLANDESAS	77
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE CARÇAÇ MEDIDAS POR ULTRASSONOGRRAFIA EM BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ	78
ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE PERDA GESTACIONAL EM NOVILHAS COM CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA NA RAÇA NELORE.....	79
ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE PARA CARACTERÍSTICAS DE CONFORMAÇÃO CORPORAL E IDADE AO PRIMEIRO PARTO NA RAÇA GIR LEITEIRO	81
ESTUDO COMPARATIVO DE CARACTERÍSTICAS FENOTÍPICAS EM PORCAS GESTANTES DE DOIS GRUPOS GENÉTICOS: PIAU E COMERCIAL	83
ESTUDO DA VARIAÇÃO ENTRE FAMÍLIAS DO DIMORFISMO SEXUAL PARA PESO CORPORAL EM TILÁPIAS DO NILO	85
ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS GUZERÁ	87
ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA QUALIDADE DA CARNE EM BOVINOS NELORE UTILIZANDO DADOS DE SEQUENCIAMENTO	89
EXPLORING THE USE OF RESIDUAL VARIANCE FOR UNIFORMITY ALONG OF GROWTH CURVE OF BODY WEIGHT IN MEAT QUAIL LINE.....	91

FÊMEAS COM GESTAÇÕES CURTAS PRODUZEM FILHAS MAIS PRECOSES EM BOVINOS NELORE	92
FENOTIPAGEM AUTOMATIZADA DE CARACTERÍSTICAS DE ESTRESSE E APARÊNCIA PARA SELEÇÃO GENÉTICA NO PEIXE AMAZÔNICO <i>COLOSSOMA MACROPOMUM</i>	94
GENES PLEIOTRÓPICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS NELORE	95
GENETIC PARAMETERS FOR LATENT VARIABLES DERIVED FROM FACTOR ANALYSIS IN REPRODUCTIVE TRAITS.....	97
GENOME-WIDE COPY NUMBER VARIATION IN MURRAH BUFFALOES	98
GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTION FOR BODY WEIGHT IN MEAT QUAILS	100
HERDABILIDADES DIRETA E MATERNA PARA PESO AOS 7 DIAS DE IDADE EM LINHAGEM MACHO DE FRANGOS DE CORTE	101
IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS ASSOCIADOS AO NÚMERO DE PELOS EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS	102
IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADOS AO MARMOREIO EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS.....	103
ILHAS DE CORRIDAS DE HOMOZIGOSE EM TOUROS DA RAÇA GIROLANDO REVELAM GENES ASSOCIADOS A RUSTICIDADE	104
IMPACTO DA LINHA DE SELEÇÃO E DO PESO CORPORAL NAS INTERAÇÕES AGONÍSTICAS EM BOVINOS NELORE DURANTE TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR.....	106
IMPACTO DOS NÍVEIS DE ENDOGAMIA SOBRE AS CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS EM CAVALOS DA RAÇA MANGALARGA	108
INFLUÊNCIA DA LINHAGEM E DO SEXO SOBRE OS PESOS DE ABATE E DE CARÇA QUENTE EM CODORNAS	109
MACHINE LEARNING ALGORITHMS FOR PREDICTION OF PORK CUTS USING IMAGE PROCESSING DATA	110
MODELAGEM BAYESIANO DO PESO VIVO EM TILÁPIAS NILOTICA GIFT REVERTIDAS CULTIVADAS EM DIFERENTES AMBIENTES	112
MODELOS DE REDES NEURAIS CONVOLUCIONAIS PARA SEGMENTAÇÃO DE TECIDOS EM CARÇA BOVINA.....	114
MODELOS NÃO LINEARES PARA CURVA DE CRESCIMENTO DE COELHOS NOVA ZELÂNDIA	115
NOVA DELEÇÃO IDENTIFICADA EM BOVINOS DA RAÇA GIR LEITEIRO: POSSÍVEL RELAÇÃO COM PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS NO LEITE	116

NOVA INSERÇÃO IDENTIFICADA EM BOVINOS GIR LEITEIRO: POTENCIAL ASSOCIAÇÃO COM RESISTÊNCIA AO CARRAPATO.....	118
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA MORTALIDADE AOS 30 E 90 DIAS DE IDADE EM COELHOS DA RAÇA NOVA ZELÂNDIA.....	120
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RESISTÊNCIA A <i>Flavobacterium oreochromis</i> EM TILÁPIA DO NILO <i>Oreochromis niloticus</i>	122
PREDIÇÃO DO AMBIENTE CLIMÁTICO INTERNO DE UM <i>COMPOST BARN</i> COM MODELOS DE <i>MACHINE LEARNING</i>	123
PREDIÇÃO DO PESO DA CARCAÇA E PESO TOTAL DOS CORTES COMERCIAIS DE SUÍNOS UTILIZANDO IMAGENS 3D DE SECÇÕES DA CARCAÇA.....	125
PREDIÇÃO GENÔMICA MULTIRRACIAL PARA EFICIÊNCIA REPRODUTIVA EM BOVINOS DE ORIGEM ZEBUÍNA.....	127
PREDIÇÃO GENÔMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS NELORE.....	129
PREDIÇÃO GENÔMICA PARA PERÍODO DE GESTAÇÃO EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA.....	131
PREDIÇÃO POR IMAGEM DA ESPESSURA DA GORDURA DE NELORES SUPERPRECOSES EM TERMINAÇÃO.....	133
PREDIÇÕES GENÔMICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA EM ANIMAIS COMPOSTOS MONTANA UTILIZANDO DIFERENTES MODELOS.....	135
PREDIÇÕES INDIRETAS PARA RAÇAS DE GADO INDICINO BASEADAS EM UMA AVALIAÇÃO GENÔMICA MULTIRRACIAL.....	137
QUAL O MELHOR LOCAL PARA MENSURAR TEMPERATURA CORPORAL DE CABRAS LEITEIRAS JOVENS COM A IMAGEM TERMOGRÁFICA?.....	138
REDUCING INDEX SIZE USING OPTIMIZATION: A FOCUS ON SIMPLICITY.....	139
REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS AO MARMOREIO EM SUÍNOS DE LINHAGEM SINTÉTICA.....	140
SELEÇÃO PARA RESISTÊNCIA A ENFERMIDADES EM TILÁPIAS DO NILO.....	142
SISTEMA DE VISÃO COMPUTACIONAL PARA PREDIÇÃO DE RENDIMENTO DE FILÉ EM TILÁPIA.....	143
STUDY OF PUBERTAL PROFILE IN GIROLANDO HEIFERS 3/4 AND 5/8: DEVELOPMENT FACTORS.....	144
SUMARIZAÇÃO POR AUTOVETORES (PCA) DE ATRIBUTOS MORFOMÉTRICOS VARIÁVEIS EM UMA SUBPOPULAÇÃO DE EQUINOS ADULTOS MANGALARGA MARCHADOR.....	145
TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL E EMISSÃO DE METANO ENTÉRICO EM DOIS REBANHOS NELORE.....	147

TERMÓGRAFO OU PIRÔMETRO INFRAVERMELHO: QUAL O MAIS EFICIENTE NA AVALIAÇÃO DA TEMPERATURA SUPERFICIAL DE OVINOS EM DIFERENTES AMBIENTES?	149
USO DE DRONES E INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL PARA IDENTIFICAÇÃO DO PAR VACA-BEZERRO À PASTO.....	151
USO DE IMAGENS 3D PARA ESTIMATIVA DO PESO DE CARCAÇA CAPRINA.....	152
VALIDAÇÃO DE SISTEMA DE VISÃO COMPUTACIONAL PARA CONTAGEM E CLASSIFICAÇÃO DE BOVINOS EM CONFINAMENTO.....	153



3D IMAGES FOR BIOMETRIC MEASUREMENTS EVALUATION OF BEEF CARCASSES

LESSA, T.J.A. ¹; SOUZA, A.C.F.S.²; JESUS, L.K.E.S. ²; FREITAS, G.H. ²; COSTA, C.A.³; RAMOS, J.M.L. ⁴; NUNES, C.L.C.⁴; SCHULTZ, L.B. ⁵; CHIZZOTTI, M.L.⁵

¹Graduando em Veterinária, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa; ²Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: caio.costa1@ufv.br; ⁴Pós-Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

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

Image-based systems for automatic carcass classification are increasingly being studied and proposed in the literature with the aim of increasing accuracy and avoiding human subjectivity. It is estimated that through a computer vision system based on three-dimensional digital image analysis, we can improve the quality of the beef industry by automating and standardizing processes of evaluation. Therefore, the objective of this research was to evaluate the relationship between biometric measurements of beef carcasses performed manually and through digital images. Data were collected from 24 Nellore females slaughtered at the Slaughterhouse of the Universidade Federal de Viçosa (UFV). After harvest, the following biometric measurements were performed in the 48 half-carcasses: leg circumference (LC), leg length (LL), chest depth (CD), internal length (IL) and external length (EL). Subsequently, the half-carcasses were scanned, obtaining 3D models of hot carcasses. The 3D scanner used was the Artec Leo, and the 3D image processing was performed using the Artec Studio 17 software, where the same biometric measurements were made from the 3D models generated. The evaluation of the 3D model for estimating biometric measurements compared to the traditional method was by means of linear regression testing the slope and intercept parameters. Precision was assessed by the coefficient of determination (R^2) and accuracy by mean absolute error (MAE). Statistical analyses were performed in SAS (Institute Inc., Cary, NC, USA). Five regression equations were estimated for each of the biometric measurements (LC, LL, CD, IL, EL) and the coefficients of determination observed were $R^2=0.62$, $R^2=0.90$, $R^2=0.68$, $R^2=0.97$, $R^2=0.80$, respectively, establishing a high correlation for all 3D biometric measurements and the traditional method from the 3D image models generated by the scanning of the hot carcasses. The P values for the slope coefficients in all regression equations were statistically significant ($p<.0001$). The 3D images can be used to make biometric measurements in hot carcasses. However, more studies are necessary since our equations are based on Nellore animals and low sample size.

Keywords: 3D model, carcass, biometrics



3D IMAGES TO PREDICT BEEF COLD CARCASS WEIGHT AND COMMERCIAL CUT YIELDS

SOUZA, A.C.F.S.¹; JESUS, L.K.E.S.¹; FREITAS, G.H.¹; LESSA, T.J.A.²; COSTA, C.A.³; RAMOS, J.M.L.⁴; NUNES, C.L.C.⁴; SCHULTZ, E.B.⁵; CHIZZOTTI, M.L.⁵

¹Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

²Graduando em Medicina Veterinária, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa; ³Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: caio.costal@ufv.br;

⁴Pós-Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

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

A tridimensional (3D) beef carcass model can be analyzed using innovative technologies such as video image analysis (VIA) and machine learning algorithms to accurately predict live weight, carcass characteristics, and meat yield. Therefore, the objective of this research was to evaluate the use of total area extracted from 3D images to predict cold carcass weight and the yield of commercial beef cuts. Data were collected from 60 Nellore males ($\approx 454,4\text{kg}$) and females ($\approx 483\text{kg}$) slaughtered at the Slaughterhouse of the Universidade Federal de Viçosa (UFV). After a chilling period of 24h at 4°C, the left half-carcasses were weighed to obtain the cold carcass weight (CCW). Subsequently, they were scanned, obtaining 3D models of cold carcasses. The 3D scanner used was the Artec Leo, and the 3D image processing was performed using the Artec Studio 17 software, obtaining measurements of the biometric parameters of volume and total area from the 3D models generated. After 3D scanning, the carcasses were sectioned into anatomical regions that constitute commercial meat sections according to the routine deboning adopted by the UFV slaughterhouse. The evaluation of the 3D model for estimating cold carcass weight and cut yield in comparison with the traditional weighing and deboning of carcasses was done using linear regression testing the slope and intercept parameters. Precision was assessed by the coefficient of determination (R^2) and accuracy by mean absolute error (MAE). Statistical analyses were performed in SAS (Institute Inc., Cary, NC, USA). Two regression equations were estimated for predicting the cold carcass weight and cut yield using 3D imaging models: $y = 0.0396x - 17.698$; $y = 0,0261x - 11.653$. The coefficient of determination observed were $R^2=0.72$ and $R^2=0.64$, respectively, establishing a high correlation for both the cold carcass weight and the yield of cuts in relation to the total area extracted from the 3D image models generated from the scanning of the cold carcasses. The P values for the slope coefficients in both regression equations were statistically significant ($p<.0001$). The 3D images can be used to predict cold carcass weight and commercial beef cut yields. However, more studies are necessary since our equations are based on Nellore animals with specific carcass characteristics.

Keywords: 3D model, carcass, cold weight, cuts yield



ABORDAGEM MULTIVARIADA REVELA ALTERAÇÕES NO PERFIL DA EXPRESSÃO GÊNICA ASSOCIADOS AO METABOLISMO ENERGÉTICO DO MÚSCULO ESQUELÉTICO DE BEZERROS NELORE DESMAMADOS PRECOCEMENTE

MELO, P.L.G.¹; DE LIMA, P. I.²; VITORETTI, L. M. L.²; TUCCI, N. S.³; TORRECILHAS, J. A.⁴; MORIEL, P.⁵; CURÍ, R. A.⁶; PEREIRA, G.L.⁶

¹Mestranda em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus Jaboticabal; e-mail: paloma.leandra@unesp.br;

²Graduando em Zootecnia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus Botucatu

³Graduanda em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus Botucatu

⁴Pós-Doutoranda, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus Botucatu;

⁵Professor, Range Cattle Research & Education Center, Universidade da Flórida;

⁶Professor, Departamento de Nutrição e Melhoramento Animal, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus Botucatu.

A demanda por carne bovina brasileira está ligada à criação à pasto, porém, devido ao clima tropical e à sazonalidade das forragens, estratégias nutricionais são necessárias para mitigar a baixa qualidade alimentar. A desmama precoce, se bem conduzida, pode melhorar a taxa de desfrute do rebanho e o desempenho dos bezerros. Assim, este estudo teve por objetivo a utilização de análise multivariada para explorar as diferenças globais de expressão gênica do músculo esquelético de bezerros Nelore desmamados precoce e convencionalmente. Foram utilizados 40 bezerros Nelore machos, 20 desmamados precocemente (DP, 120 dias) e 20 de forma convencional (DC, 205 dias). Os bezerros DP foram mantidos em piquetes de braquiária decumbens e suplementados com 1g/kg de concentrado até os 205 dias. Amostras do músculo *Longissimus thoracis* foram coletadas de ambos os grupos por biópsia aos 205 dias. O DNA total foi extraído do músculo de oito subamostras de cada tratamento (DP e DC) para sequenciamento do transcriptoma por meio da plataforma *Illumina NextSeq550*®. As sequências obtidas foram alinhadas ao genoma de referência (*Bos taurus UMD 3.1.1*) e uma matriz de contagem normalizada foi utilizada para a análise de “sPLS-DA” (*sparse Partial Least Square – Discriminant Analysis*) utilizando o pacote *mixOmics* do programa R. Foram retidos 270 e 300 genes nos componentes 1 e 2, respectivamente sendo variáveis não observáveis diretamente que sintetizaram as informações das variáveis originais. A combinação linear obtida no componente 1 permitiu observar claramente a separação de grupos DP e DC indicando que a expressão destes genes está sistematicamente ligada aos tratamentos. Alguns destes genes foram mais importantes na discriminação entre grupos, com VIP > 1 no componente 1. Dentre estes, estão os genes que apresentaram maior escore médio no grupo DP, sendo eles o *CHRD2* envolvido na regulação de fatores de crescimento e na diferenciação celular, *THRSP* que desempenha papel na lipogênese regulado pelo hormônio da tireoide, *FABP4* que codifica uma proteína que se liga a ácidos graxos no interior da célula, crucial na regulação do metabolismo lipídico e na adipogênese, *ADIPOQ* que possui a função crítica na sensibilidade à insulina e no controle do metabolismo energético, *ACSM1* que ativa ácidos

graxos de cadeia média e *TRARG1* que está envolvido na resposta celular a hormônios da tireoide influenciando o metabolismo energético de forma indireta. Já os genes *ATF3*, *CRHRI* e *NR4A3*, tiveram maior escore médio no grupo DC, genes esses que podem estar correlacionados com a supressão da adipogênese e lipogênese, e podem apresentar resposta ao estresse, regulando a liberação de cortisol, inflamação e apoptose. Os resultados sugerem que em parte a suplementação de concentrado em nível de 1kg/g de peso vivo após a desmama precoce pode ter regulado positivamente genes relacionados a adipogênese e lipogênese, bem como, de forma negativa genes relacionados a lipólise e oxidação lipídica no músculo esquelético e tecido adiposo intramuscular de bezerros Nelore.

Palavras-chave: manejo nutricional; transcriptômica; expressão gênica; multivariada; bovinocultura.

ACURÁCIA DA PREDIÇÃO GENÔMICA PARA RESISTÊNCIA À *francisella orientalis* EM TILÁPIA DO NILO (*oreochromis niloticus*)

GARCIA, B. F.^{1*}; SILVA FILHO¹, M. S.; RESTREPO-ARANGO, J. A.¹; SOUSA, E. L.; AGUDELO, J. F. G.¹; MASTROCHIRICO FILHO, V. A.¹; MANSO, S. C. S.¹; BUTZGE, A. J.¹; PEREIRA, C. S.¹; DIAS, D. C.¹; LEONARDO, A. F.²; RANZANI-PAIVA, M. J. T.²; TACHIBANA, L.²; PILARSKI, F.¹; HASHIMOTO, D. T.¹

¹Centro de Aquicultura da Unesp (CAUNESP), Universidade Estadual Paulista (UNESP), *email: baltasar.garcia@unesp.br;

²Instituto de Pesca, Secretaria da Agricultura e Abastecimento, Governo do Estado de São Paulo.

Um dos principais desafios para o desenvolvimento da tilapicultura no Brasil é o surgimento frequente de doenças durante a fase produtiva, sendo a *Francisella orientalis* uma das mais relevantes. A franciselose, causada por esse patógeno intracelular gram-negativo facultativo, provoca altas taxas de mortalidade e morbidade, especialmente nas fases iniciais do ciclo de vida. A implementação de programas de melhoramento genético pode ser uma alternativa viável para o controle dessa doença, aumentando a resistência dos animais à infecção. Com o advento da informação genômica podemos selecionar de forma mais eficiente os reprodutores das próximas gerações. O objetivo deste estudo foi avaliar a acurácia da predição genômica para resistência a franciselose em tilápias do Nilo em comparação à utilização de apenas informação de pedigree. Um total de 496 animais pertencentes a 107 famílias (aproximadamente 5 animais por família) foram cultivados individualmente em tanques familiares até o peso aproximado de 10g e posteriormente identificados para o desafio bacteriano. Amostras de sangue também foram coletadas e o DNA genômico foi extraído para posterior genotipagem utilizando o painel Axiom TilShrv1 com 60.886 polimorfismos de nucleotídeos simples (SNPs). Os animais foram aleatoriamente distribuídos em 3 tanques experimentais para o desafio bacteriano distribuindo-se equitativamente o número de animais por família. Antes do desafio, os animais foram pesados e inoculados com uma dose letal pré-definida de 1 mL de inóculo por 10 g de peso vivo. Após a inoculação, o tempo de morte (TM) foi registrado durante 13 dias para ser usado como fenótipo de resistência. Dois métodos foram comparados utilizando apenas informação de pedigree vs. Utilização da informação genômica. Foi aplicado um esquema de validação cruzada em 5 grupos e a acurácia da predição genômica foi avaliada pela divisão da correlação de Pearson entre os valores genéticos estimados e os fenótipos pela raiz quadrada da herdabilidade. Valores altos de herdabilidade foram registrados para TM usando pedigree e genômica ($0,192 \pm 0,08$ e $0,195 \pm 0,02$, respectivamente) evidenciando que existe suficiente variação genética para a resistência frente a franciselose nesta população de tilápias e que a resposta a seleção pode ser rápida. A inclusão da informação genômica melhorou em 10% a acurácia da predição dos valores genéticos em comparação ao pedigree. Conclui-se que a utilização da informação genômica para selecionar tilápias do Nilo resistentes à franciselose é eficaz e, nesta população, podemos ter maior ganho genético em comparação ao uso de pedigree.

Palavras-chave: tilápia, predição genômica, francisella, resistência



A FÊMEA SUÍNA COMO BOA PRODUTORA DE LEITÕES: MECANISMOS GENÉTICOS ENVOLVIDOS

OSELAME, G.¹; PADILHA, S.F.²; CANTÃO, M.E.³; PEIXOTO, J. de O.⁴; ZAMPAR, A.⁵; IBELLI, A.M.G.⁶; CARREÑO, L.O.D.⁷; LOPES, J.S.⁷; FREITAS, P.H.F.⁷; FREITAS, M.S.⁷; LEDUR, M.C.^{4,8}

¹Acadêmico do Curso de Pós-Graduação em Zootecnia – CEO / UDESC Oeste – Bolsista Capes. E-mail: gui.oselame89@gmail.com;

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná;

³Coorientador, Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil;

⁴Pesquisadora, Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil;

⁵Coorientadora, Professora do Departamento de Zootecnia. UDESC;

⁶Analista, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil;

⁷Colaboradores, BRF SA, Curitiba, PR;

⁸Orientadora, Professora Permanente do Programa de Pós-graduação em Zootecnia – CEO / UDESC Oeste.

A anotação precisa de registros fenotípicos e a correta estimação de parâmetros genéticos são fundamentais para a aplicação de metodologias de seleção dos animais domésticos para maior produtividade. Características reprodutivas, apesar de sua grande importância, apresentam baixa herdabilidade (h^2) e, portanto, são de difícil seleção. Uma alternativa para aumentar a eficiência da seleção é o uso de marcadores, sendo o GWAS (*Genome-Wide Association Study*) um método para identificar marcadores associados a características de interesse. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos e identificar regiões genômicas associadas ao número de nascidos totais (NNT) e leitões vivos ao 5º dia (LV5). Os dados utilizados foram de uma linhagem materna de suínos Large White, fornecidos pela empresa BRF S.A. Os fenótipos e pedigree foram coletados desde 2001 e os registros de genótipos, obtidos com painéis de SNPs 50K e 80K da Illumina®, a partir de 2011. Foram utilizadas as últimas 15 gerações, com dados de fêmeas com ordem de parto (OP) < 6, grupos contemporâneos (GC: ano e mês do parto) com mais de 10 animais e registros de NNT e LV5 dentro de 3 desvios-padrão da média. No controle de qualidade dos genótipos, os seguintes parâmetros foram utilizados para remoção: equilíbrio de Hardy-Weinberg < 0,15, frequência de alelo menor < 0,02, taxa de chamada dos SNPs < 0,98 e taxa de chamada das amostras < 0,90. Também foram removidos animais com divergência na matriz de parentesco, SNPs não autossômicos e sem posição definida no genoma. O modelo considerou os efeitos fixos de OP e GC e como aleatórios, os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente. As estimativas de h^2 , correlação genética (rg) e fenotípica (rp) para NNT e LV5 foram obtidas por meio de análise bi-característica e o GWAS foi realizado utilizando a metodologia ssGBLUP (*Single-Step Genomic Best Linear Unbiased Prediction*) com janelas de 1Mb no software BLUPF90. Janelas que explicaram 10 vezes a variância genética esperada de cada característica ($VG = 100\% VG/\text{número de janelas}$) foram consideradas significativas. As estimativas de h^2 para NNT e LV5 foram baixas, sendo, respectivamente, $0,10 \pm 0,01$ e $0,11 \pm 0,01$, indicando grande influência do ambiente. As rg e rp entre NNT e LV5 foram altas e positivas, 0,77 e 0,74,

respectivamente, indicando que ao selecionar para uma característica, a outra responderá no mesmo sentido. No GWAS, foram encontradas 16 janelas significativas para NNT nos cromossomos (SSC) 1, 4, 6, 8, 11, 13, 14, 16, 17 e 18 e 17 janelas para LV5 nos SSC 1, 2, 4, 5, 8, 13 e 14. Esses resultados indicam que, apesar dessas características serem poligênicas, alguns genes apresentam maior efeito e a seleção utilizando marcadores poderá melhorar seu ganho genético. As regiões encontradas devem ser exploradas para identificar genes associados a NNT e LV5, contribuindo, assim, para elucidar os mecanismos genéticos envolvidos no controle genético dessas características.

Palavras-chave: blupf90, genômica, GWAS, herdabilidade, seleção.



ANÁLISE DE SOBREVIVÊNCIA EM ANIMAIS GIROLANDO 3/4 E 5/8

EITERER, I.O.¹; BÖCK, M.J.²; SCHMIDT, A.P.³; MARTINS, T.F.⁴; PENITENTE, J.⁵; ; GUIMARÃES, S.E.F.⁶

¹ Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; e-mail: isabela.eiterer@ufv.br ;

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

³ Mestrado em Veterinária, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

⁴ Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa

⁵ Pos Doc em Veterinária, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

⁶ Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

Na bovinocultura, destaca-se o rebanho destinado à produção leiteira. Atualmente, tem-se observado a predominância da raça Girolando, resultado do cruzamento entre as raças Holandesa e Gir. Esse cruzamento resulta em animais com boa produção de leite, resistentes, rústicos e adaptados ao clima predominante no território brasileiro. A eficiência reprodutiva é uma associação do sistema produtivo junto a condições de manejo, incluindo aspectos sanitários, nutricionais e de bem-estar. Um dos fatores que pode influenciar problemas reprodutivos futuros é a idade à puberdade, que varia entre raças e indivíduos, e é um aspecto relevante para evitar problemas reprodutivos futuros, mas ainda pouco investigado em novilhas Girolando, dado o caráter relativamente recente dessa raça e a escassez de estudos. Este estudo teve como o objetivo utilizar a análise de sobrevivência para comparar o momento da ovulação em novilhas Girolando 3/4 e 5/8, definido pela presença de corpo lúteo detectada por ultrassonografia, para avaliar se há diferenças na probabilidade de ovulação entre os dois grupos genéticos. Um total de 61 novilhas Girolando (18 animais 3/4 e 43 5/8) criadas em sistema semi-intensivo na Fazenda Ouro Verde, MG foram utilizadas. As novilhas, com idades entre 5 e 12 meses, foram alimentadas com capim tifton e suplementação. As medidas corporais foram realizadas a cada 21 dias, utilizando fita métrica, hipômetro para altura de cernelha e dimensões pélvicas para cálculo da área da pelve. A avaliação da ovulação foi feita por ultrassonografia. A análise de sobrevivência foi utilizada para comparar o momento da ovulação entre os dois grupos genéticos, aplicando o estimador não paramétrico de Kaplan-Meier, e as curvas de sobrevivência geradas foram comparadas por meio do teste log-rank, que verifica se há diferenças significativas no tempo até a ovulação entre os dois grupos. Embora o experimento tenha um número expressivo de animais, apenas 12 novilhas atingiram a puberdade (cinco 3/4 e sete 5/8), limitando a detecção de padrões consistentes. A análise de sobrevivência, indicou que a probabilidade de os animais não atingirem a puberdade começou a reduzir a partir da 55^a semana, com uma novilha sendo censurada na 51^a semana. As novilhas 3/4 apresentaram uma queda acelerada na taxa de sobrevivência até a semana 73, atingindo 63,49%. Já os animais 5/8 mantiveram uma taxa de sobrevivência superior a 84% até a 90^a semana, com 56,27% ao final. Apesar do número limitado de animais que atingiram a puberdade, os resultados forneceram informações importantes sobre o desenvolvimento reprodutivo da raça Girolando. Esses dados são valiosos para estudos futuros, especialmente em cruzamentos menos estudados, como 3/4 e 5/8.

Palavras-chave: girolando, parâmetros, puberdade



ANÁLISE DO GENOMA COMPLETO REVELA MECANISMOS GENÉTICOS ASSOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DA CARÇA EM BOVINOS NELORE

NASNER, S.L.C.^{1*}, MOTA, L.F.M.², ARIKAWA, L.M.¹, ALBUQUERQUE, L.G.³

¹Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, email: sindy.caivio-nasner@unesp.br;

²Pós-doutorado em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

³Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista; Pesquisadora do CNPq

A raça Nelore se destaca em sistemas de produção tropicais devido à sua adaptação às condições ambientais mais desafiadoras. Contudo, melhorar a qualidade da carcaça é um desafio nos programas de melhoramento, que visam aumentar a rentabilidade. O peso da carcaça quente (PCQ) e a área de olho de lombo (AOL) são características que impactam diretamente o rendimento da carcaça e o desenvolvimento muscular, sendo regulados por complexos mecanismos fisiológicos e biológicos. Os estudos de associação genômica ampla (GWAS) permitem analisar a arquitetura genética dessas características, e a inclusão de dados do sequenciamento completo do genoma (WGS), proporciona um aumento na resolução e o poder estatístico na identificação de variantes genéticas. Assim, o objetivo deste estudo foi identificar marcadores genéticos associadas ao PCQ e AOL em Nelore, utilizando dados de WGS. Neste estudo, foi utilizada uma base de dados de 6.077 machos jovens, nascidos entre 2008 e 2018. Foram sequenciados 152 touros Nelore com maior conexão genética na população. Após o controle de qualidade (QC) das sequências, realizado com o software GATKv3.8, foram retidos 35.753.707 SNPs. Um total de 20.038 animais foram genotipados com o chip HD 770k (5.408 machos jovens com informações fenotípicas e 14.630 animais com acurácia do EBV > 0,70). Os genótipos foram imputados para WGS usando o software FImpute3 (acurácia de 0,94). Após o QC, restaram 2.408.158 SNPs para a análise de GWAS. As 10 principais regiões genômicas consideradas como significantes explicaram uma proporção significativa da variância genética total, representando 19,02% e 25,51% da variância para AOL e PCQ, respectivamente. Foram identificados genes candidatos que desempenham papéis importantes no crescimento e desenvolvimento muscular em bovinos, como *PLAG1*, *FGF22*, *MSTN* e *MYBPC1*. O gene *PLAG1*, está associado à regulação do crescimento somático e, juntamente com outros genes ligados à homeostase de insulina e fatores de crescimento, afeta o peso corporal e AOL em bovinos de corte, modulando a hipertrofia muscular através de vias anabólicas. O gene *FGF22* está relacionado ao aumento do crescimento muscular, possivelmente por influenciar o desenvolvimento do tecido conjuntivo e a angiogênese, mecanismos cruciais para a sustentação da massa muscular, homeostase da glicose, lipólise e lipogênese. A miostatina (*MSTN*) desempenha um papel na regulação do crescimento muscular e no desenvolvimento da massa corporal, devido a sua inibição promover a hipertrofia muscular. Além disso, esses genes estão associados com processos biológicos como regulação do crescimento, proliferação e diferenciação celular (GO:7167; GO:7166; GO:1901861), podendo influenciar o tamanho e a qualidade dos músculos. O entendimento dessas vias pode contribuir para otimizar o desempenho produtivo e a qualidade da carne, tornando esses marcadores genéticos como

potenciais alvos para seleção e melhoramento genético em rebanhos comerciais.

Palavras-chave: GWAS, Nelore, processos biológicos, sequenciamento.

Financiador: FAPESP # 2017/10630-2; #2018/20026-8



ANÁLISE DOS NÍVEIS DE ENDOGAMIA EM TOUROS DA RAÇA JERSEY DISPONÍVEIS EM CATÁLOGOS DE REPRODUTORES NO BRASIL

VOLTOLIN, G.C.¹, EVANGELISTA, A.F.², PADILHA, D.A.O.³, DIAS, L.T.⁴, TEIXEIRA, R.A.⁴

¹Graduanda em Medicina Veterinária, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Paraná – Curitiba/PR, email: gabrielacampi@ufpr.br;

²Pós-doutorando em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná;

³Doutorando em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná;

⁴Professor do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia e do Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná.

Nos últimos anos, a prática da inseminação artificial tem se tornado cada vez mais comum nas fazendas leiteiras brasileiras como uma estratégia para melhorar a qualidade genética do rebanho. No entanto, as relações de parentesco entre progênie de touros de diferentes gerações nem sempre são conhecidas pelos criadores, o que pode levar ao aumento dos coeficientes de parentesco e endogamia dos animais. Assim, este estudo teve como propósito identificar os indivíduos endogâmicos nos catálogos de touros da raça Jersey disponíveis no Brasil no ano de 2023. Para tanto, foram utilizadas as informações publicadas nos catálogos das sete principais empresas comerciais que ofertam este serviço no Brasil. Para cada touro listado foram coletadas informações de parentesco, resultando em 196 touros da raça Jersey em um banco de dados que incluiu pais, mães e avós maternos e paternos, totalizando 691 animais na matriz de parentesco. A análise estatística foi conduzida por meio da interface gráfica R Studio e as análises de pedigree com os softwares da família BlupF90+ (Mistal e cols., 2014). Os resultados revelaram que 18 animais (2,68%) eram endogâmicos, sendo que 1,97% com coeficiente de endogamia (F) entre 0 e 6.25%, outros 4 animais (0,56%) apresentaram valores entre 6.25-12.50% e, por fim, 1 animal (0,14%) com valor F de 25.00%. Portanto, conclui-se que apesar de ser uma amostra muito limitada de animais e uma matriz de parentesco restrita a apenas 3 gerações (animal, pais e avós) de uma única safra (2023), ainda assim foi possível identificar animais com valores elevados de endogamia, ou seja, esse resultado deve servir como alerta aos produtores, técnicos e empresas que comercializam sêmen e embriões pois, possivelmente haveria muitos outros laços de relacionamento se tivéssemos acessado as informações de catálogos de touros ofertados nos últimos 5 anos. Com isso, problemas como expressão de genes deletérios e depressão endogâmica seriam potencializados. Este cenário deve ser considerado na contratação de touros pelas centrais de inseminação a fim de evitar problemas significativos para os rebanhos a médio e longo prazo, não só para a raça Jersey mas tal preocupação deveria estender-se aos catálogos das demais raças leiteiras e de corte.

Palavras-chave: parentesco, consanguinidade, homozigose



ANÁLISE FATORIAL MÚLTIPLA COMO FERRAMENTA PARA OTIMIZAR A COLETA DE DADOS EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO

SILVA, C.A.F.¹; ARAUJO, B.P.G.²; FREIRE, A.²; LOPES, A. C.³; LIMA, A. L. R.⁴; SOUZA, C.B.⁵; SILVA, D.A.⁶; MEIRELLES, S. L.C.⁷

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Lavras, e-mail: carlos.silva29@estudante.ufla.br;

²Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Lavras;

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

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

⁵Consultor técnico, Alta Genetics, Berrante Genética;

⁶Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁷Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Lavras.

Em programas de melhoramento genético, a coleta de dados fenotípicos é parte do processo de avaliação genética e seleção dos animais. Embora pesagens frequentes demandem tempo e mão-de-obra, a obtenção de bases de dados extensas e longitudinais é crucial para aumentar a acurácia das predições genéticas. No entanto, o grande volume de informações pode apresentar desafios na interpretação e análise dos resultados. Ainda, a manipulação constante dos animais, especialmente em etapas sensíveis do desenvolvimento, causar estresse, prejudicando o bem-estar animal e influenciando negativamente o desempenho produtivo. Tais fatores representam desafios significativos para a viabilidade operacional de programas de melhoramento genético em cunicultura. Nesse contexto, técnicas de análise multivariada, como a Análise Fatorial Múltipla (MFA), surgem como ferramentas para facilitar a interpretação e o resumo dos dados. Dado o pressuposto, este estudo teve como objetivo determinar momentos estratégicos para a pesagem de coelhos em um programa de melhoramento genético, através da MFA. Nas análises, foram considerados 371 coelhos da raça Nova Zelândia, sendo 194 fêmeas e 177 machos, com pesagens realizadas entre o nascimento e os 90 dias de idade. O manejo nutricional foi padronizado e as pesagens ocorreram em intervalos regulares. A análise estatística foi conduzida utilizando MFA no software R, com o objetivo de identificar as variáveis que melhor capturam a variação de peso. Os resultados indicaram que, para os machos, as pesagens mais eficientes ocorrem ao nascimento, 10, 40 e 90 dias, enquanto que, para as fêmeas, os momentos estratégicos são ao nascimento, 10, 20, 40 e 90 dias. A análise de componentes principais explicou 88,49% da variação total para as fêmeas e 81,69% para os machos. Conclui-se que a aplicação da Análise Fatorial Múltipla permite otimizar o manejo de pesagem em coelhos, identificando momentos da coleta de dados sem comprometer a acurácia das medições. Essa abordagem possibilita a redução do número de intervenções e, conseqüentemente, do estresse nos animais, promovendo maior eficiência operacional e contribuindo para a viabilidade de programas de melhoramento genético na cunicultura.

Palavras-chave: análise multivariada, bem-estar animal, componentes principais



ANÁLISE FUNCIONAL DE GENES CANDIDATOS PARA PERFIL DE ÔMEGA 3 NO LEITE

SILVA, K.S.O¹; ALMEIDA, E.A.R.²; PEREIRA, J.R.¹; DUARTE, M. R.³; MAGALHÃES, A.F.B.⁴; VERARDO, L.L.⁴

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

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

³Pós doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

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

O leite bovino é um dos alimentos mais consumidos no mundo, por ser rico em diversos nutrientes e desempenhar um papel fundamental na saúde humana. A qualidade do leite está associada a alguns fatores, como a composição de gordura, sendo os ácidos graxos do leite um dos componentes com implicações importantes para a qualidade nutricional. A fim de aprofundar mais neste tema, o estudo do perfil de ácidos graxos no leite tem se destacado em pesquisas através de estudos genômicos, como os de associação genômica ampla (GWAS), que estão sendo realizados para identificar e explorar genes candidatos e a arquitetura genética. Este estudo teve como objetivo realizar uma análise funcional dos genes candidatos relacionados ao ômega 3 no leite, com base em um estudo de identificação de genes candidatos para perfil de ácidos graxos no leite de bovinos da raça Vrindavani. Foram utilizados genes candidatos para perfil do ácido graxo ômega 3 (docosaheptaenóico - DHA:C22:6 n-3) previamente identificados por Singh et al. (2021). A partir dos genes, foi construída uma rede gene-processo biológico via ClueGO, uma ferramenta do Cytoscape, onde as análises foram realizadas, tendo como base o teste hipergeométrico com correção de Bonferroni. A partir da análise funcional e evidências na literatura, o gene *MED13* se destacou por ter relação com a característica de perfil do ácido graxo, exibindo uma relação direta na regulação da atividade do receptor do hormônio tireoidiano. Os hormônios tireoidianos exercem um papel na síntese de ácidos graxos, podendo influenciar as vias envolvidas na produção e degradação desses. O gene *MED13* é um componente do complexo mediador e está implicado na regulação dos receptores hormonais nucleares, que modulam o metabolismo, indicando que o *MED13* é de grande importância para manter a homeostase energética do metabolismo dos ácidos graxos. Com base na análise funcional realizada e evidências na literatura, foi possível identificar que o gene *MED13* apresentou destaque. Esse resultado abre caminhos para futuros estudos que busquem identificar genes candidatos com potencial para melhorar o perfil de ácidos graxos no leite.

Palavras-chave: Associação genômica, melhoramento genético, metabolismo.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq (314532/2021-8) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG (APQ-02638-24 e APQ-02750-23), CAPES e Ufvjm.



ANÁLISE GENÉTICA DE CURVAS DE CRESCIMENTO DE COELHOS DA RAÇA NOVA ZELÂNDIA BRANCO

OLIVEIRA, A.C.R.¹; SILVA, A.A.²; LIMA, A.L.R.³; SILVA, L.F.D.A.⁴; SILVA, D.A.⁵; MARQUES, D.B.D.⁵

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: ana.oliveira12@ufv.br;

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

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

⁴Mestrando em Zootecnia, Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde;

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

A análise genética das curvas de crescimento de coelhos é de grande importância para a melhoria da produtividade e otimização dos processos de seleção nos programas de melhoramento. Neste estudo, objetivou-se estimar as herdabilidades e correlações genéticas associadas aos parâmetros da curva de crescimento de Gompertz e ao peso corporal aos 90 dias (P90) em coelhos da raça Nova Zelândia Branco provenientes do Programa de Melhoramento Genético de Coelhos da Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Cunicultura da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. As análises estatísticas foram realizadas em duas etapas. Na primeira etapa, o modelo de Gompertz foi utilizado para ajustar os dados de peso de 702 animais em dez idades diferentes utilizando a função *nlsList* do pacote *nlme* do software R. Na segunda etapa, as estimativas dos parâmetros da curva (peso à maturidade, *A*, constante de integração, *B*, e a taxa de maturação, *K*) para cada animal e o P90 (peso ao abate) foram utilizados como fenótipos em um modelo animal multicaracterístico (4x4) para estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos via inferência Bayesiana utilizando o software GIBBSF90+. O arquivo de pedigree foi composto por 1630 animais. A estimativa de herdabilidade para P90 foi alta (0,51), evidenciando a possibilidade de ganhos genéticos significativos na seleção. Os parâmetros da curva de crescimento apresentaram herdabilidades moderadas a altas (0,24, 0,58 e 0,45 para *A*, *B* e *K*, respectivamente), sugerindo que a inclusão desses parâmetros em programas de seleção pode resultar em avanços importantes. As correlações genéticas entre as características foram, em sua maioria, não significativamente diferentes de zero. A correlação genética positiva moderada entre P90 e *K* (0,48) sugere que a seleção para maior peso ao abate pode acelerar a taxa de maturação, o que é vantajoso para os programas de melhoramento genético de coelhos. As estimativas de herdabilidade para peso aos 90 dias e para os parâmetros da curva são promissoras para os programas de melhoramento genético de coelhos. A correlação genética favorável indica que a seleção para peso aos 90 dias resultará em aumento da precocidade dos animais, o que é favorável à seleção.

Palavras-chave: cunicultura, melhoramento animal, modelo de Gompertz, parâmetros genéticos.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e à Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).



ANÁLISE MULTIVARIADA NA AVALIAÇÃO DE CARÇA DE SUÍNOS

DIAS, L. C. C. M.¹; SILVA, M.R.G²; OLIVEIRA, V.R.³; TERRA, T.O.³; CARMO, A.G.M³; MARQUES, D.B.D⁴; VERONEZE, R.⁴

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

²Estudante de doutorado na Purdue University.

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

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

O Brasil ocupa a quarta posição no ranking mundial de exportação de carne suína, e os cortes representam a maior parte dos produtos exportados do setor. Características de rendimento de cortes ainda recebem pouca atenção nos programas de melhoramento, mas entender as diferenças entre carcaças é crucial para a produção animal, pois influencia o destino e o valor comercial dos produtos. Dados de carcaça e cortes de carne suína coletados em plantas frigoríficas formam um banco com grande número de variáveis, muitas delas altamente correlacionadas. Técnicas multivariadas podem ser utilizadas para reduzir a dimensionalidade do conjunto de dados e para identificar as variáveis de maior relevância. A fim de otimizar a fenotipagem, este trabalho teve como objetivo identificar variáveis mais relevantes dos cortes comerciais e carcaça por meio da análise de componentes principais (PCA). O experimento ocorreu em Minas Gerais, em uma granja comercial de ciclo completo. Foi utilizado sêmen de reprodutores de duas linhas macho distintas (L1 e L2) em fêmeas de uma mesma linha, os animais resultantes foram criados seguindo o sistema de produção da granja, sob mesma dieta e manejo. O abate foi realizado em Frigorífico Industrial. Foram abatidos 433 animais, 213 da L1 e 220 da L2, com idades entre 145 e 191 dias. Os animais foram divididos em grupos de acordo com a idade em que foram abatidos: animais abatidos entre 145 e 170 dias (1) e entre 185 e 191 dias (2). Sendo assim, foram formados quatro grupos ($k = 4$), representado pela combinação das duas linhagens e de duas idades de abates. Foram mensuradas as variáveis espessura de toucinho, espessura de músculo, percentual de carne magra, e os pesos de carcaça quente automático, carcaça quente, carcaça resfriada, pernil para presunto, pernil para picanha, pernil para alcatra, pernil para bacon, pernil inteiro, paleta para presunto, paleta para bacon, paleta inteira, lombo, toucinho do carré, carré, barriga, barriga e costela inteira, costela, fraldinha, sobrepaleta inteira, filé limpo, filé e papada. Os dados foram analisados utilizando o software R. Os dois primeiros componentes (PC) foram capazes de explicar 67,28% da variação total dos dados, sendo necessários pelo menos 9 PC para explicar mais de 90% da variabilidade. Somente 5 PC apresentaram autovalores maiores que 0,7. Sendo que, as variáveis peso da carcaça resfriada, percentual de carne magra, peso da paleta para presunto, espessura do músculo e peso da papada apresentaram o maior valor absoluto dentro desses PC e foram consideradas como as variáveis mais relevantes neste conjunto de dados. A análise visual do gráfico de scores em relação aos componentes principais 1 e 2, revela que não ocorreu a formação de *clusters* e que não é possível, a partir desses PC, separar os indivíduos pertencentes

aos quatro grupos avaliados. O estudo mostra que a redução de variáveis coletadas é possível, permitindo, portanto, a otimização da fenotipagem.

Palavras-chave: componentes principais, frigorífico, linhas comerciais, fenotipagem

ANÁLISE TOCHER PARA IDENTIFICAR GRUPOS DE FAMÍLIAS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE TILÁPIAS DO NILO (TILAMAX-UEM) COM BAIXO GRAU DE DIMORFISMO SEXUAL PARA CRESCIMENTO

SILVA, A.O.¹; PIRES, B.S.²; SANTOS, D.C.³; FREITAS, A.K.S.⁴; ITINOSE, D.A.⁵; RIBEIRO, R.P.⁶

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Email: alineolivsil@gmail.com;

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

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

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

⁵Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

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

A piscicultura é uma área de produção animal em rápido crescimento global. No Brasil, a tilápia do Nilo destaca-se com aumento constante de produção, impulsionada por avanços tecnológicos e práticas de manejo adequadas, como a reversão sexual, usada para aumentar a produtividade. Além da reversão sexual, o melhoramento genético de tilápias tem desempenhado um papel fundamental no aprimoramento das características produtivas dessa espécie. A análise multivariada de Tocher, uma ferramenta aplicada em estudos de genética quantitativa é uma técnica de agrupamento não hierárquico, o que significa que os grupos formados não seguem uma estrutura hierárquica com níveis de aninhamento. Em vez disso, cada genótipo é atribuído a um único grupo, sem a formação de subgrupos dentro de grupos maiores. A principal característica desse tipo de agrupamento é a criação de grupos com alta homogeneidade interna, ou seja, os indivíduos dentro de um mesmo grupo são mais similares entre si do que em relação a outros grupos. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi utilizar a análise Tocher para identificar grupos de famílias, do programa de melhoramento genético de tilápias do Nilo, pertencente ao grupo de pesquisa PeixeGen, com baixo grau de dimorfismo sexual para características de crescimento. Para o estudo, foram utilizados dados de valores genéticos (EBVs) para peso corporal e comprimento padrão, assim como, os valores dos índices de dimorfismo sexual para peso corporal e comprimento padrão de 75 famílias do programa de melhoramento genético de tilápias (TILAMAX-UEM), correspondentes a 11^o geração, do ano de 2020, com um total de 2.159 animais. Com estas informações, realizou-se a análise de Tocher, utilizando o pacote “Multivariate Analysis”, do software R (versão 4.1.2). Observou-se a formação de 21 grupos distintos utilizando o método de Tocher e constatou-se que o núcleo do programa de melhoramento genético de tilápia possui uma alta variabilidade fenotípica. Além disso, foi observado a formação de diferentes grupos, com elevados valores genéticos para as características de crescimento e baixos índices de dimorfismo sexual. Por fim, concluiu-se que essa técnica de análise de agrupamento pode ser utilizada para identificar grupos fenotípicos em programas de melhoramento genético de peixes, visando melhorar o processo de seleção.

Palavras-chave: *Oreochromis niloticus*, valores genéticos, Índice de Dimorfismo Sexual, padronização

ANALYSIS OF PUBERTY IN 3/4 AND 5/8 GIROLANDO HEIFERS: PHYSIOLOGICAL AND GENETIC INDICATORS

BÖCK, M. J.¹; SCHIMIDT, A. P. P.²; PENITENTE, J.³; GUIMARÃES, M.⁴; ROCHA, R. B.⁵; GUIMARÃES, J.D.⁶; GUIMARÃES, S.E. F.⁷

¹Master's Student in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: marcelo.bock@ufv.br;

²Master's in Veterinary Science, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

³Pos Doc in Veterinary Science, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

⁴Phd Student in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁵Postdoctoral Researcher in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁶Full professor, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa.

⁷Full professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Puberty in bovine females is influenced by hormonal and metabolic interactions and can occur at any time of the year. Factors such as nutrition and management impact the onset of reproductive activity, while body condition score (BCS) and morphometric parameters reflect energy reserves and regulate hormone release. This study evaluates the influence of genetic components on traits related to puberty in Girolando heifers (3/4 and 5/8), aiming to optimize reproductive management and timing of insemination. Conducted with 61 heifers (18 3/4 and 43 5/8) in a semi-intensive system at Fazenda Ouro Verde, MG, the study followed the ethical guidelines of CEUAP/UFV. The heifers, aged 5 to 12 months, were fed Tifton grass and supplements. Body measurements, including estimated weight (using a tape), withers height (using a gauge), and pelvic dimensions (for area calculation), were collected every 21 days. Simple linear regression was used to predict morphometric traits at 365 days of age, followed by univariate logistic regression in R Studio to assess the impact of these traits on ovulation probability. A univariate logistic regression was then applied to evaluate the influence of these predicted traits on ovulation probability. The comparison of body measurements between genetic compositions (GCs) at ovulation was performed using ANOVA with a completely randomized design (CRD). Additionally, Pearson's correlations confirmed that all body measurements were significant at the 5% level, with the pelvic area showing the highest correlations (≥ 0.90) with rump and ilium distance, underscoring its importance in pelvic anatomy development. The characteristics of ilio-ilio distance, pelvic area, and body weight, adjusted to 365 days of age, significantly influenced the probability of ovulation during the experimental period in both genetic components ($p < 0.05$). The 50% probability thresholds were 40.98 cm for ilio-ilio, 1,513.58 cm² for pelvic area, and 338.91 kg for body weight, indicating that heifers reaching these values have a 50% chance of ovulation. These metrics enhance reproductive management by optimizing insemination timing and improving herd reproductive efficiency. Pearson's correlations showed that all body measurements were significant at the 5% level, with the pelvic area showing the highest correlations (≥ 0.90) with rump and ilium distance, highlighting its role in pelvic anatomy. Physiologically, the pelvic area is crucial for preventing calving difficulties, as it must accommodate gestational growth and the calf's passage during birth. Ilio-ilio distance, pelvic area, and body weight significantly influenced ovulation probability in Girolando heifers, regardless of genetic composition. These findings provide a foundation for optimizing reproductive management. Although calving complications were not directly addressed, the results indicate that the pelvic area needs further investigation regarding reproductive management and calving outcomes.

Keywords: Genetic component; insemination; and morphometric parameters.



ASSOCIAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE MEDIDAS MORFOMÉTRICAS E VOLUME DE CARNE DE GAROUPAS-VERDADEIRAS (*Epinephelus marginatus*, Lowe, 1834) CRIADAS EM DIFERENTES SISTEMAS

SILVA, M. L. C.¹; CHAVES, L. R.²; VITORETTI, L. B. L.³; FARIA, L. O.³; TARÔCO, G.⁴; PERAZZA, C. A.⁵; HILSDORF, A. W. S.⁶; GAYA, L. G.⁷

¹Graduando em Zootecnia, curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei, email: matheusluiz014@aluno.ufsj.edu.br ²Bacharel em Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei;

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

⁴Doutora em Zootecnia, Universidade Federal de Lavras;

⁵Doutor em Biotecnologia, Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes;

⁶Professor Titular, Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes;

⁷Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei.

Mediante o risco de extinção, a criação das garoupas surge como alternativa à pesca predatória, possibilitando o uso de tecnologias como a seleção indireta e o melhoramento genético. O sucesso de protocolos de seleção fenotípica depende, entre outros fatores, da compreensão das relações entre os fenótipos, como rendimento de carne e medidas morfométricas. A base de dados incluiu as medidas: comprimento padrão (CP), medido da parte anterior da cabeça até o final do pedúnculo caudal; comprimento da cabeça (CC), medido entre a extremidade anterior da cabeça à borda do opérculo; altura (AL), medida entre as extremidades das nadadeiras peitoral e dorsal; e largura (LA), que é a distância entre as duas nadadeiras dorsais do pescado, todas expressas em centímetros. O número total de postas foi registrado a partir de seções transversais de 3 cm no tronco. Posteriormente, o volume total de carne (VC), em cm³, foi calculado a partir das áreas de cada posta, obtidas em cm² pelo *software ImageJ*. O VC foi determinado multiplicando a área pela espessura de cada posta e somando os volumes individuais conforme o número total de postas de cada peixe. Os animais, oriundos de quatro matrizes e um reprodutor, foram distribuídos de forma inteiramente casualizada em três sistemas de criação: fluxo contínuo (FC) e tanque-rede no mar (TRM), ambos com 18 indivíduos, e viveiro escavado (VE), com 19 indivíduos. Os sistemas apresentaram diferentes condições ambientais, como alimentação, salinidade e capacidade de estocagem. Os peixes foram abatidos aos 730 dias de idade. Foram estimadas as estatísticas descritivas para cada sistema de criação, bem como as correlações fenotípicas entre a morfometria e VC por meio do coeficiente de correlação de Pearson, assumindo-se nível de significância de 5%. As médias de VC foram de 335 cm³ (FC), 231 cm³ (TRM) e 136 cm³ (VE), com coeficientes de variação de 15,8% (FC), 16% (TRM) e 24,7% (VE). A única associação significativa foi dentro do sistema TRM, para VC e AL, cujo coeficiente de correlação foi de 0,54 (P<0,05). Possivelmente associado à maior deposição de tecido muscular dentro deste sistema, sugere-se, portanto, AL como indicador de melhores fenótipos para VC. No sistema TRM, as demais medidas morfométricas não estavam associadas à deposição de carne. As associações fenotípicas podem ser influenciadas por fatores ambientais, o que é evidenciado pela ausência de significância estatística da correlação entre

AL e VC ($P > 0,05$) nos outros sistemas de criação, assumindo-se que o formato do corpo pode ter sido afetado pelos diferentes tipos de alimentação, densidades populacionais e salinidades. Conclui-se que, fenotipicamente, à exceção da associação observada entre AL e VC no sistema TRM, a morfometria não é um indicativo de VC nesta população, e que o sistema de criação deve ser considerado na elaboração de protocolos de seleção para esta população.

Palavras-chave: correlação de Pearson, piscicultura marinha, seleção indireta.



AVALIAÇÃO COMPARATIVA DE *WEB TOOLS* PARA SELEÇÃO DE RNAs GUIA PARA EDIÇÃO GENÔMICA POR CRISPR-CAS

MALTA, B.C.¹; SILVA, A.B.C.²; LIMA, A.C.P.²; SILVA, S.P.G.²; VEGA, W.H.O.³

¹Mestranda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense, email: barbara.c.malta@gmail.com;

²Graduanda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.;

³Professor Associado, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.

CRISPR-Cas é uma tecnologia de edição gênica dependente de RNAs guia (gRNAs) bem projetados. *Web tools* ajudam na seleção de gRNAs e sítios de reconhecimento PAM (Protospacer Adjacent Motif). Sua avaliação comparativa é importante para minimizar efeitos off-target e otimizar as edições, porém existem discrepâncias entre os resultados obtidos em diferentes *web tools*. Este resumo visa comparar as previsões de três *web tools* amplamente utilizadas para a seleção de gRNAs: CHOPCHOP, CRISPOR e CRISPRdirect. Utilizou-se a sequência genômica de *Bos taurus* (bosTau9), chr20:39098688-39099578 (forward strand) para CHOPCHOP e CRISPOR, e a correspondente (*Bos_taurus_UMD_3.1.1/bosTau8*) para CRISPRdirect. O PAM 20bp-NGG (SpCas9) foi selecionado em todas as ferramentas. Os gRNAs foram ranqueados de acordo com os dados de *mismatches*: CHOPCHOP avaliou até 3, CRISPOR até 4, e CRISPRdirect considerou o número de sítios alvos para 12mer +PAM. Seis gRNAs candidatos foram selecionados com base em suas localizações relativas à região de mutações SLICK *PRLR* (receptor de prolactina) de ocorrência natural descritas e comparados quanto à sequência de gRNA + PAM, posição no genoma, *ranking*, conteúdo de GC%, auto complementaridade, *score* MIT de especificidade, eficiência predita e *off-targets* por *mismatches*. Os resultados indicaram que CHOPCHOP e CRISPOR apresentaram sequências de gRNAs semelhantes, diferindo quanto ao espaçamento da sequência PAM, enquanto no CRISPRdirect, os gRNAs classificados como *reverse* mantiveram o sentido 5'-3'. Todos os gRNAs diferiram no *ranking* geral entre as ferramentas; o gRNA com maior especificidade no CRISPRdirect foi classificado em quarto lugar nas outras ferramentas. CHOPCHOP e CRISPRdirect forneceram dados sobre o conteúdo de GC%, sem variações entre os gRNAs, que apresentaram de 55% a 70%, ainda dentro da faixa ideal (30-80%). Apenas o CHOPCHOP reportou auto complementaridade, com valores de 0 a 2, indicando pouca tendência de dobramento interno dos gRNAs. Em termos de *score* MIT de especificidade, apenas CRISPOR apresentou dados, com pontuações entre 92 e 83. Quanto à eficiência predita, os dados de CRISPOR baseados na pontuação de Doench e os de CHOPCHOP corroboram entre si, variando de 42 a 62; o CRISPRdirect não apresentou dados. Os dados de *mismatches* no genoma variaram entre todas as ferramentas, sendo que para um gRNA, o CRISPOR relatou 2 *off-targets* com 2 *mismatches*, enquanto o CHOPCHOP relatou 0. A presença de *off-targets* com 2 *mismatches* aumenta o risco de reconhecimento fora do alvo, o que pode comprometer a especificidade da edição. A partir dessas análises comparativas foi possível identificar três gRNAs com melhor predição de

desempenho para edição genômica da região de interesse para as próximas etapas do processo de edição para a introdução de variantes *SLICK* em *Bos taurus*. Essa análise oferece *insights* sobre as vantagens e limitações de cada ferramenta, e suas discrepâncias de informações.

Palavras-chave: bioinformática, *Bos taurus*, edição genômica, melhoramento de precisão



AVALIAÇÃO DA ENDOGAMIA EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE: COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS COM BASE EM PEDIGREE E GENÔMICA

FIORINDO, C. S.¹; OLIVEIRA JR., B. C.¹; ALBERTO, G. H.²; RODRIGUES, L. Y.²; SILVA, J. A. II. V.^{3,4}

¹Doutorando(a) em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp – Jaboticabal/SP, e-mail: camila.shyu@unesp.br;

²Mestrando(a) em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp – Jaboticabal;

³Professor Associado, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp – Jaboticabal/SP; ⁴Professor Associado, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Unesp – Botucatu/SP.

A endogamia, caracterizada pelo acasalamento de indivíduos aparentados, é um fator importante a ser considerado em programas de melhoramento genético animal, pois pode resultar em perda de vigor híbrido, expressão de genes deletérios e redução da variabilidade genética. Neste estudo, comparamos a precisão de diferentes métodos de estimativa do coeficiente de endogamia (F) em touros da raça Nelore, utilizando informações de pedigree, corridas de homozigose (ROH) e homozigose em excesso ($SNPs$). O objetivo foi avaliar a concordância entre as diferentes estimativas e identificar o método mais preciso para estimar a endogamia nessa população. Foram analisados dados genotípicos de 6.142 touros Nelore, genotipados com diferentes painéis de $SNPs$ e imputados para um painel de alta densidade. Após o controle de qualidade, foram utilizados 467.986 $SNPs$ para estimar o coeficiente de endogamia por três métodos: pedigree (F_{PED}), corridas de homozigose (F_{ROH}) e homozigose em excesso (F_{SNP}). As correlações entre os diferentes métodos de estimativa foram calculadas utilizando o método de correlação de Pearson. Os resultados mostraram que os coeficientes médios de endogamia foram baixos para todos os métodos, com o valor mais alto observado para o método baseado em ROH (F_{ROH}). As correlações entre os métodos variaram de moderadas a altas, sendo a maior correlação observada entre F_{ROH} e F_{SNP} (0,82), enquanto as correlações para F_{ROH} e F_{PED} , e para F_{SNP} e F_{PED} foram de 0,41 e 0,28, respectivamente, todas significativas ($p < 0,01$). A baixa correlação entre F_{ROH} e F_{PED} pode ser explicada pela presença de animais com pais desconhecidos no pedigree, o que limita a precisão da estimativa de endogamia por esse método. Os resultados deste estudo demonstram a importância da utilização de métodos baseados em dados genômicos, como F_{ROH} e F_{SNP} , para estimar o coeficiente de endogamia em programas de melhoramento genético animal. Esses métodos são mais precisos que o método tradicional com base em pedigree, especialmente em populações com alta taxa de animais com pais desconhecidos. A estimativa precisa da endogamia é fundamental para evitar os efeitos deletérios da endogamia e para otimizar os programas de seleção.

Palavras-chave: homozigose, pedigree, $SNPs$



AVALIAÇÃO DA REDUÇÃO DO DIMORFISMO SEXUAL PARA PESO CORPORAL EM TILÁPIAS DO NILO, POR MEIO DE ACASALAMENTOS DIRIGIDOS

MACHADO, N.V.¹; SILVA, A.O.²; SANTOS, D.C.³; FREITAS, A.K.S.⁴; ITINOSE, D.A.⁵; OLIVEIRA, C.A.L.⁶

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Email: ra119357@uem.br;

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

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

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

⁵Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

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

Os programas de melhoramento genético de tilápias do Nilo têm mostrado ganhos significativos por meio da seleção e acasalamentos dirigidos, buscando minimizar as diferenças sexuais que impactam características de interesse econômico na tilapicultura. A utilização de métodos químicos ou físicos de inversão sexual, embora eficaz, não é permanente, exigindo sua aplicação contínua. O objetivo da pesquisa é propor uma alternativa, utilizando a seleção para redução do dimorfismo sexual e acasalamentos dirigidos que visem minimizar essas diferenças de forma duradoura, evitando o uso contínuo de métodos de inversão sexual. Para testar essa abordagem, foram coletados dados de peso corporal de machos e fêmeas de 65 famílias do programa de melhoramento genético de tilápias (TILAMAX/UEM), e calculado o Índice de Dimorfismo Sexual (SDI) para cada família, utilizando o índice proposto por Lovich & Gibbons (1992). Esse índice foi utilizado para estimar componentes de variância e valores genéticos para o SDI, considerando os efeitos de geração e idade. Com as predições do SDI, foram organizados dois grupos de acasalamentos: Baixo Dimorfismo Sexual (BDS) e Alto Dimorfismo Sexual (ADS), assegurando que ambos tivessem valores genéticos semelhantes para crescimento. Esses animais, descendentes de acasalamentos realizados em dezembro de 2022, foram cultivados em duas condições: viveiros escavados em Floriano-PR e tanques-rede em Diamante do Norte-PR, durante o período de maio a outubro de 2023. Ao final do cultivo, foram avaliados 256 machos e 401 fêmeas comparando-se os pesos médios de machos e fêmeas, bem como os índices de dimorfismo sexual nas duas condições de cultivo. As análises estatísticas foram realizadas usando o software R versão 4.3.1. A média de peso de machos BDS em tanque-rede foi 7 g maior que os de ADS, e as fêmeas BDS pesaram 47 g a mais que as ADS. Em viveiros, os machos BDS apresentaram 49 g a mais que os de ADS, já as fêmeas de ADS ficaram 43 g mais leves que as de BDS. Observou-se que o dimorfismo sexual foi mais pronunciado nos tanques-rede em comparação aos viveiros. Independente do sistema de cultivo, o SDI do grupo ADS foi superior ao do grupo BDS, sendo que nos viveiros escavados a diferença de peso entre machos e fêmeas foi menos evidente em comparação aos tanques-rede. Os resultados indicaram que o ambiente influencia significativamente o peso corporal e o dimorfismo sexual, com indivíduos cultivados em tanques-rede apresentando maior peso, independentemente do grupo genético ou sexo. A interação entre sexo e ambiente foi mais acentuada nos tanques-rede, sugerindo que o crescimento mais rápido nesse sistema destacou as diferenças entre os sexos.

Concluiu-se que a utilização de acasalamentos dirigidos para redução do dimorfismo sexual é eficaz para minimizar as diferenças de peso corporal entre machos e fêmeas, especialmente em ambientes de cultivo como tanques-rede.

Palavras-chave: Sexos, seleção genética, piscicultura.



AVALIAÇÃO DA RESILIÊNCIA EM BOVINOS GUZERÁ SUBMETIDOS À PROVA DE GANHO DE PESO

GRANDE, A.C.S.¹; RIBEIRO, A. G.²; MARTINS, R.³; CYRILLO, J.N.S.G.⁴; TEIXEIRA, R. A.⁵, DIAS, L.T.⁵

¹Graduanda em Medicina Veterinária, bolsista de IC – UFPR/TN, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Paraná, email: ana.grande@ufpr.br;

²Mestranda em Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná;

³Doutoranda em Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná;

⁴Pesquisadora do Instituto de Zootecnia, Secretaria de Agricultura e Abastecimento do estado de São Paulo;

⁵Professor, Departamento de Zootecnia e do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná.

Frente às mudanças climáticas globais, faz-se necessário o diálogo entre pesquisadores e produtores sobre o desafio de produzir animais eficientes mesmo quando submetidos a situações de estresse. Os animais capazes de manter a produção em condições ambientais adversas são denominados resilientes. Embora a seleção de animais resilientes seja muito importante e útil, a resiliência é uma característica complexa, de difícil mensuração. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi estimar os valores genéticos (VG) de animais submetidos à prova de ganho de peso (PGP) para os pesos ao início (PIP) e final (PFP) da prova e identificar se houve alteração no ranqueamento dos candidatos entre início e final da prova como indicativo de resiliência. Para tanto, foram utilizados dados de 602 animais, coletados entre os anos de 1999 e 2017, pertencentes ao arquivo zootécnico do Centro Avançado de Pesquisa em Gado de Corte do Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, SP, Brasil. Os valores genéticos dos tourinhos para as características PIP e PFP foram estimados pelo programa BLUPF90+ por meio de modelo animal: $Y = Xb + Za + e$, em que: Y é vetor de observações (PIP e PFP); b é o vetor de efeitos fixos (mês e ano de nascimento, além do efeito linear da idade no momento de cada pesagem como covariável); a é vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; X e Z são as matrizes de incidência associadas, respectivamente, a cada efeito; e é vetor dos erros aleatórios associados a cada observação. Em seguida, no software R (versão R 4.4.1), com o pacote ggplot, obteve-se o gráfico para verificar se houve mudança de ranqueamentos de todos os touros e dos 20% superiores. Então, procedeu-se a estimação da correlação de Spearman, como forma de verificar estatisticamente se houve reordenamento dos candidatos e validar a observação gráfica. Quando todos os touros foram considerados na análise, não foi possível observar, graficamente, mudança no ordenamento dos animais, o que foi comprovado pela análise de correlação de Spearman (0,90 – $P < 0,001$). Quando os 20% reprodutores superiores geneticamente foram analisados, foi possível observar, graficamente, alteração na classificação dos animais. No entanto, a correlação de Spearman não comprovou tal resultado (0,85 – $P < 0,001$), o que sugere forte relação entre a ordem de classificação inicial e final dos tourinhos candidatos a reprodutor, não sendo possível utilizar a alteração de ranqueamento como indicativo de resiliência animal.

Palavras-chave: critérios de seleção, gado de corte, plasticidade fenotípica



AVALIAÇÃO DE MODELOS NÃO LINEARES PARA AJUSTE DA CURVA DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA SANTA GERTRUDIS CRIADOS NO BRASIL

SILVA, M. L. C.¹; LOURENÇO, M. A. S.²; FARIA, L. O.³; VITORETTI, L. B. L.³; TARÔCO, G.⁴; FERRAZ, J. B.⁵; ELER, J. P.⁵; GAYA, L. G.⁶

¹Graduando em Zootecnia, curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei, email: matheusluiz014@aluno.ufsj.edu.br ²Bacharel em Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei;

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

⁴Doutora em Zootecnia, Universidade Federal de Lavras;

⁵Professor Titular, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo;

⁶Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei.

O crescimento e a rusticidade da raça Santa Gertrudis são fundamentais para a viabilização econômica da raça no Brasil, de modo que as avaliações das curvas de crescimento tornam-se essenciais para os processos de seleção, podendo impactar nos programas de melhoramento genético do rebanho. Portanto, o objetivo do presente estudo foi identificar o modelo de curva de crescimento que melhor explique o comportamento dessa característica em bovinos machos e fêmeas da raça Santa Gertrudis criados no Brasil. A base de dados utilizada foi cedida pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Universidade de São Paulo e continha os fenótipos de peso ao nascimento, aos 120 dias, 210 dias, 365 dias e 550 dias de idade, registrados entre 1990 e 2008. Os registros foram obtidos de diferentes fazendas, destas, 240 eram de recria e 558 de terminação, totalizando 982 animais (486 machos e 496 fêmeas). A partir desses dados, foram avaliados os modelos não lineares Brody, Gompertz, Logístico, Richards e von Bertalanffy para ajustar as curvas de crescimento dos bovinos, utilizando análise de regressão não linear com o método dos mínimos quadrados ordinários e o algoritmo de Gauss-Newton. Para selecionar o modelo que apresentou o melhor ajuste aos dados, foi utilizado o Índice Assintótico como critério de qualidade. Dentre os cinco modelos propostos, Brody, Gompertz, Logístico e von Bertalanffy atingiram a convergência, mostrando-se viáveis para caracterizar o crescimento dos bovinos da raça Santa Gertrudis avaliados. Em contrapartida, o modelo Richards não convergiu, o que difere das recomendações da literatura para esta raça. O modelo Gompertz foi o mais eficaz ao descrever o crescimento dos animais, apresentando o menor índice assintótico, quando comparado aos demais modelos avaliados. Este modelo apresentou o melhor ajuste aos dados, destacando-se como o mais apropriado para descrever as curvas de crescimento dessa população. A escolha de um modelo de crescimento que represente com precisão o padrão de crescimento em uma população pode otimizar a eficiência do protocolo de seleção a ser aplicado, maximizando os ganhos e reduzindo os custos de produção.

Palavras-chave: bovinocultura de corte, ganho de peso, peso corporal, precocidade



AVALIAÇÃO GENÔMICA DE FAMÍLIAS DE TOUROS GIR PARA PRODUÇÃO DE OÓCITOS E EMBRIÕES

ROCHA, R.F.B.¹; OTTO, P.I.²; SILVA, M.V.B. da³; MARTINS, M.F.³; MACHADO, M.A.³; PANETTO, J.C.C.³; GARCIA, A.O.⁴; dos SANTOS, M.G.⁴; MARTINS, T.F.⁴; BÖCK, M.J.⁵; EITERER, I.O.⁶; GUIMARÃES, S.E.F.⁷

¹Pós-doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: renata.bretanha@ufv.br; ²Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria;

³Pesquisador(a), EMBRAPA – Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Leite; ⁴Doutorando(a) em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁵Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁶Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁷Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O valor genômico (GEBV) estimado na avaliação pelos programas de melhoramento animal tem alta confiabilidade e beneficia a seleção para diversas características. O objetivo deste trabalho foi estimar o GEBV para: número de oócitos totais (TO), número de oócitos viáveis (OV) e número de embriões (EMBR) para famílias da raça Gir. Um conjunto de dados com 17.526 aspirações foliculares de 1.641 doadoras Gir foi fornecido por cinco fazendas de Minas Gerais. O arquivo de pedigree continha 4.679 animais. Um arquivo com 2.093 animais genotipados com diferentes painéis SNP e imputados ao Illumina BovineHD BeadChip (777K) foi fornecido pela EMBRAPA Gado de Leite. Após controle de qualidade dos genótipos, 395.524 marcadores do tipo SNP foram utilizados para realizar uma avaliação genômica usando os programas da família BLUPF90. Foram selecionados os touros com maior número de filhas com fenótipo e genótipo, considerando o mínimo de 20 filhas por touro. Foram obtidas 15 famílias de touros com número de filhas entre 26 e 395. Dos 15 touros, cinco apresentaram GEBV positivo para TO e OV e destes, quatro apresentaram GEBV positivo para EMBR, com valor de acurácia acima 0,79. O número de famílias com GEBV positiva foi semelhante aos touros, sendo 33,33% das famílias com GEBV positiva para TO e OV e 26,67% de famílias com GEBV positiva para EMBR. A acurácia média das famílias variou de 0,59 a 0,69 para TO, de 0,59 a 0,68 para OV e de 0,56 a 0,65 para EMBR. Para os touros, os maiores valores de GEBV foram 0,46 para TO, 0,59 para OV e 0,39 para EMBR. A família com a maior/menor GEBV média para uma determinada característica coincidiu com o respectivo touro com maior/menor GEBV para essa mesma característica. Portanto, a maior parte dos touros destas famílias não está apta à seleção para número de oócitos e embriões. Como muitos desses animais estão incluídos na avaliação genômica para produção de leite do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro seria interessante avaliar a correlação genética entre produção de leite e número de oócitos/embriões para determinar a relação entre essas características e identificar o melhor método de seleção.

Palavras-chave: BLUP, características reprodutivas, gado de leite



AVALIAÇÃO GENÔMICA MULTIRRACIAL PARA INDICADORES DE DESEMPENHO PRODUTIVO E REPRODUTIVO EM BOVINOS DE RAÇAS ZEBUÍNAS

GUBIANI, G.¹; TEMP, L.B.²; TEODORO, M.³; OLIVEIRA, E.⁴; SANTOS, A.⁵; GABIATI, E.⁶ GUIDUGLI, L.⁷; BALDI, F.⁸

¹Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, e-mail: gabriel.gubiani@unesp.br

²Mestranda em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

³Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁴Mestranda em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁵Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁶Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista;

⁷Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁸Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

O desempenho produtivo ao longo da vida dos animais é mensurado com base em diversos índices genéticos e está diretamente vinculado à eficiência reprodutiva do rebanho. A produtividade acumulada (PAC), que indica a quantidade de quilos de bezerros desmamados por vaca ao ano, reflete a capacidade da fêmea de iniciar sua produção precocemente, permanecer no rebanho e desmamar bezerros pesados. Este estudo teve como objetivo avaliar a eficácia de diferentes abordagens de predição genômica para PAC em uma população multirracial de bovinos zebuínos, composta por Nelore, Guzerá, Brahman e Tabapuã. Foi utilizado o modelo BLUP genômico de passo único (ssGBLUP) em quatro metodologias distintas de predição: avaliação de raça única (SB), multirracial padrão (MD), metafundadores (MF) e ajuste da matriz de relação genômica pelas frequências alélicas específicas de cada raça (AGR). Foram analisados 91.847 registros fenotípicos de PAC e 17.797 animais genotipados, abrangendo nascimentos entre 2002 e 2021. Os dados foram estratificados em dois subconjuntos: um conjunto completo, contendo todas as informações disponíveis, e outro parcial, em que os dados fenotípicos de 2021 foram excluídos. Os animais de validação foram aqueles nascidos em 2021, genotipados, mas sem registros próprios ou de progênie. A capacidade preditiva foi avaliada por meio de análises de regressão linear (LR) no conjunto de validação. A metodologia MF apresentou os melhores resultados na predição da PAC para a raça Nelore, com acurácia de 0,91 e viés de -1,86. O Guzerá também obteve bom desempenho com a metodologia MF, alcançando uma acurácia de 0,82 e viés de -1,39, enquanto o Tabapuã apresentou acurácia similar 0,82, mas com um viés mais elevado de -2,77. O modelo AGR destacou-se na predição para a raça Brahman, com acurácia de 0,80 e viés positivo de 0,52, destacando-se como uma alternativa adequada para essa raça. Em contraste, o modelo SB foi menos eficiente para raças com menor volume de dados, como Guzerá e Tabapuã, com acurácias de 0,51 e 0,64, respectivamente, e desvios de viés mais acentuados. A abordagem MD apresentou uma boa dispersão para Guzerá 0,93 e Tabapuã 1,03, embora a acurácia para o

Guzerá tenha sido relativamente baixa 0,78. Esses resultados sugerem a superioridade das abordagens multirraciais, particularmente a metodologia de Metafundadores, para a predição da PAC, aproveitando as relações genéticas entre as raças e a disponibilidade de dados, especialmente na raça Nelore. A análise reforça a relevância da aplicação de modelos genômicos multirraciais no melhoramento contínuo da produtividade e eficiência reprodutiva de bovinos de corte, fornecendo informações cruciais para a gestão genética e estratégias de melhoramento em raças zebuínas.

Palavras-chave: índices de produtividade, predição genômica, produtividade acumulada

AVALIANDO O AMBIENTE CLIMÁTICO DE UM *COMPOST BARN* SOB DIFERENTES PROJEÇÕES CLIMÁTICAS UTILIZANDO *MACHINE LEARNING*

MERCÊS, R.D.A¹; GUIMARÃES, M.C.C²; SOUZA, P.J.R³; SANTOS, L.C²; DALLAGO, G.M^{4,5}

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: renata.drosghic@ufvjm.edu.br;

²Professor adjunto, Departamento de Agronomia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

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

⁴Professor, Department of Animal Science, University of Manitoba.

⁵Jovem Docente Permanente, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

As mudanças climáticas trazem desafios crescentes para a bovinocultura leiteira, onde nos sistemas de confinamento o controle ambiental é fundamental para garantir o bem-estar e a produtividade animal. Projeções climáticas permitem avaliar o impacto das mudanças na eficiência das instalações em proporcionar conforto térmico aos animais e possibilita que a construção seja adaptada para se adequar a novas condições. O objetivo desse estudo foi avaliar as condições climáticas internas de um galpão de confinamento do tipo *compost barn*, sob diferentes cenários de projeções climáticas para o curto (2040) e médio (2070) prazo. Foram obtidas projeções climáticas de 19 modelos da sexta fase do Projeto de Intercomparação de Modelos Acoplados (CMIP6), considerando os cenários SSP245, um caminho equilibrado que projeta um aumento moderado nas emissões de gases do efeito estufa com base em tendências históricas, e o SSP585, que prevê a continuidade do uso de combustíveis e a alta emissão de gases do efeito estufa juntamente com crescimento econômico acelerado. As projeções incluíam temperatura (°C), umidade relativa (%) e velocidade do vento (m/s), projetadas mensalmente em escala planetária entre os anos de 2015 e 2100. Para avaliar as condições climáticas internas do galpão, foi utilizado um modelo *gradient boosting machine* previamente treinado com dados coletados entre julho e setembro de 2023 para prever o índice de temperatura e umidade (ITU) em três pontos internos de um galpão *compost barn* em Diamantina –MG. As projeções climáticas foram filtradas para os meses que o modelo foi treinado e para a localização do galpão no curto e médio prazo para cada um dos cenários considerados, sendo então fornecidas ao modelo para obtenção de previsões de ITU dentro do galpão. No cenário SSP245 o ITU médio dentro do galpão variou de 65,0 a 69,1 nos diferentes meses analisados e a curto prazo, enquanto na área externa ele variou de 64,7 a 68,7. No mesmo cenário e a médio prazo, o ITU médio dentro do galpão variou de 65,1 a 70,0 e na área externa de 64,7 a 70,0. Já no cenário SSP585, o ITU médio dentro do galpão variou de 65,1 a 70,5 e na área externa de 64,8 a 70,4 a curto prazo. No mesmo cenário e a médio prazo o ITU médio dentro do galpão variou de 67,1 a 71,6 e na área externa de 66,6 a 71,0. Independente dos cenários, os resultados obtidos evidenciam a piora das condições climáticas dentro do *compost barn*, sendo importante adotar e desenvolver medidas preventivas que visam mitigar os efeitos deletérios do estresse por calor na produtividade e bem-estar animal.

Palavras-chave: bovinocultura leiteira, instalações zootécnicas, índice de temperatura e umidade, modelos computacionais, projeções climáticas



CLASSIFICAÇÃO MORFOMÉTRICA E GEOMÉTRICA DE OVÁRIOS BOVINOS: PRIMEIRA ETAPA NA ELABORAÇÃO DE UM ÍNDICE DE SELEÇÃO DE DOADORAS PARA PRODUÇÃO *IN VITRO* DE EMBRIÕES

LIMA, A.C.P.¹; SILVA, A.B.C.¹; SILVA, S.P.G.¹; MALTA, B.C.²; DIAS, A.J.B.³; VEGA, W.H.O.³

¹Graduanda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.; email: anaclarapenalima@gmail

²Mestranda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense;

³Professor Associado, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.

A produção *in vitro* de embriões (PIVE) bovinos está em constante ascensão, já havendo superado a produção *in vivo*. No entanto, ainda possui desafios quanto à padronização dos parâmetros morfológicos em larga escala. A morfometria ovariana influencia diretamente a competência oocitária, sendo necessária uma análise menos subjetiva para determinação dos parâmetros. Objetivou-se com esse estudo classificar os ovários geométrica e morfometricamente como parte da elaboração de um índice de seleção de doadoras para a PIVE. Utilizou-se um total de 700 ovários de *Bos indicus* advindos do abatedouro local, que foram classificados segundo sua morfologia macroscópica em: Classe I (ovários com corpo hemorrágico - CH ou corpo lúteo funcional – CL maduro e folículo dominante – FD), Classe II (ovários com um CL funcional maduro e sem nenhum FD), Classe III (ovários com CL regressivo ou sem CL e com FD) e Classe IV (ovários sem estruturas lúteas, apenas pequenos folículos). Foram mensurados e calculados: diâmetro, altura, largura, perímetro, circularidade, área, razão altura x largura, compacidade, raio, volume, peso e contagem de folículos antrais (CFA). A diferenciação entre classes ovarianas foi realizada a partir do teste de Kruskal Wallis com comparações *post hoc* ($P < 0,05$), Teste Dunn. Todas as variáveis foram diferentes entre as classes, indicando que elas podem distinguir morfometricamente os ovários bovinos. A CFA foi superior nas classes II e IV, com média de $29,66 \pm 15,1$ e $29,56 \pm 14,5$, respectivamente. Já as classes I e III apresentaram valores menores ($23,9 \pm 12,03$ e $22,45 \pm 12,5$, respectivamente). Acredita-se que a presença do FD nas classes I e III tenha influenciado o menor resultado obtido nestas classes. Área e perímetro apresentaram resultados alinhados, onde as classes I e II foram superiores, a classe IV foi intermediária e a classe III apresentou o menor valor. Neste caso, acreditamos que a presença do CL nas classes I e II tenha influenciado o resultado obtido. A presença de FD na classe III junto a menor CFA nesta classe determinou o menor valor para área e perímetro obtidos. Outra característica considerada importante foi o volume. Nesta, as classes I e II foram superiores, com valores médios de $5,82 \pm 2,3$ e $5,63 \pm 2,2$, respectivamente. As classes III e IV foram menores ($3,14 \pm 1,5$ e $3,6 \pm 1,9$, respectivamente). A característica morfológica determinante nas classes superiores foi a presença de CL. Apesar das outras variáveis apresentarem diferenças entre as classes ovarianas, devido a pouca existência de relação com a PIVE não foram discutidas amplamente nesse resumo. Os dados morfométricos e geométricos obtidos confirmaram que a presença de CL, CFA e FD são determinantes para elaboração de um índice de seleção de doadoras de ovócitos que sistematize os parâmetros

morfológicos para uma análise mais objetiva e eficiente, em larga, escala para a PIVE.

Palavras-chave: *Bos indicus*, competência oocitária, classificação ovariana, melhoramento genético.



COEFICIENTE DE HERDABILIDADE PARA CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO E QUALIDADE DE LÃ EM OVINOS CORRIEDALE

LONGO, R.¹; CIAPPESONI, G. ²; TEIXEIRA, R. A.³; DIAS, L.T. ³

¹Mestranda em Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba-PR, Brasil, email: rafaelalongo@ufpr.br;

²Pesquisador do Instituto Nacional de Pesquisa Agropecuária (INIA), Las Brujas, Canelones, Uruguai;

³Professor do Depto de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba-PR, Brasil.

A demanda da indústria têxtil por lãs finas motivou a seleção de ovinos para características relacionadas à qualidade da lã. Para identificar quais características devem ser utilizadas como critérios de seleção, para que o objetivo de seleção possa ser atingido de forma eficiente, é preciso conhecer o coeficiente de herdabilidade de cada uma. Portanto, o presente estudo foi realizado com o objetivo de estimar os coeficientes de herdabilidade para as características: **Peso de Velo Sujo** (PVS, em kg), **Diâmetro de Fibra** (DF, em micras), **Comprimento de Mecha** (CM, em cm) e **Peso Corporal à Tosquia** (PCT, em kg) de ovinos da raça Corriedale criados no Uruguai. Foram analisados dados de desempenho de 1.294 animais, nascidos entre os anos 2014 e 2022 com, aproximadamente, um ano de idade (262 a 440 dias) pertencentes ao rebanho do Instituto Nacional de Pesquisa Agropecuária (INIA) do Uruguai. As médias fenotípicas e desvios-padrão de PVS, DF, CM e PCT foram $2,873 \pm 0,813$ kg, $22,892 \pm 2,102$ μ m, $11,900 \pm 2,103$ cm e $35,414 \pm 6,261$ kg, respectivamente. Para a estimação dos coeficientes de herdabilidade utilizou-se modelo animal, descrito por: $y = X\beta + Za + e$, em que: y é o vetor de observações da característica (PVS, DF, CM ou PCT), β é o vetor de efeitos fixos (sexo, ano de nascimento, estação de nascimento (inverno ou primavera) e tipo de nascimento (simples ou gemelar) como fixos, e efeitos linear de peso à tosquia e linear e quadrático de idade à tosquia, como covariáveis para PVS; para DF considerou-se os efeitos de ano e tipo de nascimento, como fixos, e o efeito linear de peso à tosquia como covariável; para CM incluiu-se sexo, ano e tipo de nascimento como efeitos fixos, e os efeitos de peso corporal e idade linear à tosquia, como covariáveis; e para PCT considerou-se, além dos efeitos fixos de sexo, ano, estação e tipo de nascimento, os efeitos linear e quadrático de idade à tosquia, como covariáveis), α é o vetor de efeitos genéticos aditivos diretos, e é o vetor de efeito residual aleatório e X e Z são matrizes de incidência associadas a cada efeito, respectivamente. Os coeficientes de herdabilidade foram estimados a partir de análises unicaracterísticas, pelo programa BLUPF90+ (Misztal et al., 2018). As estimativas de herdabilidade variam de moderada a alta magnitudes, sendo $0,38 \pm 0,117$ (moderada) para PVS, $0,55 \pm 0,103$ (alta) para DF, $0,44 \pm 0,114$ (alta) para CM e $0,60 \pm 0,088$ (alta) para PCT. Os coeficientes de herdabilidade indicaram que grande parte da expressão fenotípica das características estudadas ocorre devido a fatores genéticos e, portanto, responderão à seleção direta, permitindo ganhos genéticos significativos e rápidos progressos genéticos para PVS, DF, CM e PCT em programas de melhoramento de ovinos da raça Corriedale.

Palavras-chave: critérios de seleção; parâmetros genéticos; qualidade de lã.



COMPARAÇÃO DE MODELOS DE *DEEP LEARNING* PARA CLASSIFICAÇÃO DE ESCORE DE CONDIÇÃO CORPORAL DE CABRAS LEITEIRAS

LINO, E.N.¹; GONÇALVES, M.A.²; RICATO, M.B.²; LANA, D.S.³; CASTRO, M.S.M.⁴; SCHULTZ, E.B.⁵

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: edvania.lino@ufv.br;

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

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

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

⁵Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A avaliação do escore de condição corporal (ECC) em cabras leiteiras é fundamental para monitorar a saúde, produção de leite e fertilidade, permitindo identificar alterações no estado físico que têm relação com a reserva de nutrientes e saúde. No entanto, a desvantagem do ECC é a subjetividade nas avaliações, pois os avaliadores podem atribuir notas distintas para o mesmo animal. Visto isso, o aprendizado de máquina é uma alternativa para estimar o escore com o uso de imagens. Nesse contexto, objetivou-se classificar o escore de condição corporal de cabras utilizando diferentes modelos de *deep learning* com imagens bidimensionais (2D). Foram utilizadas 97 imagens de cabras leiteiras lactantes da raça Saanen (n=47) e Alpina (n=50) (idade > 15 meses, peso médio = 52,4 kg). Os animais foram agrupados, com a moda do valor atribuído por três avaliadores treinados na escala de 5 pontos, nas seguintes classes de escore: escore 1 (n=6), escore 1,5 (n=13), escore 2 (n=15), escore 2,5 (n=16), escore 3 (n=24), escore 3,5 (n=14), escore 4 (n=7) e escore 4,5 (n=2). Para o treinamento dos modelos de inteligência artificial, as imagens foram rotuladas no dorso dos animais pela plataforma Roboflow. Após as anotações, o banco de dados foi dividido em 80% para treinamento, 15% para validação e 5% para o teste. Sendo que, o banco de dados do treinamento foi duplicado com a ferramenta de rotacionar em ângulo de 90°, gerando mais imagens. Posteriormente, no Roboflow as classificações foram realizadas com os modelos de Roboflow 3.0 e YOLO-NAS de *deep learning* com 207 iterações. As métricas utilizadas para avaliar a qualidade do modelo foram: média da métrica de precisão média (mAP) que fornece uma avaliação abrangente sobre o desempenho, precisão (P) para quantificar a proporção de verdadeiros positivos e recall (R) para medir a capacidade do modelo em detectar todas as instâncias de cada classe. Foi possível classificar o ECC com o Roboflow 3.0 (mAP = 36,8%, P = 25,5% e R = 56,7%) e YOLO-NAS (mAP = 44%, P = 36,4% e R = 15,4%). O modelo YOLO-NAS foi mais preciso, no entanto o tempo de processamento é longo, gastando 5 horas em comparação ao outro modelo que roda em 20 minutos. Dessa forma, as imagens digitais são capazes de classificar o ECC de cabras leiteiras, porém, é necessário melhorar a precisão dos modelos. O método de coleta, a luminosidade das imagens, a marcação manual e a representatividade de classes são alguns fatores que podem ser trabalhados para aumentar a precisão da classificação.

Palavras-chave: aprendizado de máquina, classificação de imagens, zootecnia de precisão



COMPARAÇÃO DE MODELOS LINEARES EM CARACTERÍSTICAS DE CARÇA NOS BOVINOS DO COMPOSTO MONTANA

ALMEIDA, C.A.¹; CARVALHO, R.S.B.²; BALDI, F.³; OLIVEIRA, E.C.M.⁴; ELER, J.P.⁵; FERRAZ, J.B.S.⁵

¹Doutoranda em Biociência Animal, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, email: caroline.assis.almeida@usp.br;

²Professora Doutora, Departamento de Ciências Básicas, Universidade de São Paulo;

³Professor Doutor, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁴Técnica em Informática, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo;

⁵Professor Titular, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo.

A variabilidade genética nas características de carcaça, particularmente em bovinos compostos em ambientes tropicais, é um tema pouco explorado. Este estudo tem como objetivo avaliar geneticamente essas características, levando em conta os efeitos da heterose e da recombinação. Para tal, características de carcaça foram analisadas utilizando três modelos multi-características (M1, M2, M3) em bovinos compostos Montana. As análises foram realizadas no Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo. Foram utilizados dados fenotípicos de área de olho de lombo (AOL, cm²), espessura de gordura na picanha (EGP8, mm), espessura de gordura subcutânea (EGS, mm) e marmoreio (MAR, %) de 14.422 animais. As medidas de AOL, EGS e MAR foram realizadas no músculo *Longissimus dorsi* entre a 12^o e 13^o costela, enquanto a medida de EGP8 foi medida na garupa, entre o íleo e o ísquio, na intersecção dos músculos *Gluteus medius* e *Biceps femoris*. O arquivo de pedigree, contendo 193.129 animais, e o conjunto de dados genômico de 3.911 animais foram utilizados em todas as análises. Os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando o programa BLUPF90+. Em todos os modelos, foram incluídos efeitos fixos de grupo contemporâneo, transferência de embrião, idade do animal ao ultrassom e idade da vaca ao parto (linear e quadrática) como covariáveis. Foram considerados como efeitos aleatórios o efeito genético direto do animal e o resíduo. A partir do M2, foram introduzidos os efeitos de tipo biológico N (zebuínos), A (taurinos adaptados ao ambiente tropical), B (taurinos de origem britânica) e C (taurinos de origem continental) e heterose direta como covariáveis; no M3, foi incluído o efeito da recombinação direta como covariável. Para identificar o modelo mais adequado, foi utilizado o critério de informação de Akaike (AIC). As estimativas dos parâmetros genéticos foram similares para as quatro características nos três modelos. Os coeficientes de herdabilidade variaram de $0,21 \pm 0,02$ a $0,22 \pm 0,02$ para AOL, $0,18 \pm 0,02$ a $0,19 \pm 0,02$ para EGP8, $0,38 \pm 0,05$ a $0,41 \pm 0,05$ para MAR, e EGS permaneceu constante em $0,13 \pm 0,02$. As correlações genéticas foram de baixa magnitude e consistentes entre os modelos, variando de $-0,09 \pm 0,05$ (AOL-EGP8) a $0,20 \pm 0,02$ (EGP8-EGS), sem variações significativas entre AOL-MAR ($0,00 \pm 0,04$), AOL-EGS ($-0,02 \pm 0,03$ a $-0,01 \pm 0,03$), EGP8-MAR ($0,07 \pm 0,04$ a $0,09 \pm 0,04$) e EGS-MAR ($0,11 \pm 0,03$ a $0,13 \pm 0,03$). Os valores de AIC obtidos foram 134345,70 (M1), 134245,64 (M2) e 134242,95 (M3), indicando que o M3 apresenta o melhor ajuste para a estimação dos parâmetros genéticos das características avaliadas. Sugerimos análises adicionais, como a inclusão de heterose e recombinação

específicas entre os tipos biológicos, para aprofundar a compreensão dos fatores que influenciam a variabilidade genética nessas características.

Palavras-chave: estimação, heterose, parâmetros genéticos, recombinação



CORRELAÇÃO ENTRE PERÍMETRO ESCROTAL E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM REBANHO DA RAÇA SIMENTAL

MUNIZ, A.P.F.¹; FALCÃO, T.T.¹; SILVA, T. V. M.¹; WELLER, M.M.D.C.²

¹Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Espírito Santo; email: fmanapaula03@gmail.com ²Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Espírito Santo.

A crescente demanda nacional por animais de reposição mais precoces e eficientes está diretamente relacionada à necessidade de redução dos custos por arroba e ao mesmo tempo, aumentar a oferta de carne de qualidade, de forma a atender tanto ao mercado nacional quanto às exigências internacionais de exportação. Neste contexto, as características reprodutivas devem ser utilizadas como critérios de seleção em busca do incremento da precocidade sexual e da fertilidade aumentando o número de animais disponibilizados para seleção em rebanhos comerciais. No entanto, na raça Simental ainda não há estudos de características reprodutivas indicadoras de precocidade e fertilidade que poderiam ser usadas como critério de seleção além das características de desenvolvimento ponderal no programa de melhoramento desta raça. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar a variabilidade fenotípica para perímetro escrotal em touros jovens e investigar as correlações entre essa medida e características reprodutivas de fêmeas, como idade ao primeiro parto e duração da gestação, em rebanhos da raça Simental. Foram utilizados dados referentes a 85 touros, e as informações referentes ao perímetro escrotal (PE) desses touros foram obtidas por técnicos oficialmente credenciados pela Associação Brasileira de Criadores da Raça Simental (ABCRSS), nas Exposições Agropecuárias Nacionais realizadas nos anos de 1998 a 2013, em dois períodos sendo o primeiro em torno de 12-13 meses de idade e o segundo período em torno de 18 a 22 meses, onde foram denominados respectivamente de PE12 e PE18. Os dados referentes as filhas destes touros como data de nascimento, data de cobertura e a data do parto, foram obtidas nos softwares de gerenciamento da ABCRSS. A estatística descritiva e análise de correlação foram realizadas usando o software RStudio. Os valores médios de perímetro escrotal para PE12 e PE18 foram de $34,37 \pm 2,4$ e $40,5 \pm 3$ cm, respectivamente. Para a duração da gestação (DG) e idade ao primeiro parto (IPP) os valores médios foram de $288 \pm 4,2$ dias e $30 \pm 0,5$ meses, respectivamente. As correlações observadas entre PE12 e IPP, e entre PE12 e DG, foram -0,78 e -0,73, respectivamente. Já as correlações entre PE18 e IPP, e entre PE18 e DG, foram 0,25 e -0,18, respectivamente. Assim, o perímetro escrotal aos 12 meses poderá ser uma estratégia viável como critério de seleção, promovendo ganhos em fertilidade e precocidade sexual na raça Simental. Estudos posteriores são necessários para estimar as herdabilidades e correlações genéticas entre as características perímetro escrotal, idade ao primeiro parto e duração de gestação visando predição dos ganhos genéticos.

Palavras-chave: bovino de corte, eficiência reprodutiva, perímetro escrotal.



CORRELAÇÃO FENOTÍPICA ENTRE PESOS A DIFERENTES IDADES E TEXTURA DE DUAS LINHAGENS DE MACHOS DE CODORNAS DE CORTE

PEREIRA, A.S.¹; ALMEIDA, E.A.R.¹; BOARI, C.A.²; CARVALHO, L.M.P.²; VERARDO L.L.²; MAGALHÃES, A.F.B.²

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: alice.pereira@ufvjm.edu.br

²Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

A coturnicultura é um segmento da avicultura que visa criar, melhorar e promover a produção de codornas. As codornas apresentam características de produção como o rápido crescimento, precocidade sexual, alta rusticidade, baixo consumo alimentar e pouco espaço para sua criação, sendo uma opção para a avicultura, por ser menos onerosa. Apesar das vantagens da coturnicultura, estudos que avaliem e relacionem características de crescimento com qualidade da carne de codornas ainda são escassos, por isso objetivou-se correlacionar o peso a diferentes idades com a textura da carne de codornas machos das linhagens LF1 e LF2. As aves foram pesadas ao nascimento, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias e após isso foram abatidas, com 42 dias de idade, na sala de abate do Departamento de Zootecnia-DZO. As carcaças foram pesadas e resfriadas a uma temperatura de aproximadamente 15°C por 25 minutos, depois disso, foram levadas a um freezer por 24 horas a uma temperatura de 2°C para início das análises de qualidade da carne. A textura foi realizada com as amostras remanescentes da análise de perda de peso por cozimento, previamente resfriadas a 4°C por 24 horas com o texturômetro (modelo TA.XT2 plus[®], Stable Micro Systems, Extralab, Brasil) acoplado com lâmina de cisalhamento retangular padrão Warner-Bratzler com espessura de 1,016mm e com lâmina de 3,05mm, sendo utilizados os dados de pico positivo expressos em Kgf. A correlação de Pearson entre os pesos e a textura foram analisadas no software R. Foram encontrados valores de 0.21, 0.18, 0.13, 0.10, 0.08, 0.07 e 0.02 entre os pesos ao nascer, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias com a textura, respectivamente, para a LF1. Enquanto para a LF2 os valores encontrados foram de 0.26, 0.00, 0.04, 0.07, 0.06, 0.07, 0.01. A correlação entre os pesos e a textura entre as linhagens LF1 e LF2 tiveram um comportamento similar, sugerindo que a influência do peso vivo do animal na textura diminui à medida em que a ave envelhece. Além disso, os valores encontrados para ambas as linhagens foram de baixa magnitude, demonstrando uma fraca associação entre pesos e textura. Estudos com frangos também mostram uma relação semelhante, onde o peso inicial tem uma influência moderada na textura da carne, tendendo a diminuir à medida que as aves se aproximam à idade de abate. Esse comportamento pode ser explicado pela fase de crescimento mais acelerada no início da vida das aves, onde o desenvolvimento muscular impacta diretamente na qualidade da carne. A análise de correlação fenotípica indicou que embora o peso inicial seja um fator relevante para a qualidade da carne, outros fatores podem ter influência, à medida que as aves se aproximam da idade de abate.

Palavras-chave: coturnicultura, crescimento, qualidade da carne.



CRITÉRIOS DE SELEÇÃO EM OVINOS DE CORTE

CORRÊA, L.S.¹; COSTA, R.L.D.²;

²Mestranda em Produção Animal Sustentável, Instituto de Zootecnia, lecorreavet95@gmail.com;

³Professor e pesquisador no Instituto de Zootecnia do Estado de São Paulo;

O potencial de crescimento da ovinocultura brasileira é grande no Estado de São Paulo, onde os produtos como carne ovina e derivados do leite são, cada vez mais consumidos. Entretanto o rebanho ovino, estável nas últimas décadas, não atende à demanda interna. As dificuldades da cadeia produtiva de ovinos, afeta principalmente pequenos e médios produtores. As dificuldades são conseguir mão-de-obra qualificada, manejo sanitário e controle zootécnico, além de altos custos de produção, não alcançando bons índices de desempenho. Um dos fatores limitantes na criação, é a resistência à verminose, que resulta em altas taxas de mortalidade, e aliado a falta de critérios na seleção e descarte orientado de matrizes, reduz a produtividade. Há ainda a dificuldade em encontrar boas matrizes no mercado, pautado muitas vezes pelo valor e/ou raça, não levando em consideração características zootécnicas. Produtores geralmente preferem fazer maior investimento em reprodutores, sem levar em consideração, que a contribuição genética será de 50%. No interior de São Paulo, uma propriedade com cerca de 500 matrizes mestiças, iniciou descarte orientado das fêmeas em 2021, com objetivo de concentrar nascimentos, aumentar o peso à desmama e reduzir o tempo de suplementação no cocho, resultando num ciclo produtivo com menor. Todos os animais possuem dupla identificação e estão cadastrados em sistema de gerenciamento. Os dados de peso ao nascimento e desmama foram retirados do sistema para análise. No início, foram estabelecidos como critérios de descarte, ovelhas falhadas e com baixa habilidade materna. As ovelhas que desmamaram cordeiros abaixo de 20 kg foram descartadas entre 2021 e 2022. Em 2023 o critério de descarte ao desmame foi a relação entre peso do cordeiro (PC) ao desmame e o peso da ovelha (PO): $[(PC)/(PO) \times 100] \%$. O valor de corte foi a relação $\leq 40\%$ em parto simples e $\leq 60\%$ em partos gemelares. A média de peso ao nascimento (PN) e desmame (PD) em 2021 aos 100 dias de vida foi de $4,2 \pm 1,98$ e $23,42 \pm 6,32$ para machos, e $3,9 \pm 1,53$ e $20,37 \pm 5,62$ para fêmeas. Em 2022 as médias de PN e PD foram $4,6 \pm 1$ e $23,7 \pm 7,67$ para machos, e $4,24 \pm 2,33$ e $21,73 \pm 7,53$ para fêmeas aos 100 dias de vida. Como resultado, em 2023 as médias de PN e PD foram $5,06 \pm 1$ e $28,8 \pm 6,6$ para machos, e $4,73 \pm 1$ e $25,71 \pm 5,64$ para fêmeas aos 100 dias. Ao levar em consideração a relação peso cordeiro/ovelha, em 2024 o PN e PD foram $5,14 \pm 1,14$ e $33,34 \pm 6,23$ para machos e $4,74 \pm 1,13$ e $30,09 \pm 5,37$ para fêmeas, aos 100 dias de nascidos. Em 3 anos de seleção, conseguiu-se um acréscimo de 9,92 kg de PD nos machos e 9,72 kg nas fêmeas, o que representa 42,36% e 47,72% respectivamente. Portanto, os critérios de seleção e

descarte orientado de matrizes ovinas é uma ferramenta importante para aumento da eficiência produtiva, contribuindo para cordeiros mais pesados à desmama.

Palavras-chave: Seleção, ovinos, produtividade.



DADOS FENOTÍPICOS DE FÊMEAS SUÍNAS DA RAÇA PIAU: ANÁLISE COMPARATIVA QUANTO A CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS

RODRIGUES, G.M.¹; MARTINS, T.F.³; GUIMARÃES, S.E.F. ; GUIMARÃES, J.D.³

¹Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: guilherme.m.rodrigues@ufv.br; ²Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

Docente, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

³Docente, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa.

A raça suína Piau é conhecida por sua elevada deposição de gordura, resistência a doenças e qualidade da carne. Diferente das raças comerciais, o Piau não passou por intensos processos de melhoramento genético, o que contribui para sua melhor adaptação ao clima e as condições locais. O objetivo do estudo foi avaliar as características fenotípicas de fêmeas da raça Piau, com foco na eficiência reprodutiva das marrãs. O estudo foi realizado na UEPE de Melhoramento de Suínos da Universidade Federal de Viçosa, onde 6 fêmeas de aproximadamente 180 dias de idade foram inseminadas e posteriormente abatidas, seguindo protocolos de bem-estar animal. Após o abate, as carcaças foram dissecadas e os úteros cuidadosamente removidos. Embriões e fetos foram coletados de forma asséptica em diferentes estágios gestacionais (25 e 35 dias), correspondentes aos tratamentos T1 e T2. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado avaliando as seguintes variáveis: peso ao abate (PA), peso uterino (PU), número total de corpos lúteos (CLT), peso total dos ovários (PTO), número de conceptos definidos como fetos e embriões (NC), número de conceptos viáveis (NVIÁVEIS) e taxa de mortalidade (TM). As análises estatísticas foram realizadas no software R, onde foram calculadas as médias para comparar os tratamentos. Em média o peso ao abate foi de $142,98 \pm 24,03$ kg, já o peso uterino foi de $3,11 \pm 1,73$ kg. Em média, o número total de corpos lúteos foi de $15,08 \pm 4,19$, o peso total dos ovários foi de $14,84 \pm 2,82$ g, o número de conceptos foi de $6,42 \pm 3,06$, o número de conceptos viáveis foi de $5,2 \pm 1,5$ e a taxa de mortalidade foi de 18,7% com $\pm 10,2\%$. Estudos anteriores indicam que a raça Piau apresenta menor peso ao abate, uma menor taxa de ovulação, menor eficiência reprodutiva, com menor número de conceptos e maior taxa de mortalidade embrionária em comparação com raças comerciais. Essas características refletem sua adaptação a ambientes adversos, favorecendo maior deposição de gordura e crescimento mais lento, resultando em carne de alta qualidade. Além disso, os menores pesos uterino e ovariano sugerem uma capacidade reprodutiva inferior, possivelmente associada à menor produção de hormônios sexuais e a atividade ovariana. Essa diferença pode ser associada a fatores como maior deposição de gordura e adaptação a ambientes adversos. Embora a consanguinidade não tenha sido avaliada diretamente neste estudo, ela é uma hipótese que pode contribuir para a menor eficiência reprodutiva da raça, considerando seu histórico de reprodução em sistemas menos controlados e com menor variabilidade genética.

Palavras-chave: adaptabilidade, desempenho fenotípico, peso ao abate, rusticidade suína.



DETERMINAÇÃO SEXUAL EM CONCEPTOS SUÍNOS UTILIZANDO DADOS DE RNA-SEQ: UMA ABORDAGEM BASEADA EM GENES DO CROMOSSOMO Y

MARTINS, T.F.¹; CAMPOS, F.G.²; TEIXEIRA, S.A.³; GUIMARÃES, J.D.⁴; EITER, I. O.⁵; NASCIMENTO, M.⁵; RODRIGUES, G.M.⁵; PEREIRA, P.F.⁶; ROCHA, R.F.B.⁷; GUIMARÃES, S.E.F.⁸.

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

²Pós-Doutoranda em Zootecnia, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora;

³Docente Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de Mato Grosso do Sul;

⁴Docente, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

⁵Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

⁶Técnica do Laboratório de Biotecnologia Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

⁷Pós-Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

⁸Docente, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O dimorfismo sexual refere-se às diferenças físicas, comportamentais e fisiológicas entre machos e fêmeas, determinadas pela biologia reprodutiva. No desenvolvimento pré-natal inicial, essas variações influenciam o crescimento dos conceptos (embriões e fetos) e são reguladas por genes dos cromossomos sexuais. Embora seja desafiador identificar a diferenciação sexual nesse estágio, dados transcriptômicos podem ser utilizados, tornando-se uma ferramenta útil para estudos sobre o desenvolvimento fetal. O objetivo deste estudo foi demonstrar que o sexo de conceptos com 25 e 35 dias de idade pode ser determinado pela contagem de leitura de genes mapeados no cromossomo Y, usando dados de RNA-seq. Foram analisados 17 conceptos (oito embriões de 25 dias e nove fetos de 35 dias), oriundos de seis fêmeas suínas da raça Piau. O experimento foi realizado na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento de Suínos da Universidade Federal de Viçosa. As fêmeas foram inseminadas no terceiro estro e, após o abate, os conceptos foram coletados, identificados, armazenados e transportados para o Laboratório de Biotecnologia Animal (LABTEC). Posteriormente, as amostras foram sequenciadas na plataforma Illumina HiSeq2500 (Illumina, Inc; San Diego, CA, EUA). O pipeline BAQCOM foi utilizado para realizar o controle de qualidade, mapeamento e contagem de leituras. Utilizou-se o genoma suíno (*Sus scrofa 11.1*), para mapeamento dos dados, e o software R para normalizar e filtrar os genes codificantes do cromossomo Y. A determinação do sexo dos conceptos foi baseada nas leituras por milhão (CPM) dos genes do cromossomo Y, dos quais 12 dos 90 analisados apresentaram CPM diferenciada. A soma das leituras (ΣCPM_{chrY}) foi calculada para classificar os conceptos: aqueles com (ΣCPM_{chrY}) maior que 400 foram considerados machos, enquanto valores inferiores a 2 indicaram fêmeas. Dos 17 conceptos analisados, sete apresentaram contagens para os genes do cromossomo Y, com destaque para *KDM5D* (lisina demetilase 5D) e *EIF1AY* (fator de iniciação da tradução eucariótica 1A, ligado a Y), ambos com processos biológicos na regulação da via de sinalização do receptor andrógeno e tradução. Esses genes são fundamentais para o desenvolvimento gonadal e espermatogênese, cruciais para a formação e função dos testículos. Estudos sugerem que esses genes apresentam uma alta taxa de biossíntese proteica, e sua ausência pode comprometer a espermatogênese. Assim, os resultados indicam que é possível determinar o sexo em estágios iniciais de desenvolvimento usando dados de RNA-seq,

sem a necessidade de métodos adicionais.

Palavras-chave: embriões, definição do sexo, fetos, transcritos.



DUAL ENERGY X-RAY ABSORPTIOMETRY (DEXA) FOR PREDICTING THE TISSUE COMPOSITION OF GOAT CARCASSES

LANA, D. S.*¹; GANDRA, L. M.¹; COSTA, A. C.²; GONÇALVES, M.A.²; MIRANDA, B. S.³; CANTARINO, M. E.C.³; SCHULTZ, E.B.⁴

¹Master's student in Animal Science, Department of Animal Science, Federal University of Viçosa, email: daniela.s.silveria@gmail.com;

²Doctorate student in Animal Science, Department of Animal Science, Federal University of Viçosa;

³Graduating student in Animal Science, Department of Animal Science, Federal University of Viçosa;

⁴Adjunct Teacher I, Department of Animal Science, Federal University of Viçosa.

Carcass quality parameters are fundamental to the meat industry, with carcass composition used for grading, yield determination and market value assessment. Traditionally, these assessments have been manual, involving dissection and destructive chemical analysis, making the process laborious. With advances in technology, it has become possible to perform analyses in a non-invasive, quick and economical way, allowing an accurate assessment of these parameters. In this context, dual-energy X-ray absorptiometry (DEXA) stands out as a promising tool for obtaining relevant information on carcass composition. The aim of this study was to evaluate the potential of DEXA in predicting the tissue composition of goat carcasses. The study was carried out at the Federal University of Viçosa (UFV) using half-carcasses of 16 whole male goats (9 Alpina and 7 Saanen), separated into two slaughterings, 8 animals aged 3 months with an average weight of 18.5 kg and 8 animals aged 4 months with an average weight of 20.9 kg. The carcasses were scanned with DEXA (GE Healthcare, Lunar Prodigy Advance, USA) 24 hours after sanitary maturation to measure the tissue composition of muscle (M_{DEXA}), fat (G_{DEXA}) and bone (O_{DEXA}). To verify the prediction, the gold standard was achieved by dissecting the carcasses and obtaining data on the mass of lean adipose tissue and bone. In the statistical analysis, linear regressions were performed to verify the techniques and predictions. There was no equivalence between the DEXA technique and the dissection gold standard. The predictive parameters were significant in all equations: $Y_{muscle} = -0.2674 + 0.8589 * M_{DEXA}$ with $R^2 = 0.99$; $Y_{fat} = -0.056 + 0.6768 * G_{DEXA}$ with $R^2 = 0.84$; $Y_{bone} = 0.2752 + 5.4492 * O_{DEXA}$ with $R^2 = 0.79$. In addition, all the p-values of the regressions were below 0.001, indicating robust statistical significance. These results are promising, as the technology can be applied to other species and at various stages of growth, not just carcasses. By reducing the need for dissection, this approach facilitates evaluation and represents a significant advance in goat meat quality analysis, contributing to a more efficient and sustainable industry. It can be concluded that the prediction of the tissue composition of goat carcasses is accurate using data obtained by DEXA.

KEYWORDS: precision livestock, goats, tissue composition, scanning.



DUAS MEDIDAS MORFOMÉTRICAS INÉDITAS PARA CARACTERIZAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO DE EQUINOS SELECIONADOS PARA MARCHA NO BRASIL

FREIRE, A.¹; PROCÓPIO, A.M.²; SOUZA, F.A.C.³; JOSÉ, R.N.G.⁴; MEIRELLES, S.L.C.⁵; MOURA, R.S.⁶

¹Doutorando em Zootecnia, Bolsista CNPq, Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras (UFLA), e-mail: alan.freire1@estudante.ufla.br;

²Professor titular, Centro Universitário UNIBH, e Jurado das Associações Brasileiras dos Criadores de equinos das raças Mangalarga (ABCRM), Campolina (ABCC-Campolina), Jumento Pêga (ABCJPêga) e Cavalos Pampa (ABCPampa);

³Doutor em Zootecnia – UFLA, e Jurado das Associações Brasileiras dos Criadores de equinos das raças Mangalarga (ABCRM) e Campolina (ABCC-Campolina);

⁴Graduando em Zootecnia, Bolsista ITI-CNPq, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras;

⁵Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras;

⁶Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras.

O valor econômico dosequídeos está relacionado à sua morfologia e qualidade dos andamentos executados em atividades de interesse zootécnico. Diversos parâmetros morfofuncionais são utilizados em pesquisas que buscam aprimorar as metodologias aplicadas em registros genealógicos e julgamentos de raças equíneas selecionadas para marcha no Brasil, como o Mangalarga Marchador (MM). Contudo, não foram encontrados estudos que buscassem descrever objetivamente dois parâmetros zootécnicos citados empiricamente por criadores de raças marchadoras, por serem associados, embora sem comprovação científica, com a qualidade dos andamentos: “triângulo da marcha” (TM) e “Z da marcha” (ZM). Objetivou-se descrever uma metodologia preliminar para mensuração linear dessas duas medidas corporais inéditas e com potencial para aplicação em futuras pesquisas relacionadas à caracterização, conservação e melhoramento genético da marcha selecionada na raça MM. Foram mensurados 273 equinos (71 machos e 202 fêmeas), adultos ($11,7 \pm 5,1$ anos), registrados nos livros MM5 e MM6 e oriundos de 52 propriedades nos estados de MG (N = 215), SP (N = 22), RJ (N = 20), RS (N = 8) e BA (N = 8). Inicialmente foi realizada a palpação e marcação com adesivos circulares dos seguintes pontos anatômicos: porção cranial do tuber coxal do íleo esquerdo (P1); parte cranial do trocânter maior do fêmur esquerdo (P2); epicôndilo lateral do fêmur esquerdo (P3); face cranial da patela esquerda (P4); borda lateral (P5) e maléolo lateral (P6) da tíbia esquerda. Em seguida, cada animal foi posicionado com os quatro membros igualmente apoiados sobre um piso firme e plano, para mensuração com fita métrica dos comprimentos anca-fêmur (CAF - distância entre P1 e P2); anca-soldra (CAS - distância entre os pontos P1 e P4); fêmur-soldra (CFS - distância entre os pontos P2 e P4); da coxa (CCx - distância entre os pontos P2 e P3); e da perna (CP - distância entre os pontos P5 e P6). Todos os procedimentos foram realizados por um mesmo avaliador previamente treinado, sempre do lado esquerdo dos animais. O TM foi estimado através do somatório linear dos CAF, CFS e CAS. O ZM foi estimado através do somatório linear dos CAF, CCx e CP. As médias do TM e ZM observados, respectivamente, em função de sexo e estado de origem foram: $123,30 \pm 5,25$ cm e $98,89 \pm 4,20$ cm

(machos); $126,00 \pm 5,55\text{cm}$ e $99,11 \pm 3,95\text{cm}$ (fêmeas); $125,46 \pm 5,38\text{cm}$ e $98,64 \pm 3,8\text{cm}$ (animais de MG); $130,33 \pm 9,50\text{cm}$ e $105,00 \pm 2,65\text{cm}$ (animais de SP); $127,25 \pm 9,00\text{cm}$ e $104,38 \pm 2,29\text{cm}$ (animais do RJ); $117,50 \pm 4,88\text{cm}$ e $100,67 \pm 2,59\text{cm}$ (animais do RS); $125,50 \pm 3,08\text{cm}$ e $105,25 \pm 2,63\text{cm}$ (animais da BA). Essa iniciativa foi uma primeira tentativa que seguirá sendo estudada para desenvolvimento de novos métodos objetivos aplicáveis a campo e que possam auxiliar na implantação de futuros programas de melhoramento genético voltados à conservação da marcha prevista no padrão racial e desejada pelos criadores de equídeos marchadoras selecionados no Brasil.

Palavras-chave: equideocultura, ezoognósia, fenotipagem, métodos objetivos, zootecnia de precisão.

Os autores expressam seus agradecimentos pelo apoio e fomento recebidos das seguintes instituições: MAPA (Termo de Execução Descentralizada No.21000.034497/2016-13), ABCCMM (Convênio No. 165/2017), UFLA, FUNDECC, CAPES, CNPq (especialmente Programa MAI/DAI Chamada nº 12/2020) e FAPEMIG.



É POSSÍVEL DISCRIMINAR CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE OVOCITÁRIA A PARTIR DA MORFOLOGIA OVARIANA?

SILVA, A.B.C.¹; LIMA, A.C.P.¹; SILVA, S.P.G.¹; LIQUER, M.C.P.¹; MALTA, B.C.²; VEGA, W.H.O.³

¹Graduanda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.; email: aaylabeatriz@gmail.com

²Mestranda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense;

³Professor Associado, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.

Na morfologia ovariana a presença de folículo dominante – FD, corpo lúteo – CL e a contagem de folículos antrais - CFA são considerados influenciadores da competência futura de ovócitos, afetando assim a produção *in vitro* de embriões (PIVE). A identificação das características morfológicas associadas à qualidade do ovócito pode direcionar a seleção de futuras doadoras para a PIVE. Dentre as diferentes características morfológicas, podem existir algumas capazes de influenciar majoritariamente o desenvolvimento subsequente dos ovócitos. O objetivo deste trabalho foi discriminar características de qualidade ovocitária a partir da classificação morfológica dos ovários, utilizando análise discriminante canônica. Um total de 279 ovários, distribuídos em 13 rotinas de triagem ovocitária, foram utilizados. Para isso, ovários de vacas zebuínas advindos do matadouro local foram transportados em solução antibiótica e salina (0,9%) à 37°C. Inicialmente os ovários foram classificados morfolologicamente em Classe I (corpo hemorrágico ou CL maduro e FD), Classe II (CL funcional e sem nenhum FD), Classe III (CL regressivo ou sem CL e com FD) e Classe IV (sem estruturas lúteas e pequenos folículos). Os folículos foram aspirados seguindo metodologia padrão e classificados de acordo com complexo cummulus oócitos-CCOs em Grau I (três ou mais camadas de células do cumulus-CIIC e citoplasma homogêneo - CH), Grau II (Uma ou duas camadas de CIIC e CH), Grau III (camada incompleta de CIIC e CH ou citoplasma heterogêneo) e Grau IV (CIIC de aspecto gelatinoso, oócito degenerado, com grânulos escuros). Outras características, como a CFA por classe ovariana, percentual de CCOs Grau I e II (%GI-II), percentual de CCOs Grau III e IV (%GIII-IV) e média de CCOs por ovário (CCOsMed), foram utilizadas durante a triagem. A discriminação entre classes ovarianas e competência ovocitária foi realizada a partir da técnica de análise discriminante canônica- ADC, utilizando o estatístico Lambda de Wilks ($P < 0,05$). Na identificação das características mais relevantes foi utilizado o coeficiente estrutural padronizado da função canônica. Os casos corretamente classificados foram expressos em percentagem. Das características utilizadas na discriminação, apenas %GI-II, CCOsMed e CFA foram significativas entre classes ovarianas ($P = 0,042$). Na identificação de casos corretamente classificados, 100% dos ovários classe II e IV foram classificados adequadamente a partir das características significativas. Os valores médios nas classes ovarianas II e IV foram: %GI-II ($9,2 \pm 0,9$ e $30,5 \pm 13,3$), CCOsMed ($8,7 \pm 1,8$ e $6,6 \pm 1,0$) e CFA ($24,4 \pm 4,0$ e $30,07 \pm 1,8$). Indicando que os ovários sem estruturas lúteas forneceram melhor qualidade ovocitária apesar de menor número de CCOs. Estas características foram independentes da CFA das classes. Assim, é possível discriminar características de qualidade

ovocitária (%GI-II, CCOsMed e CFA) a partir da morfologia ovariana, especificamente nas classes ovarianas II e IV.

Palavras-chave: análise discriminante, bovinos, competência ovocitária, melhoramento genético, PIVE



EFEITO DA HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES GENÉTICAS PARA CARACTERÍSTICAS DA CURVA DE CRESCIMENTO DE BOVINOS SANTA GERTRUDIS

VITORETI, L.B.L.¹; ENGELS, A.C.B.²; SILVA, M. L. C.³; FARIA, L. O.⁴; MATTOS, E. C.⁵; ELER, J. P.⁶;
TARÔCO, G.⁷; GAYA, L.G.⁸

1Graduanda em Zootecnia, Departamento de zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei, email: larissavitoreti@yahoo.com.br
2Graduanda em Zootecnia, Departamento de zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei;
3Graduando em Zootecnia, Departamento de zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei; 4Graduanda em Zootecnia,
Departamento de zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei; 5Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade de
São Paulo;
6Professor Titular, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo; 7Doutora em Zootecnia, Universidade
Federal de Lavras;
8Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei

O estudo dos parâmetros genéticos, como herdabilidade e correlações genéticas, para características de crescimento na raça Santa Gertrudis é essencial para direcionar programas de melhoramento em bovinos de corte. Este estudo analisou 37.917 animais, sendo o arquivo de pedigree composto de 12.683 bovinos. A curva de crescimento foi ajustada pelo modelo de Gompertz, cujos parâmetros - peso assintótico (A), taxa de crescimento assintótico (TCA), velocidade de crescimento (k) e ponto de inflexão (IPT) - permitem interpretação biológica, indicando o potencial de desenvolvimento corporal dos animais. A média do peso assintótico foi de 356,91 kg, sendo observada uma velocidade de crescimento de 0,007, com taxa de crescimento de 0,559 g/dia e 115 dias como ponto de inflexão. O modelo animal incluiu os efeitos sistemáticos classe de idade da mãe e regime alimentar aos 12 e 18 meses, assumindo-se o nível de significância estatística de 5%, e como efeito aleatório, o efeito genético aditivo do animal, sendo as variâncias estimadas via inferência Bayesiana, com critério de convergência em 1.000.000 ciclos e 2.000 ciclos de período de *burn-in*, considerando um intervalo de amostragem de 100 ciclos, para assegurar a independência das amostras e intervalo HPD de 95%. Os coeficientes de herdabilidade estimados (e seus respectivos intervalos de credibilidade) para os parâmetros A e TCA foram de, respectivamente, 0,15 (0,03-0,31) e 0,27 (0,17-0,41). Já para k e IPT os coeficientes herdabilidade foram de 0,20 (0,17-0,23) e 0,17 (0,04-0,33). A correlação genética entre as variáveis TCA e k foi de 0,22 (0,11-0,33), indicando que a seleção de uma característica melhorará a outra, não sendo necessário dar ênfase à seleção das duas características. A correlação genética entre A e IPT foi de 0,46 (-0,05-0,88), e entre TCA e IPT foi de -0,32 (-0,77-0,10). No entanto, o ganho genético pode ser limitado em A e IPT, devido à forte influência ambiental e genética não-aditiva, impactando o potencial para peso final. As herdabilidades moderadas de TCA e k indicam que essas variáveis possuem potencial significativo para seleção indireta, visto que a seleção para TCA, que representa o ganho médio diário, também impulsiona a velocidade de crescimento dos animais, dada a correlação genética positiva entre elas. A correlação genética negativa observada entre IPT e TCA (-0,50) e o intervalo de credibilidade (-0,05-0,88) sugerem que a seleção para menores valores de IPT resultaria em animais mais precoces, o que é desejável na pecuária de corte. Para

o produtor, isso significa maior eficiência na produção de bovinos com melhor taxa de crescimento, permitindo a obtenção de animais que atingem o peso de abate mais rapidamente, reduzindo o tempo de permanência no pasto. A inclusão desses parâmetros nas estratégias de seleção pode acelerar o progresso genético e aumentar a eficiência na criação de bovinos Santa Gertrudis no Brasil, tornando a produção mais competitiva e sustentável.

Palavras-chave: bovinocultura, melhoramento genético, taxa de crescimento, modelos não lineares, peso assintótico



EFEITO DO NÍVEL DE ENDOGAMIA SOBRE A PRODUÇÃO DE CASEÍNA DO LEITE EM VACAS HOLANDESAS

FARIA, L.O.¹; LATINI, P.E.²; VITORETI, L.B.L.³; SILVA, M.L.C.³; CARRARA, E.R.⁴; SANTOS, M.F.⁵; MOURÃO, G.B.⁶; GAYA, L.G.⁷

¹Graduanda em Zootecnia, Curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei, email: luanaolifaria@gmail.com;

²Bacharel em Zootecnia, Curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei;

³Graduando em Zootecnia, Curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei;

⁴Postdoctoral Associate, The University of Georgia;

⁵Graduanda em Agronomia, Curso de Agronomia, Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz;

⁶Professor Associado, Departamento de Zootecnia, Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz;

⁷Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei.

Na raça Holandesa, os acasalamentos endogâmicos são geralmente utilizados para fixar características desejáveis. Contudo, níveis elevados de endogamia podem impactar negativamente em características produtivas, devido à depressão endogâmica, levando a redução do valor fenotípico de características quantitativas. A caseína, uma proteína de alto valor biológico, é essencial para a qualidade do leite e derivados lácteos. Objetivou-se avaliar a relação entre o coeficiente de endogamia e o teor de caseína do leite de vacas holandesas criadas no Brasil. Os dados foram disponibilizados pelo Grupo de Estudos em Melhoramento Animal da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, da Universidade de São Paulo e processados no Laboratório de Melhoramento Animal do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de São João del-Rei. A base de dados continha 127 mil registros, sendo: identificação, idade, fazenda, data de coleta, data de análise, ordem de lactação (OL), dias em lactação (DEL) e o teor de caseína no leite. As informações foram coletadas no período de 2012 a 2016, oriundas de quatro fazendas dos Estados de São Paulo e Paraná. O arquivo de *pedigree* continha 17 mil animais. Após análise de consistência, permaneceram 16.625 animais na base de dados, tendo sido excluídos aqueles que apresentaram coeficientes de endogamia igual a zero. Foram estabelecidos limites biológicos para OL (1 a 8), DEL (7 a 305 dias), teor de caseína (1,35 a 6,02%) utilizando o gráfico tipo *boxplot*, excluindo-se os animais com valores fora desses intervalos. As médias para OL, DEL e teor de caseína foram de 2,02, 151,67 dias e 2,42%, respectivamente. Para predizer os valores genéticos dos animais, utilizou-se o modelo animal sob o método da máxima verossimilhança restrita, considerando como efeitos fixos OL e fazenda (testados pelo método dos modelos lineares gerais, a 5% de significância estatística) e, como efeitos aleatórios, o efeito genético aditivo direto e o efeito de ambiente permanente individual. DEL e idade foram incluídos como covariáveis. Foram realizadas análises de regressão lineares entre fenótipo e coeficiente de endogamia individual, e entre valor genético aditivo direto e endogamia individual, também assumindo-se também 5% de significância. O valor genético aditivo direto médio da caseína na população foi de 0,0077 g, enquanto a média do coeficiente de endogamia foi de -2,43%. Não houve significância ($p > 0,05$) para a relação entre os fenótipos do teor caseína e o coeficiente de endogamia. Entretanto, a cada incremento de 1% no coeficiente de endogamia, o valor genético aditivo direto da caseína foi reduzido em -0,014% ($p < 0,05$) na população.

Conclui-se que o controle do nível de endogamia é essencial para evitar a redução do teor de caseína no leite de vacas holandesas, sendo recomendada a adoção de estratégias de acasalamento que minimizem esse impacto negativo.

Palavras-chave: fenótipo, herdabilidade, seleção, valor genético

Agradecimentos: FAPESP e CNPq



EFEITOS AMBIENTAIS QUE INFLUENCIAM AS CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO E QUALIDADE DE LÃ EM OVINOS DA RAÇA CORRIEDALE

LONGO, R.¹; CIAPPESONI, G. ²; TEIXEIRA, R. A.³; DIAS, L.T. ³

¹Mestranda em Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba-PR, Brasil, email: rafaelalongo@ufpr.br;

²Pesquisador do Instituto Nacional de Pesquisa Agropecuária (INIA), Las Brujas, Canelones, Uruguai; ³Professor do Depto de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba-PR, Brasil.

A identificação de animais geneticamente superiores para produção de lã é complexa, pois as características de interesse econômico, entre as quais, **Peso de Velo Sujo** (PVS, em kg), **Diâmetro de Fibra** (DF, em micras), **Comprimento de Mecha** (CM, em cm), em geral, podem sofrer grande influência de fatores não genéticos, denominados, efeitos ambientais. Portanto, o objetivo deste estudo foi identificar os efeitos ambientais que influenciam o PVS, DF, CM e **Peso Corporal à Tosquia** (PCT, em kg), em ovinos da raça Corriedale, avaliados no Uruguai. Para tanto, foram utilizados dados de desempenho de 1.294 animais, nascidos entre os anos 2014 e 2022, com, aproximadamente, um ano de idade (262 a 440 dias), pertencentes ao rebanho do Instituto Nacional de Pesquisa Agropecuária (INIA) do Uruguai. O modelo geral utilizado foi o seguinte: $Y_{ijklmn} = \mu + ANON_i + ESTN_j + SEXO_k + TIPON_l + PCT_m + ITOS_n + ITOS_n^2 + \epsilon_{ijklmn}$; Em que: Y_{ijklmn} = observação da característica estudada (PVS, DF, CM ou PCT); μ = média da população para a característica estudada; $ANON_i$ = efeito do $i^{ésimo}$ ano de nascimento (2014 a 2022); $ESTN_j$ = efeito da $j^{ésima}$ estação de nascimento (inverno ou primavera); $SEXO_k$ = efeito do $k^{ésimo}$ sexo (macho ou fêmea); $TIPON_l$ = efeito do $l^{ésimo}$ tipo de nascimento (simples ou gemelar); PCT_m = efeito linear do peso à tosquia (kg), exceto quando peso à tosquia foi a variável dependente; $ITOS_n$ e $ITOS_n^2$ = efeito linear e quadrático da idade à tosquia; e ϵ_{ijklmn} = erro aleatório associado a cada observação. A edição dos dados e as análises estatísticas foram realizadas utilizando-se os pacotes *SmartEDA* e *glmulti* do programa R 4.4.1 (R Core Team, 2024). As variáveis $ANON_i$, $TIPON_l$ e PCT_m foram significativos ($P < 0,01$) para PVS ($R^2 = 0,82$), DF ($R^2 = 0,34$), CM ($R^2 = 0,65$) e PCT (exceto PCT_m ; $R^2 = 0,52$). Os efeitos de $ESTN_j$ e $ITOS_n$ foram significativos ($P < 0,05$) apenas para PVS e PCT. Já os efeitos de $SEXO_k$ e $ITOS_n$ foram estatisticamente significativos ($P < 0,01$) para PVS, CM e PCT. Portanto, conclui-se que os efeitos ambientais de sexo, ano, estação e tipo de nascimento, além dos efeitos linear de peso à tosquia e linear e quadrático de idade à tosquia, devem ser considerados no modelo para estimar parâmetros genéticos para a característica Peso de Velo Sujo. Para Diâmetro de Fibra, no modelo inclui-se os efeitos de ano e tipo de nascimento e efeito linear de peso corporal à tosquia. Para Comprimento de Mecha, efeitos ambientais de ano e tipo de nascimento, sexo, os efeitos lineares de peso corporal e de idade à tosquia devem ser considerados no modelo. Já, para se estimar parâmetros genéticos para o peso corporal à tosquia, deve-se incluir no modelo os efeitos de ano, estação e tipo de nascimento, além de sexo e dos efeitos linear e quadrático de idade à tosquia.

Palavras-chave: qualidade de lã, produção de lã, efeitos não genéticos, peso à tosquia.



EFEITOS AMBIENTAIS SOBRE CARACTERÍSTICAS AVALIADAS POR ESCORES VISUAIS À DESMAMA EM BOVINOS NELORE

PEDRO, A.E.¹; ARIKAWA, L.M.²; VELOSO, L.G.V.³; FILHO, W.K.³; TEIXEIRA, R.A.⁴; DIAS, L.T.⁴

¹Doutoranda em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR, Bolsista CAPES, email: ariane.enara@ufpr.br;

²Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" UNESP/Jaboticabal;

³BrazilcomZ- Zootecnia Tropical LTDA;

⁴Professor do Departamento de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba-PR.

As avaliações de escores visuais em bovinos de corte auxiliam na identificação de animais com biótipos ideais para a atividade econômica para qual serão destinados. Para avaliar adequadamente o desempenho dos animais é essencial conhecer os fatores ambientais, isto é, não genéticos, além dos genéticos que influenciam a expressão do fenótipo. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estudar os efeitos de ano de nascimento, mês da desmama, sexo, idade e peso à desmama sobre as características E (estrutura), P (precocidade), M (musculatura), U (umbigo), R (raciais), A (aprumos) e S (sexuais) em bovinos Nelore. Para isso, foram utilizados dados de 989 bovinos da raça Nelore nascidos nos anos de 2022 e 2023, todos desmamados em 2023, pertencentes à Fazenda Nelore Jandaia, localizada em Santa Vitória – MG. Os escores visuais foram avaliados na fazenda por um técnico treinado e, posteriormente, analisados separadamente, pelo método dos quadrados mínimos, empregando o procedimento de GLM do *software* estatístico R (R versão 4.2.0). O modelo utilizado pode ser representado por $y_{ijklm} = \mu + \text{Ano}_i + \text{Sexo}_j + \text{Mesdes}_{sk} + \text{Iddesm}_l + \text{PesoDes}_m + \epsilon_{ijklm}$, em que: y_{ijklm} = valor observado da variável dependente (E, P, M, U, R, A ou S); μ = média da população para cada variável estudada, Ano_i = efeito do ano de nascimento i (2022 ou 2023), Sexo_j = efeito de sexo j (macho ou fêmea); Mesdes_{sk} = efeito do $k^{\text{ésimo}}$ mês de desmame (julho ou agosto); Iddesm_l = efeito linear da Idade à desmama (em dias); PesoDes_m = efeito linear do peso à desmama (em kg) e ϵ = erro aleatório associado a cada observação. Para as características E, P e M, os efeitos de mês de desmama, idade e peso à desmama foram estatisticamente significativos, e os modelos apresentaram coeficiente de determinação (R^2) de 0,65, 0,63 e 0,63, respectivamente. Para as características de U e R, as variáveis de ano de nascimento e linear de peso à desmama foram estatisticamente significativas, porém os coeficientes de determinação (R^2) foram baixos, de 0,09 e 0,07, respectivamente. Por fim, para as características de A e S, os efeitos de sexo, mês de desmama e linear peso à desmama foram significativos e os modelos apresentaram R^2 de 0,15. Conclui-se, portanto, que, para evitar viés na estimação de parâmetros genéticos para as características EPMURAS avaliadas à desmama, deve-se considerar no modelo o efeito linear de peso à desmama para todas as características, o efeito linear de idade à desmama para EPM, o efeito de ano de nascimento para U e R, o mês de desmama para EPM e S e o efeito de sexo para A e S.

Palavras-chaves: critérios de seleção, efeitos não genéticos, gado de corte.



EPMURAS COMO CRITÉRIOS DE SELEÇÃO PARA BOVINOS DA RAÇA NELORE

PEDRO, A.E.¹; ARIKAWA, L.M.²; VELOSO, L.G.V.³; FILHO, W.K.³; TEIXEIRA⁴, R.A., DIAS, L.T.⁴

¹Doutoranda em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR, Bolsista CAPES, email: ariane.enara@ufpr.br;

²Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" UNESP/Jaboticabal;

³BrazilcomZ- Zootecnia Tropical LTDA;

⁴Professor do Departamento de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPR, Curitiba-PR.

A seleção de animais para características morfológicas tem contribuído para a eficiência econômica da bovinocultura de corte, uma vez que as avaliações visuais vêm sendo utilizadas em programas de melhoramento genético para identificar os animais mais adequados ao sistema produtivo ao qual estão inseridos, otimizando o desempenho dos rebanhos e, conseqüentemente, garantindo maior retorno econômico (Faria et al., 2009). O conjunto de características denominado EPMURAS tem sido avaliado há alguns anos com o objetivo de identificar os reprodutores mais adequados à atividade. As características Estrutura (E), Precocidade (P) e Musculatura (M) permitem descrever melhor o peso corporal dos bovinos de corte e, dessa forma, a seleção de biotipos mais adequados é realizada de forma eficiente. As características Raciais (R) refletem a adaptabilidade e rusticidade, além do padrão racial. Os escores de aprumos (A) avaliam a saúde locomotora, que impactará na longevidade e no desempenho e produtividade, dado que animais com problemas de aprumos estão menos aptos a manter um bom desempenho em ganho de peso, eficiência alimentar e reprodução, comprometendo a produtividade. Já, as características sexuais (S) representam o potencial reprodutivo dos animais. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi estimar o coeficiente de herdabilidade para características avaliadas por escores visuais (E: estrutura, P: precocidade, M: musculatura, U: umbigo, R: racial, A: aprumo, e S: sexual) à desmama em bovinos Nelore. Foram utilizados dados de 987 bezerros nascidos em 2022 e 2023, todos desmamados em 2023, pertencentes a fazenda Nelore Jandaia, localizada em Santa Vitória - MG. Todas as características foram avaliadas por um avaliador devidamente treinado para o momento da desmama. Foram eliminadas todas as informações de animais sem registro de EPMURAS a desmama, grupos contemporâneos (ano de nascimento, mês de desmama e sexo) com menos de cinco observações e animais com peso menor do que 100kg e maior do que 350kg. No modelo animal usado para análise genética foram considerados os efeitos de grupo contemporâneo, como fixo, os efeitos lineares da idade e do peso à desmama, como covariáveis, e os efeitos genéticos aditivo direto e residual, como aleatórios. Os coeficientes de herdabilidade foram estimados por inferência bayesiana por meio do software GIBBSF90+ (Miszta et al., 2022). As estimativas de herdabilidade para EPMURAS variam de baixa a moderada magnitude e foram, respectivamente, $0,30 \pm 0,11$; $0,15 \pm 0,06$; $0,22 \pm 0,08$; $0,33 \pm 0,12$; $0,18 \pm 0,12$, $0,11 \pm 0,06$ e $0,02 \pm 0,01$. É possível obter rápido progresso genético para as características Estrutura, Musculatura e Umbigo à desmama por meio de seleção direta. Porém, a resposta à seleção tradicional para Precocidade, Raciais, Aprumo e Sexuais, provavelmente,

será mais lenta.

Palavras-Chaves: bovinos de corte, critérios de seleção, escores visuais, herdabilidade.



ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESO AJUSTADO AOS 210 DIAS DE IDADE E IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM NOVILHAS GUZERÁ

GABIATI, E.^{1*}; TEODORO², M.; TEMP, L.B.³; PAZ, A.C.A.R.⁴; SILVA, R.T.²; BRAGA, L.G.⁴; OLIVEIRA, A.C.J.⁴; GUBIANI, G.³; BALDI, F.⁵; RAMOS, S.B.⁶; MUNARI, D.P.⁶

¹Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal, *e-mail: e.gabiati@unesp.br;

²Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

³Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

⁴Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

⁵Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

⁶Professor Adjunto, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal.

A raça Guzerá, originária da Índia, possui grande importância em programas de melhoramento genético, destacando-se pela dupla aptidão em produzir leite e carne, quanto pela sua adaptação às condições tropicais. Características como peso a desmama ajustado aos 210 dias (P210) e a idade ao primeiro parto (IPP) são essenciais para melhorar a eficiência produtiva, promovendo a seleção de animais para maior ganho de peso e melhor desempenho reprodutivo. Este estudo teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos de herdabilidade (h^2) e correlação genética (r_g) para P210 e IPP. Foram utilizados para esta análise registros fenotípicos de 11.833 novilhas da raça Guzerá, fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). A definição do grupo de contemporâneos (GC) foi formado pela concatenação dos efeitos de fazenda, sexo, ano de nascimento e grupo de manejo. Foram removidos GC com menos de três animais e desvio padrão superior a ± 3.5 da média dos GC. A estrutura do pedigree foi composta por 80.634 animais, sendo 1.927 touros e 11.063 matrizes, considerando a profundidade de 3 gerações. O GC foi considerado como efeito fixo e os efeitos genético aditivo direto e materno como efeitos aleatórios. Os dados passaram pela análise de distribuição de resíduos e homoscedasticidade. A estimação dos componentes de (co)variâncias, h^2 e r_g foram realizadas utilizando o programa GIBBSf90+. As cadeias de convergência foram avaliadas em testes visuais com pacote Coda no RStudio. A população em estudo apresentou h^2 direta de 0,05 para IPP e 0,19 para P210. A h^2 materna para P210 foi de 0,07 e a proporção do efeito de ambiente permanente materno (c^2) foi de 0,08. A r_g entre as características de IPP e P210 foi de -0,42. Os resultados mostram que, para ambas as características, as herdabilidades foram baixas, ou seja, o ambiente desempenha papel significativo na variância destas características e a resposta à seleção pode ser limitada. Contudo, a correlação negativa e moderada entre as características estudadas sugere a possibilidade de selecionar indiretamente IPP ao selecionar P210. Em outras palavras a seleção dos animais com base em P210, resulta em IPP menor, o que pode melhorar os índices produtivos e econômicos do rebanho Guzerá.

Palavras-chave: bovinos, correlação genética, herdabilidade.



ESTIMATIVA DA HERDABILIDADE DO BHBA EM VACAS HOLANDESAS

RIBEIRO, A.G.¹; LADEIRA, G.C.²; PINEDO, P.J.³; SANTOS, J.E.P.⁴; THATCHER, W.W.⁴; REZENDE, F.M.⁴

¹Mestranda em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR, email:amelia.goncalvesribeiro@ufpr.br;

²Doutorando, Department of Animal Sciences, University of Florida;

³Professor, Department of Animal Sciences, Colorado State University;

⁴Professor, Department of Animal Sciences, University of Florida.

A concentração de β -hidroxibutirato (BHBA) no plasma sanguíneo de vacas leiteiras é um importante indicador da saúde metabólica no início da lactação, devido à sua alta associação com a ocorrência de cetose. Vacas que sofrem desse distúrbio metabólico podem apresentar redução significativa na produção de leite e queda na fertilidade, gerando prejuízos financeiros para as propriedades leiteiras. A seleção genética de animais com menor propensão a altos níveis deste corpo cetônico são uma alternativa para a redução da incidência de cetose nos rebanhos de alta produção. O objetivo deste estudo foi estimar a herdabilidade para a concentração do BHBA no sangue de vacas Holandesas mensurado no início da lactação. Foram utilizados dados de 3.862 primíparas e 6.856 multíparas provenientes de 16 rebanhos localizados em 7 estados dos Estados Unidos avaliadas entre os anos de 2012 e 2014 em estudo prévio (USDA número do projeto: COL0-2016-05618). As análises para definição dos modelos estatísticos foram realizadas no software RStudio (versão R 4.4.1). A normalização dos dados foi feita utilizando a função *boxcox*, e o melhor modelo linear para cada categoria de fêmea foi definido pela função *stepAIC* do pacote MASS. Para as primíparas foram incluídos no modelo animal os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (CG) e escore de condição corporal no início da lactação (BCS0), variando de 2 a 5 pontos, e dias em lactação (DIMBHBA), variando de 3 a 13 dias, como covariável. O modelo para multíparas incluiu os mesmos efeitos, mas com DIMBHBA variando de 3 a 14 dias, além da ordem de lactação (Lact), considerando vacas da segunda à nona lactação, como efeito fixo. As análises uni variadas para a obtenção das estimativas de variância e do coeficiente de herdabilidade para BHBA foram realizadas utilizando o pacote *aireml* do programa BLUPF90+. A herdabilidade estimada foi de 0,10 (\pm 0,03) para primíparas e de 0,20 (\pm 0,05) para multíparas, indicando a existência de influência genética na cetose em vacas Holandesas. Embora as estimativas de herdabilidade sejam de baixa magnitude, a seleção genética baseada nesta característica pode, a longo prazo, contribuir para a redução da ocorrência de cetose nos rebanhos leiteiros, especialmente com a incorporação de informação genômica.

Palavras-chave: BHBA, cetose, corpos cetônicos, metabolismo energético, seleção genética



ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE CARÇAÇA MEDIDAS POR ULTRASSONOGRRAFIA EM BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ

REIS, H.B.¹; MEDEIROS, G.C.²; OLIVEIRA, E.C.M.³; REY, F.S.B.⁴; FERRAZ, J.B.⁵

¹Doutorando em Biociência Animal, Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, email: hugoreis@usp.br;

²Doutorando em Biociência Animal, Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo;

³Técnica de Informática, Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo;

⁴Professor Doutor, Departamento de Zootecnia da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária da Universidade Estadual Paulista; ⁵Professor Titular, Departamento Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo.

Com o aumento iminente da população mundial a necessidade de produção de um maior volume de alimentos de forma sustentável se torna fundamental, dessa forma a seleção genômica para características de carcaça visando um maior rendimento produtivo tornam-se alternativas essenciais para o avanço da pecuária nacional. O objetivo deste trabalho é prever os valores genéticos de características de qualidade de carcaça de bovinos da raça Guzerá, com base em dados coletados por ultrassonografia. Foram avaliados 2.729 animais entre machos e fêmeas com média de 532 dias de idade para característica de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS). Contamos com aproximadamente 5.487 animais no pedigree e 1.891 animais genotipados. Os dados foram coletados na Fazenda Perfeita União (Pirajuí-SP), através de imagens geradas por ultrassonografia em tempo real. A estimação dos componentes de variância das características AOL e EGS, foram avaliadas sob um linear convencional, que pode ser resumido em: $k = Xj + Zu + e$. A estimativa de herdabilidade (h^2), para AOL e EGS foram $0,24 \pm 0,05$ e $0,17 \pm 0,04$ respectivamente. Os valores obtidos são considerados por muitos autores como medianos, e estão em conformidade com outros trabalhos de mesma abordagem e mesmas características para animais zebuínos como o Guzerá. Isto pode ser explicado pela diferença nas linhagens populacionais de Guzerá presentes no Brasil, pela consistência do pedigree ou mesmo pelo fato do número reduzido de animais utilizados neste estudo. A variância genética aditiva (σ^2g) e variância residual (σ^2e) para AOL foram respectivamente de 49,01 e 15,59. Para EGS a σ^2g e σ^2e se apresentaram como 0,43 e 2,07 respectivamente. Os resultados obtidos para AOL, nos mostram uma forte influência genética para a característica e uma influência relativamente menor do meio ambiente, demonstrando que a seleção genética pode ser eficaz para melhorar esta característica. Em contra partida os resultados de EGS não foram tão favoráveis à genética com um valor de σ^2e um pouco mais elevado, demonstrando que o ambiente exerce uma influencia grande nesta característica em questão. Conclui-se que a AOL possui maior potencial de melhoramento genético, devido à sua herdabilidade moderada e forte influência genética. Já EGS apresentou maior influência ambiental, sugerindo a necessidade de considerar fatores de manejo para seu melhoramento.

Palavras-chave: bovinocultura, genômica, melhoramento, produtividade, sustentabilidade



ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE PERDA GESTACIONAL EM NOVILHAS COM CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA NA RAÇA NELORE

BIS, F.C.¹; PEREIRA, L. S.²; FERRAZ, J.B.S.³; BALDI, F.⁴

¹Doutoranda em Biociência Animal, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, email: flavia.bis@usp.br; ²Analista Sênior, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores;

³Professor Titular, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo; ⁴Professor Doutor, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

As perdas gestacionais afetam a produção de bezerros e a eficiência econômica em bovinos de corte. Em raças zebuínas, a compreensão do ponto de vista genético é limitada. O objetivo foi estimar parâmetros genéticos da perda gestacional em novilhas Nelore e suas associações com características de reprodução, crescimento, eficiência alimentar e carcaça. O banco de dados foi formado por 23507 novilhas Nelore com diagnóstico de prenhez, sendo 17052 genotipadas do programa de melhoramento da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, Ribeirão Preto, Brasil). Para a estimação dos parâmetros genéticos e componentes de variância foi usado um modelo animal bicaracterístico limiar-limiar de perda gestacional com probabilidade de parição precoce aos 30 meses de idade (PP30; N=127420) e stayability (STAY; N=50051), e um modelo animal bicaracterístico limiar-linear de perda gestacional com idade ao primeiro parto (IPP; N=148770), peso ajustado aos 240 (P240; N=111727) e 455 dias (P455, N=127232), circunferência escrotal ajustado aos 365 dias (C365; N=47208), ingestão de matéria seca (IMS; N=20514), consumo alimentar residual (CAR; N=20972), área de olho de lombo (AOL; N=144458), espessura de gordura na picanha (EGP8, N=143868) e marmoreio (MAR; N=44391). Para todas as características, a metodologia ssGBLUP foi utilizada. A análise bicaracterística foi realizada através de inferência bayesiana por meio do algoritmo de amostragem de Gibbs, implementado no software GIBBSF90+. Cadeias de Gibbs com 500000 de iterações foram geradas, com um descarte inicial de 0 iterações e um intervalo de amostragem de 100 ciclos. As médias posteriores para os componentes de covariância foram calculadas usando 4000 amostras; a herdabilidade (h^2) e as correlações genéticas foram calculadas em cada iteração, e, posteriormente, a média das amostras foi estimada. A h^2 estimada para perda gestacional foi baixa (0,03) demonstrando que a característica possui alta influência ambiental. A estimativa de h^2 para PP30, STAY, IPP, PAC, C365, P240, P455, AOL, EGP8, MAR, CAR e IMS foram de 0,19; 0,18; 0,07; 0,11; 0,42; 0,25; 0,38; 0,37; 0,33; 0,36; 0,35 e 0,54, respectivamente. As correlações genéticas entre a perda gestacional e características reprodutivas (PP30, STAY, IPP, PAC e C365) foram -0,78; 0,27; 0,93; -0,13; -0,21. Para crescimento (P240 e P455), carcaça (AOL, EGP8 e MAR) e eficiência alimentar (CAR e IMS), as correlações foram 0,005; -0,13; -0,15; -0,09; -0,06; -0,43 e 0,06. As correlações genéticas das características indicadoras de precocidade sexual de fêmeas (PP30) e machos (C365) foram favoráveis, demonstrando que a seleção para essas características deve reduzir a perda gestacional, enquanto a seleção para características de crescimento e de carcaça

não devem interferir na perda gestacional por apresentaram baixa correlação. CAR apresentou correlação genética desfavorável e moderada, indicando que animais mais eficientes podem apresentar maior perda gestacional.

Palavras-chave: *Bos indicus*, fêmeas, parâmetro genético



ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE PARA CARACTERÍSTICAS DE CONFORMAÇÃO CORPORAL E IDADE AO PRIMEIRO PARTO NA RAÇA GIR LEITEIRO

FARIA, L.O.¹; MENDES, E.²; SILVA, M.L.C.³; VITORETI, L.B.L.³; OLIVEIRA, M.H.V.⁴; SILVA, J.A.V.⁵; CASTÃO, P.D.⁶; GAYA, L.G.⁷

¹Graduanda em Zootecnia, Curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei, email: luanaolifaria@gmail.com; ²Bacharel em Zootecnia, Curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei;

³Graduando em Zootecnia, Curso de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei;

⁴Doutor em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”;

⁵Professor Adjunto, Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”; ⁶Professor Integral, Fundación Universitaria Agraria de Colombia;

⁷Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del Rei.

Características de conformação, como altura de garupa e perímetro torácico podem estar relacionadas ao potencial produtivo em bovinos leiteiros, enquanto a idade ao primeiro parto é capaz de influenciar a eficiência reprodutiva, e consequentemente, o intervalo de gerações. Portanto, compreender a variação genética dessas características é fundamental para estabelecer estratégias de seleção e promover o progresso genético na produção leiteira na raça Gir. Objetivou-se estimar as herdabilidades para altura de garupa (AG), perímetro torácico (PT) e idade ao primeiro parto (IPP) em bovinos da raça Gir leiteiro. O banco de dados utilizado foi disponibilizado pelo Centro de Inovação em Genético e Nutrição Animal da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” e processado no Laboratório de Melhoramento Animal da mesma Universidade. Foram utilizados dados de 2.742 fêmeas da raça Gir, nascidas entre 2001 e 2020, pertencentes a 11 fazendas localizadas no Brasil (Estados de Minas Gerais e São Paulo) e na Colômbia. IPP foi calculada pela diferença em meses entre a data de nascimento e a data do primeiro parto. AG foi medida com o uso de um hipômetro, enquanto PT foi registrada por meio de uma fita métrica. Tanto AG quanto PT foram registradas em animais após o primeiro parto. Os grupos de contemporâneos (GCs) foram compostos por ano, época de parto (período seco ou chuvoso) e fazenda, e analisados pelo método dos modelos lineares gerais a 5% de significância. O arquivo de *pedigree* incluiu três gerações, contendo 7.074 animais. Os componentes de (co) variância foram obtidos por meio de inferência Bayesiana. As análises consistiram em uma cadeia de 250.000 ciclos, com período de *burn-in* de 50.000 ciclos e intervalo de amostragem de 10 ciclos. O diagnóstico de convergência da cadeia gerada (20.000 amostras) pelo amostrador de Gibbs foi monitorado através de análise gráfica e pelos testes de Geweke e Raftery-Lewis. As médias encontradas para AG, PT e IPP, foram de 135,10 cm, 178,20 cm e 34,33 meses, respectivamente. As estimativas de herdabilidade e seus respectivos desvio-padrão foram de $0,32 \pm 0,15$, $0,60 \pm 0,18$ e $0,31 \pm 0,07$ para AG, PT e IPP, respectivamente. Isso indica que a variação genética aditiva direta contribuiu em 31% para a expressão de IPP, 33% para AG e 61% para PT, em relação à variância fenotípica dessas características. Os resultados indicaram herdabilidades variando de moderada a alta magnitude, sugerindo a possibilidade de progresso genético por

intermédio da seleção para essas características. Entretanto, a estimativa de herdabilidade para PT apresentou alto desvio-padrão, indicando um coeficiente de herdabilidade possivelmente reduzido, podendo impactar em futuros ganhos genéticos.

Palavras-chave: altura de garupa, bovinocultura leiteira, perímetro torácico, progresso genético, seleção



ESTUDO COMPARATIVO DE CARACTERÍSTICAS FENOTÍPICAS EM PORCAS GESTANTES DE DOIS GRUPOS GENÉTICOS: PIAU E COMERCIAL

MARTINS, T.F.¹; BARBOSA, L.M.²; GUIMARÃES, L.O.³; NEVES, M.M.⁴; SARAIVA, A.⁵; GUIMARÃES, J.D.⁶; SANTOS, M.G.¹; ROCHA, R.F.B.⁷; GUIMARÃES, S.E.F.⁵

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

²Doutora em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, ADM Brasil Ltda;

³Doutorando em Biologia Celular e Estrutural, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Viçosa;

⁴Docente, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

⁵Docente, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

⁶Docente, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa.

⁷Pós- Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A gestação provoca alterações físicas, metabólicas e hormonais fundamentais para o desenvolvimento embrionário e saúde reprodutiva da fêmea. A proliferação e a diferenciação celular pré-natal são cruciais para o crescimento muscular, variando ao longo das fases gestacionais e influenciando a sobrevivência fetal e a seleção das matrizes. Este estudo teve como objetivo comparar as características fenotípicas de fêmeas gestantes dos grupos genéticos (GG) Piau e Comercial (Large White x Pietrain x Duroc x Landrace), analisando como essas diferenças afetam o crescimento fetal e a sobrevivência embrionária. Foram analisadas 12 fêmeas suínas, igualmente distribuídas entre os GG, em duas idades gestacionais, 35 e 25 dias de gestação, correspondentes aos tratamentos T1 e T2. O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento de Suínos da Universidade Federal de Viçosa, onde as fêmeas foram inseminadas para a coleta de úteros, ovários e conceptos. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, avaliando características de peso ao abate (PA), peso uterino (PU), comprimento dos cornos uterinos direito e esquerdo (CCE, CCD), número de corpos lúteos (CLT), peso total dos ovários (PTO), número de conceptos (NC), número de conceptos viáveis (NCV), taxa de mortalidade (TM), peso dos fetos (PF) e comprimento craniocaudal dos fetos (CCF). As análises estatísticas foram realizadas no software R, aplicando ANOVA para detectar diferenças significativas entre os GG e os tratamentos. A normalidade dos resíduos foi verificada pelo teste de Shapiro-Wilk, e a homocedasticidade pelo teste de Levene. Para as variáveis que não atenderam às suposições da ANOVA, os dados foram transformados com logaritmo natural ou raiz quadrada, e para PF e CCF, foi aplicado o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis. Os resultados mostraram algumas diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os GG. No T1, as fêmeas Comerciais apresentaram desempenho reprodutivo e estrutural superior, evidenciado por variáveis como CCE, CLT, PTO, NC e NCV. Em contraste, as fêmeas Piau apresentaram maior desenvolvimento fetal em PF e CCF, sugerindo um crescimento inicial mais rápido. No T2, as Comerciais mantiveram seu desempenho superior, com diferenças significativas ($p < 0,05$) em PA, PU, NC e PTO, refletindo sua seleção para crescimento muscular e eficiência reprodutiva. Já a raça Piau continuou a apresentar crescimento fetal acelerado nas fases iniciais, enquanto as Comerciais, com desenvolvimento muscular mais tardio, atingem maior muscularidade no período pós-natal. Essas diferenças não apenas ressaltam as variações de desempenho entre os GG, mas

também evidenciam o potencial para otimizar a eficiência reprodutiva e a viabilidade econômica na suinocultura.

Palavras-chave: desenvolvimento fetal, reprodução, suinocultura.



ESTUDO DA VARIAÇÃO ENTRE FAMÍLIAS DO DIMORFISMO SEXUAL PARA PESO CORPORAL EM TILÁPIAS DO NILO

ITINOSE, D.A.¹; FIGUEIREDO, N.V.²; ZAMBRANO, L.A.C.³; BARRUETA, D.V.L.⁴; MACHADO, N.V.⁵; OLIVEIRA, C.A.L.⁶

¹Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, email: danielleaitinose@gmail.com; ²Mestre em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

³Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá; ⁴Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá; ⁵Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

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

O dimorfismo sexual pode ser definido como as diferenças morfofisiológicas entre machos e fêmeas. Em tilápias-do-Nilo, o dimorfismo sexual é observado na característica peso corporal, com vantagem para os machos. As diferenças entre os sexos de tilápias são exploradas a partir do cultivo monossexo, utilizando plantéis de machos obtidos por métodos químicos (hormônios masculinizantes) ou métodos físicos (temperatura de incubação). O índice de dimorfismo sexual está sendo utilizado para quantificar o grau de diferença entre machos e fêmeas em diferentes espécies e características. Diante disso, o cálculo do índice de dimorfismo sexual para famílias e o estudo da estrutura de variância desta variável pode ser uma alternativa que viabilize a seleção para redução do dimorfismo sexual em tilápias-do-Nilo, implementando linhagens genéticas que não necessitem de reversão sexual. Portanto, o objetivo do trabalho foi estimar a variância entre famílias do índice de dimorfismo sexual para peso corporal em tilápias-do-Nilo e quantificar a sua proporção na variância total ao longo das gerações de seleção do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual de Maringá (TILAMAX-UEM). Foram utilizados dados de peso corporal de 13 gerações do programa TILAMAX-UEM. O conjunto de dados continha informações de 780 famílias com quatro ou mais observações de peso corporal para machos e fêmeas. Foi calculado o índice de dimorfismo sexual para cada família em cada geração, conforme a equação proposta por Lovich & Gibbons (1992),

$SDI = \frac{\text{Média dos Machos}_i}{\text{Média das Fêmeas}_i}$. Em seguida, foram estimados os componentes de variância do índice

de dimorfismo sexual entre famílias para peso corporal a partir do software estatístico de análise genética BLUPF90. Além disso, o modelo considerou como efeitos fixos a geração e relação macho/fêmea, idade como covariável e família como efeito aleatório. Por fim, foi estimada a proporção da variância total explicada pelas diferenças entre famílias. Como resultado, foram observadas alterações no índice de dimorfismo sexual para peso corporal devido aos efeitos significativos de geração, idade e relação macho/fêmea. Ao longo das gerações de seleção, foi observado redução do índice de dimorfismo sexual. Adicionalmente, quanto mais velhos os animais, maior a diferença entre os sexos. Por fim, verificou-se que quanto maior a relação macho/fêmea, maior o dimorfismo sexual para peso corporal. A variância genética entre famílias, residual e total foi de 0,01655, 0,02725 e 0,0438, respectivamente. O valor estimado do efeito entre famílias foi 0,3779, demonstrando que 37,79%

da variância observada no índice de dimorfismo sexual para peso corporal foi atribuído às diferenças entre famílias. O valor do efeito entre famílias apresentou magnitude moderada a alta, sugerindo que a utilização do índice de dimorfismo sexual como critério de seleção possui potencial para ganhos genéticos e redução das diferenças entre os sexos de tilápias-do-Nilo.

Palavras-chave: características de interesse econômico, componentes de variância, piscicultura.



ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS GUZERÁ

GABIATI, E.^{1*}; TEODORO, M.²; TEMP, L. B.³; PAZ, A.C.A. R.⁴; SILVA, R.T.²; BRAGA, L.G.⁴; OLIVEIRA, A.C.J.⁴; GUBIANI, G.³; BALDI, F.⁵; RAMOS, S.B.⁶; MUNARI, D.P.⁶

¹Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal, *e-mail: e.gabiati@unesp.br;

²Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

³Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

⁴Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

⁵Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal;

⁶Professor Adjunto, Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal.

A raça Guzerá, introduzida no Brasil no final do século XIX, é reconhecida por sua adaptabilidade e produtividade em sistemas de dupla finalidade (leite e carne). Com o avanço tecnológico, o uso de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) e estudo de associação genômica ampla (GWAS) permitem correlacionar esses SNP com características de interesse econômico, acelerando o progresso genético. O objetivo deste trabalho foi identificar regiões do genoma bovino associados à característica idade ao primeiro parto (IPP) de bovinos da raça Guzerá. Foram utilizados 11.833 registros fenotípicos de IPP de fêmeas e, 1.474 registros genotípicos de animais da raça Guzerá fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Os animais foram genotipados com o chip GeneSeek® Genomic Profiler™ indicus, com 54K SNP. A definição do grupo de contemporâneos (GC) foi baseado na fazenda, sexo, ano de nascimento e grupo de manejo. Foram removidos GC com menos de três animais e desvio padrão superior a $\pm 3,5$ da média dos GC. Os controles de qualidades (QC) aplicados foram *call rate* < 0,90 para amostras e SNP, marcadores com conflitos mendelianos > 1%, com posição redundante, MAF < 0,05 e localizados em cromossomos não autossômicos. Após o QC 35.944 SNP permaneceram no banco de dados. A estrutura do pedigree foi composta por 80.634 animais. O GC foi considerado como efeito fixo e o efeito genético aditivo direto como efeito aleatório. As análises foram realizadas com os programas da família BLUPf90. Foi realizado o GWAS em passo único ponderado (WssGWAS) para obter os efeitos dos SNP com uma iteração. Foram consideradas janelas com 10 SNP adjacentes. Janelas que explicam mais de 0,5% da variância genética total. A anotação dos genes foi realizada com o Ensembl 113. Três regiões genômicas com variância explicada maior que 0,5% foram identificadas. A janela CHR20:27778071-27809586 possui um comprimento de 52.002 bp e explica 0,93% da variância. Outra região associada à mesma característica, CHR6: 37294843-37533544 possui comprimento de 18.392 bp e explica 0,51% da variância. A terceira região genômica significativa está localizada no CHR5:56.864.148-57.018.808, e tem um comprimento de 15.772 bp, e explica 0,50% da variância para a característica IPP. Dentro dessas janelas, foram

anotados 18 genes, sendo 12 no CHR5 (*RBMS2*, *GLS2*, *SPRYD4*, *P06624*, *ENSBTAG00000065195*, *TIMELESS*, *ENSBTAG00000055984*, *APOF*, *STAT2*, *IL23A*, *bta-mir-2432*, *PAN2*) e 6 genes no CHR6 (*FAM184B*, *DCAF16*, *ENSBTAG00000067415*, *NCAPG*, *G3N278*, *ENSBTAG00000052418*). Os resultados reforçam que essa característica é complexa e poligênica e contribui para aumentar o entendimento sobre a arquitetura genética da IPP de novilhas da raça Guzerá. Mais análises de enriquecimento funcional são necessárias para ampliar o conhecimento e entender as vias biológicas associadas com essa característica na raça Guzerá.

Palavras-chave: bovinos, marcadores moleculares, WssGWAS.



ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA QUALIDADE DA CARNE EM BOVINOS NELORE UTILIZANDO DADOS DE SEQUENCIAMENTO

NASNER, S.L.C.^{1*}, MOTA, L.F.M.², ARIKAWA, L.M.¹, ALBUQUERQUE, L.G.³

¹Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, email: sindy.caivio-nasner@unesp.br;

²Pós-doutorado em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

³Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista; Pesquisadora do CNPq

A busca por melhor qualidade da carne de bovinos Nelore tem se mostrado um desafio constante, principalmente devido às dificuldades e altos custos envolvidos nas medições de características essenciais, como maciez e marmoreio (MARM). Programas de melhoramento genético têm concentrado esforços em estratégias que proporcionem uma maior acurácia de seleção para características que afetam diretamente a maciez da carne, como o MARM e a força de cisalhamento (FC). Os estudos de associação genômica ampla (GWAS) se destacam como uma ferramenta eficiente para identificar genes associados a características de interesse econômico. A combinação de dados de sequenciamento completo do genoma (WGS) com GWAS tem proporcionado avanços significativos, aumentando a precisão e o poder de detecção de variantes e vias biológicas que influenciam essas características. Assim, o objetivo deste estudo foi identificar regiões genômicas afetando a variação genética para MARM e FC em Nelore, utilizando dados de WGS. Neste estudo, utilizou-se uma base de dados composta por 6.077 touros jovens fenotipados, nascidos entre 2008 e 2018. Um total de 152 touros Nelore foram sequenciados utilizando as plataformas Illumina HiSeq XTM Ten e NovaSeqTM. Após o controle de qualidade (QC) das sequências, conduzido com o software GATKv3.8, permaneceram um total de 35.753.707 SNPs. Além disso, 20.038 animais genotipados ou imputados para o chip HD 770k (5.408 machos jovens e 14.630 animais com acurácia do valor genético superior a 0,70), foram imputados para WGS considerando os 152 touros sequenciados como referência. Após o QC dos marcadores, realizado com o software QCF90 (MAF > 0,05, Call-rate > 0,95, HWE > 10⁻⁵), permaneceram 2.408.158 SNPs para as análises de GWAS. As 10 principais regiões genômicas explicaram cerca de 16,73% e 19,07% da variância para MARM e FC, respectivamente. Os genes candidatos como *RAB3D*, *CNN1*, *MYO7A* e *CAPN5* influenciaram a qualidade da carne. O gene *RAB3D* participa na via do metabolismo do triptofano influenciando características como o sabor e a qualidade da carne. O gene, *CNN1* codifica uma proteína que se liga à actina, desempenhando um papel essencial na organização do citoesqueleto, sendo fundamental para a diferenciação de adipócitos e, conseqüentemente, para o marmoreio da carne. O gene *CAPN5*, por sua vez, está associado à maciez da carne, por atuar na degradação proteica e a textura muscular. Esses genes estão envolvidos em processos biológicos, como o transporte intracelular mediado pelo citoesqueleto (GO:0030705) e a resposta a lipídios (GO:0033993), que regulam tanto a estrutura quanto a função celular. Em conjunto, esses genes e suas vias associadas têm o potencial de influenciar características de qualidade da carne, como a maciez, devido aos seus papéis na fisiologia muscular e na regulação metabólica. Palavras-chave: GWAS, Nelore, qualidade da carne, sequenciamento.

Financiador: FAPESP # 2017/10630-2; #2018/20026-8



EXPLORING THE USE OF RESIDUAL VARIANCE FOR UNIFORMITY ALONG OF GROWTH CURVE OF BODY WEIGHT IN MEAT QUAIL LINE

MACHADO, I.I.¹; SILVA, A.A.²; SILVA, M.R.G.³; REIS A.F.O.¹; D.B. MARQUES⁴; SILVA, D.A.⁴; VERONEZE, R.⁴

¹Undergraduate student in Animal Science, Universidade Federal de Viçosa

²Postdoctoral Research Associate in Animal Science, Universidade Federal de Viçosa

³PhD student in Animal Science, Purdue University

⁴Professor, Department of Animal Science, Universidade Federal de Viçosa.

Uniformity is an important issue in animal production, mainly due to the increased desire for a high-quality end product and the need to reach the standards required by industry. Since then, several studies have reported heritable variation in uniformity in different species. However, understanding how heritabilities for uniformity change over time can contribute to identifying which is the best moment for selection aiming for uniformity in the whole production period and in the industry. In addition, it is also important to understand the dynamics of phenotypic variation over time. Thus, we aimed to use random regression models (RRM) in the evaluation of uniformity in meat quail using Bayesian inference. A total of 49,096 records of body weight (BW), measured at 7, 14, 21, 28, 35, and 42 days (BW7, BW14, BW21, BW28, BW35, and BW42, respectively) from 8,695 birds UFV1 meat quail line were available for this study. A two-step genetic evaluation was used to investigate the effect of genetic variation on the residual variance of BW. In Step 1, we adjusted a single-trait RRM using Legendre Polynomials of fourth order assuming two classes of heterogeneous residual (1-21, and 21-42 days) for additive genetic, permanent environment, and systematic curves. In Step 2, the log-transformed squared estimated residuals were evaluated as a trait following the same criteria previously defined. The systematic effect included the systematic regression and the generation/hatch/sex in all analyses. The (co)variance components were estimated by Bayesian inference using the Gibbs sampler algorithm implemented in the gibbsf90+ program. In general, the heritability estimates for BW were moderate to high and ranged from 0.49 to 0.69. Their trajectory trended to increase until 35 days and then decrease in older ages. These results indicate that genetic progress can be achieved for these traits in a breeding program. However, the trajectory across ages of heritabilities for the residual part (h^2_v) were low and ranged from 0.000026 to 0.0015. The genetic coefficients of variation residual variance (GCV_E) were moderate to low and ranged from 0.05 to 0.30 along of growth curve. For BW7, BW14, BW21, BW28, BW35 and B42 these estimates and respective (credibility intervals) were 0.05 (0.03:0.06), 0.19 (0.16:0.23), 0.26 (0.22:0.31), 0.14 (0.1:0.19), 0.22 (0.17:0.27) and 0.29 (0.23:0.34), respectively. These results were consistent those reported for uniformity for body weight in different species. In conclusion, the uniformity of body weight could be improved by selecting for lower residual variance in meat quail, but the accuracy of selection may be low due to low heritability for uniformity.

Keywords: *Coturnix coturnix*, quail, residual heritability



FÊMEAS COM GESTAÇÕES CURTAS PRODUZEM FILHAS MAIS PRECOSES EM BOVINOS NELORE

MAGAÇO, F.S.¹; MIRANDA, C. F.²; ASSIS, C.S.³; LUCENA, L.O. ⁴; PEREIRA, I.G.⁵

¹Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Minas Gerais, email: fernandomagaco@ufmg.br; ²Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Minas Gerais;

³Doutora em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Minas Gerais;

⁴Graduanda em Medicina Veterinária, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Minas Gerais; ⁵Professor Titular, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Minas Gerais.

O período de gestação reflete o desenvolvimento fetal da concepção até o parto. Eventos que ocorrem durante esse intervalo podem impactar a saúde, eficiência reprodutiva e produtiva de fêmeas e suas progênes, com implicações econômicas nos sistemas de produção. Apesar da variação limitada, o período de gestação tem potencial para responder à seleção a longo prazo. Assim, entender a sua influência na expressão de outras características de interesse econômica é essencial em programas de seleção. Neste estudo, objetivou-se quantificar a variabilidade genética do período de gestação e sua relação com características indicadoras de precocidade sexual e longevidade em fêmeas Nelore. Foram avaliados o período de gestação como característica da vaca (PGV), idade ao primeiro parto (IPP), probabilidade de parto precoce aos 30 meses (PPP30) e *stayability* (STAY). A análise incluiu 117.503 registros de 45.111 vacas nascidas entre os anos 2003 a 2021. Os componentes de covariância foram estimados por inferência Bayesiana, com amostrador de Gibbs, utilizando uma cadeia de 500.000 iterações, com descarte inicial de 50.000 e amostragem a cada 50 iterações. Modelos linear de repetibilidade foram utilizados para PGV e de *threshold* para PPP30 e STAY em análises bicaracterísticas. A estimativa da herdabilidade para o PGV foi baixa 0,094 (0,084; 0,104), com repetibilidade de 0,123 (0,116; 0,130), indicando a existência de diferenças genéticas entre os animais que podem ser exploradas por meio da seleção, embora com efeitos menores ao longo das gerações. Entender a influência do PGV na expressão de outras características de interesse é essencial para evitar respostas correlacionadas desfavoráveis. As correlações fenotípicas do período de gestação com características de precocidade e longevidade foram próximas de zero, sugerindo que o PGV não é um bom indicador fenotípico dessas características. A correlação genética entre o PGV e IPP foi moderada 0,285 (0,243; 0,401), indicando que a seleção para gestações mais curtas pode reduzir a idade ao parto. Ou seja, vacas com gestações mais curtas produzem em média, progênes mais precoces. Como a seleção para menores períodos de gestação pode levar na redução do peso ao nascer e impactar no crescimento futuro dos produtos, portanto, é importante utilizar o PGV de forma estratégica de modo a evitar esses problemas. Por outro lado, as correlações genéticas entre PGV e PPP30 e STAY foram negativas e baixas [-0,126 (-0,259; -0,004) e -0,238 (-0,341; -0,141)], sugerindo que a seleção para o PGV não tem impactos significativos nessas características. Conclui-se que existe variabilidade genética para o período de gestação, o que permite sua utilização na seleção. Selecionar para gestações mais curtas pode ser benéfico para obtenção de fêmeas precoces, sem impactos significativos na longevidade.

Palavras-chave: bovino de corte, eficiência reprodutiva, período de gestação



FENOTIPAGEM AUTOMATIZADA DE CARACTERÍSTICAS DE ESTRESSE E APARÊNCIA PARA SELEÇÃO GENÉTICA NO PEIXE AMAZÔNICO *COLOSSOMA MACROPOMUM*

LEMOS, C.G.¹; GARCIA, B.F.²; FILHO, M.S.S.³; SHIOTSUKI, L.⁴; ROSA, G. J. M.⁵; HASHIMOTO D. T.⁶

¹Doutoranda em Aquicultura, Centro de Aquicultura da Unesp, Universidade Estadual Paulista, email: celma.lemos@unesp.br; ^{2,3,6}Centro de Aquicultura da Unesp, Universidade Estadual Paulista;

⁴Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, Departamento de Pesca e Aquicultura, Palmas, TO, Brasil; ⁵Departamento de Ciências Animais e Laticínios, Universidade de Wisconsin, Madison, WI 53706, EUA.

O tambaqui (*Colossoma macropomum*) apresenta um padrão de coloração caracterizado pelo contra-sombreamento, cuja intensidade pode ser influenciada por estresse, envolvendo mecanismos morfológicos e fisiológicos de mudança de cor. Este estudo investigou a relação entre estresse e variações na coloração da pele do tambaqui sob diferentes condições ambientais, além de desenvolver um sistema de visão computacional (CVS) para detecção automática da intensidade do contra-sombreamento, e estimar a variância genética aditiva dessa característica. Foram utilizadas imagens de tambaqui de duas populações: População A (N=1.280) para o treinamento do modelo e População B (N=2.500) tanto para o treinamento quanto para a estimativa de parâmetros genéticos. O mecanismo morfológico de mudança de cor foi avaliado ao transferir os peixes para tanques azuis de 2.000 L, observando-se mudanças no contra-sombreamento após 10 dias. Já as mudanças fisiológicas foram analisadas incubando-se escamas de peixe com α -MSH (α -Melanocyte-Stimulating Hormone) para verificar seu efeito na expansão dos melanóforos. O modelo CVS foi desenvolvido com DeepLab V3 usando ResNet-50, segmentando automaticamente a área de contra-sombreamento nas imagens. Três fenótipos de cor foram extraídos: porcentagem de pixels pretos (%PP), intensidade média de pixel (IMP) e número de pixels (NP) na área de contra-sombreamento. A estimativa das herdabilidades foram realizadas por meio de modelo animal univariado, e as correlações genéticas com modelo multivariado. Os resultados mostraram que o estresse ambiental aumentou significativamente a %PP, sugerindo intensificação do contra-sombreamento devido a mudanças morfológicas. As escamas expostas ao α -MSH apresentaram aumento de 80% nos melanóforos expandidos, indicando que esse hormônio está diretamente envolvido na dispersão do pigmento, resultando em uma coloração mais escura como resposta ao estresse fisiológico. O CVS demonstrou alta precisão, com uma Intersecção sobre União (IoU) de 88,2%, comprovando sua eficiência na fenotipagem em larga escala. As estimativas de herdabilidade para %PP, IMP e NP foram moderadas a altas: 0,456, 0,494 e 0,192, respectivamente. A correlação genética entre a intensidade do contra-sombreamento e as características de crescimento foi baixa, o que indica a viabilidade de selecionar o contra-sombreamento sem comprometer o crescimento dos peixes. Esses resultados sublinham a importância de considerar tanto os fatores genéticos quanto os ambientais ao utilizar o contra-sombreamento como um fenótipo em programas de melhoramento, com o objetivo de aprimorar características estéticas e de resistência ao estresse.

Palavras-chave: contra-sombreamento, sistema de visão computacional, tambaqui.



GENES PLEIOTRÓPICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS NELORE

TEODORO, M.¹, GUABIANI, G.², GUIDUGLI, L.³, GABIATI, E.², OLIVEIRA, E.S.², TEMP, L.B.², MAIORANO, A.M.⁴, MOTA, L.F.M.⁵, BALDI, F.⁶

¹Doutorando em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, email: miller.teodoro@unesp.br;

²Mestrando em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de São Paulo; ³Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de São Paulo;

⁴Professor Adjunto, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Uberlândia;

⁵Pós Doutorando em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista; ⁶Professor Adjunto, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de São Paulo.

A seleção de animais com base em características de eficiência alimentar tem impactado diretamente a produtividade, lucratividade e sustentabilidade da bovinocultura de corte. Devido à complexidade e ao alto custo de fenotipagem dessas características, entender sua base genética é fundamental para acelerar o ganho genético. Assim, este estudo teve como objetivo realizar uma análise multi-característica para identificar genes candidatos pleiotrópicos associados a características de eficiência alimentar em bovinos Nelore. Foram analisados 24.578 registros de consumo de matéria seca (CMS), consumo alimentar residual (CAR) e ganho de peso residual (GR), provenientes da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). O arquivo de pedigree incluiu 45.588 animais, abrangendo até três gerações, com 2.711 touros e 21.273 matrizes. Um total de 18.567 animais nascidos entre 2014 e 2023 foi genotipado com o painel de baixa densidade (Clarifide® Nelore 3.0) contendo 53.000 marcadores. Esses genótipos foram imputados para um painel de alta densidade com 735.000 marcadores, utilizando o programa FImpute 2.2. Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos com base em fazenda, sexo, ano de nascimento, teste de eficiência alimentar e grupo de manejo. A análise de associação genômica ampla em passo único (ssGWAS) foi realizada, utilizando um modelo animal para a predição dos valores genéticos genômicos e dos efeitos dos SNP, com os programas BLUPF90+. No modelo, o GC foi considerado como efeito fixo, a idade do animal como covariável, e o efeito genético aditivo direto como efeito aleatório. Foram identificados 5 SNP comuns entre as características, localizados nos cromossomos 6 e 18. Dentro de uma janela de 500bp em torno desses SNP, seis genes foram encontrados. Os genes *ENSBTAG00000060730*, *HERC3*, *HERC6* e *NAP1L5* (cromossomo 6) foram compartilhados entre CMS e GR, enquanto *CBFB* e *CES4A* (cromossomo 18) foram compartilhados entre CMS e CAR. O *NAP1L5* é um gene de impressão genômica conhecido em bovinos de corte. Estudos indicam que *HERC6* e *CES4A* estão relacionados com eficiência alimentar em bovinos e suínos, respectivamente. O gene *CES4A* também está associado à circunferência escrotal em bovinos Nelore, enquanto *CBFB* está ligado à osteogênese em bovinos de corte franceses. Além disso, *NAP1L5* e *HERC3* apresentam efeitos significativos na produção de leite. Embora apenas *HERC6* tenha sido previamente associado à eficiência alimentar em bovinos de corte, a identificação desses genes pleiotrópicos revela uma nova dimensão da arquitetura genética das

características de eficiência alimentar. Em conclusão, genes pleiotrópicos influenciando CMS, CAR e GR foram identificados, e esses genes podem ser utilizados em estudos funcionais para uma melhor compreensão dos aspectos genéticos e biológicos relacionados à eficiência alimentar.

Palavras-chave: anotação gênica, cromossomo, ssGWAS



GENETIC PARAMETERS FOR LATENT VARIABLES DERIVED FROM FACTOR ANALYSIS IN REPRODUCTIVE TRAITS

OLIVEIRA, T.V.V.B.¹; COTA, P.M.²; ANDRADE, S.M.²; TOMA, L.Y.P.²; FIALHO, M.L.A.²; TOLEDO, P.V.B.²; SILVA, D.A.³; VERONEZE, R.³

¹Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: tulio.boas@ufv.br; ²Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

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

Reproductive performance is one of the most important components of the beef cattle's productive efficiency. The techniques of selection and evaluation of a bull's reproductive potential in breeding programs involve a series of traits related to fertility. However, analyses of multiple traits have limitations when a large number of traits are included in the evaluation. In this way, factor analysis can be used to investigate relationships between original variables and extract a smaller group of latent variables, called “factors”. This study aimed to investigate the relationship between several reproductive traits of bulls and use the latent variables, identified as pseudo-phenotypes, in the genetic evaluation of Nellore cattle under a Bayesian approach. Phenotypic data from 615 Nellore bulls, aged between 18 and 36 months, were used. Fifteen reproductive traits were evaluated: length of right testicle (LRT), length of left testicle (LLT), width of right testicle (WRT), width of left testicle (WLT), right testicle volume (RTV), left testicle volume (LTV), total testicular volume (TV), scrotal circumference (SC), progressive sperm motility (MOT), sperm vigor (VIG), mass activity (MASS), major sperm defects (MD), minor sperm defects (MID), total sperm defects (TD) and percentage of normal sperm (PNS). The factor analysis was able to extract three factors related to the traits analyzed in this study. The first latent factor (F1) showed a positive and strong correlation with testicular biometric traits. The second latent factor (F2) was associated with the morphological sperm traits. Finally, the third latent factor (F3) was associated with the physical semen traits. The heritability estimates for the three factors were of high magnitude (0.70, 0.72, and 0.45, respectively for F1, F2, and F3). High and favorable genetic correlations were observed between the factors (-0.83, 0.90, and -0.89, respectively, between F1 and F2, F1 and F3, and F2 and F3). The use of these factors in cattle breeding programs can promote genetic gains in a combined way and with lower computational costs.

Keywords: bovine, Bayesian inference, bull fertility, genetic parameters

Acknowledgments: The authors thank CNPq for funding the project



GENOME-WIDE COPY NUMBER VARIATION IN MURRAH BUFFALOES

SILVA, A.A.¹; BENFICA, L.F.²; BRITO, L.F.³; SILVA, D.A.⁴; SILVEIRA, K.R.⁵; VRENOZE, R.⁴; TONHATI, H.⁶

¹Postdoctoral in Animal Science, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, email: silvaaleessandrazb@gmail.com;

²Postdoctoral in Animal Science, Purdue University, West Lafayette, USA;

³Assistant Professor, Department of animal Sciences, Purdue University, West Lafayette, USA;

⁴Assistant Professor, Department of Animal Science, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa;

⁴Phd in Animal Science, Department of Animal Science, College of Agricultural and Veterinary Sciences, São Paulo State University, Jaboticabal;

⁶Assistant Professor, Department of Animal Science, College of Agricultural and Veterinary Sciences, São Paulo State University, Jaboticabal;

Copy number variations (CNVs) are a group of structural variants of DNA segments in the genome. CNVs are known to significantly contribute to disease causation, phenotypic variation, adaptation, and gene expression. Related to livestock genomics, CNVs can have an impact on several phenotypes of commercial importance. CNVs associated with morphological variation, immunity, and economically significant traits have been reported in various livestock species. Thus, we investigated the CNVs in 460 Murrah buffaloes genotyped using the 90K Axiom Buffalo Genotyping Array (Affymetrix/ThermoFisher Scientific, Santa Clara, CA, USA). The CNV identification was performed using the PennCNV-affy.1.0.5 software. After CNV calling, a sample-based quality control was performed, which removed CNVs with a B allele frequency drift lower than 0.05, standard deviation of Log R Ratio greater than 0.30, minimum length of 1,000 bp, maximum length of 5,000,000 bp, and GC wave factor lower than 0.05 to generate raw CNV calls. In addition, CNVs with less than three consecutive SNPs were discarded. Finally, after the quality control, 311 individuals and 947 CNV remained for further analysis. The CNV regions (CNVR) at population were determined by merging the 947 CNVs that overlapped by at least 1 bp in at least two animals. CNVRs were then classified as gain, loss, and mixed. Thus, 332 CNVRs were identified, of which 153 corresponded to genome deletions, 145 to duplications, and 19 were mixed events. The CNVRs length average was 201,658 + 312,135.1bp. The shortest CNVR was a loss region of 3,869 bp at BBU20, while the longest was a mixed region 3,411,586 bp, located at BBU13. The deletion-to-duplication ratio was 0.96. In general, CNVR were identified in all chromosomes, but the number and proportion of chromosomes covered by CNVRs varied considerably. The BBU1, BBU2, BBU3, and BBU7 were the chromosomes where the largest number of CNVRs were identified (n=29, 25, 22, and 21, respectively), which covered 2.14%, 3.27%, 1.96%, and 3.32% of the chromosome, respectively. However, the BBU13 including 13 CNVRs presented the highest coverage of a chromosome sequence (7.35%). In general, the CNVRs identified in our study covered 66,950,311 bp of the autosomal genome sequence, which corresponded to 2.7% of the buffaloes' genome size. To identify genes related to CNVR, only CNVRs found in at least four individuals were considered. Thus, a total of 567 genes were annotated within 27 CNVRs. Thus, important genes were associated to CNVRs, such as *SOX21*, *ELOVL5*, *CEMIP2*, *ABHD17B*, *C3H9orf85*, *GDA*, *C3H9orf57*, *ZFAND5*, *TAF5A*, *PTPRB*, *PTPRR*, *CPNE8*, *CFH*, *CR2*, *CD55*. In conclusion, our results are important to understand the biological significance of genetic

variation and the genomic variation in controlling phenotypes in buffalo population.

Keywords: CNV, genes, GWAS, marker



GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTION FOR BODY WEIGHT IN MEAT QUAILS

OLIVEIRA, V.R.¹; REIS, A.C.Z.²; SANTOS, C.G.²; CÔRTEZ, M.D.¹; BARRETO, M.Q.¹; LOPES, P.S.³; MARQUES, D.B.D.³

¹Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: vitoria.r.oliveira@ufv.br;

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

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

The stress caused by changes in body temperatures may lead to high mortality and inhibited growth in poultry production, resulting in significant economic losses. Specifically, colder weather conditions significantly affect the productive performance of animals. Studying the impact of temperature stress on quails can be a cheap way to improve our understanding on how to overcome climate challenges through genetics. This study aimed to explore the genotype x environment interaction (GEI) for the body weight (BW) in quails, through the estimation of variance components for these traits in two Temperature and Humidity Index (THI) environments. BW data from ten generations, recorded on 7 (BW7), 14 (BW14), and 21 (BW21) days were used for the analyses. The dry bulb air temperature (T_{bs}) and dew point temperature (T_{po}) of the weighing date and the two previous days were collected, averaged, and used to compute the THI. Two THI classes were defined: less or equal to 68 (THI1), and greater than or equal to 69 (THI2). Variance components and breeding values were estimated using the BLUPF90+ software. A two-trait model was fitted, considering weights at the same age recorded in different environments (THI1 and THI2) as distinct traits. For BW7, the same heritability was observed for both environments, however, the genetic correlation between them was low (0.16), indicating strong GEI. For BW14, the heritabilities for THI1 and THI2 were 0.30 and 0.39, respectively, while for BW21 higher discrepancies in the heritabilities were observed, being 0.42 for THI1 and 0.29 for THI2. Moderate genetic correlations were observed between the traits measured in THI1 and THI2 for BW14 (0.65) and BW21 (0.55). These values also indicate the occurrence of GEI, which can cause a reranking of the animals and a decrease in the genetic gain. Many studies focus on the effects of heat stress, however, in low-input systems, the animals are also subject to cold stress, mainly at young ages. In our study, THI1 can be considered a cold stress environment while THI2 is thermal comfort. Thus, the animals selected for higher body weight at thermal comfort may not be the best for low THI environments. The study showed the occurrence of GEI for BW7, BW14, and BW21 in quails, which leads to the necessity of considering GEI when selecting superior animals.

Keywords: THI, heritability, genetic correlation, resilience

Acknowledgments: To Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) and Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)



HERDABILIDADES DIRETA E MATERNA PARA PESO AOS 7 DIAS DE IDADE EM LINHAGEM MACHO DE FRANGOS DE CORTE

VITORETI, L.B.L.¹; SILVA, A.C.²; FARIA, L.O.³, SILVA, M. L. C.⁴; TARÔCO, G.⁵; MATTOS, E. C.⁶; FERRAZ, J.B.S.⁷; GAYA, L.G.⁸

1Graduanda em Zootecnia, Departamento de zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei, email: larissavitoreti@yahoo.com.br;
 2Bacharel em Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei;
 3Graduanda em Zootecnia, Departamento de zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei; 4Graduando em Zootecnia, Departamento de zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei; 5Doutora em Zootecnia, Universidade Federal de Lavras;
 6Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade de São Paulo; 7Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade de São Paulo;
 8Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei

O estudo das herdabilidades direta e materna são essenciais no melhoramento genético de frangos de corte, pois a primeira representa a variação fenotípica atribuída à genética aditiva direta e a segunda reflete a influência genética aditiva materna no desempenho inicial da prole. Considerando a importância desses fatores, o objetivo desse estudo foi estimar os valores de herdabilidade direta e materna para o peso corporal aos 7 dias de idade em uma linhagem macho de frangos de corte. O estudo utilizou dados de 49.528 frangos de corte, pertencentes a seis gerações de seleção, sendo o arquivo de pedigree composto por 107.154 aves. Foram obtidas as estatísticas descritivas da característica por meio do pacote estatístico SAS[®]. A análise genético-quantitativa foi realizada utilizando-se o modelo animal considerando como efeitos fixos: sexo, lote, grupo de acasalamento e idade da mãe à eclosão. Estes efeitos foram avaliados pelo método dos modelos lineares generalizados, assumindo-se significância estatística de 5%. Os efeitos aleatórios considerados foram o genético aditivo direto e o genético aditivo materno. Para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos, foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita, com critério de convergência de 10^{-12} , empregando-se o pacote BLUPF90. O peso médio das aves aos 7 dias de idade foi de $204,20 \pm 25,67$ g. A herdabilidade direta estimada com seu respectivo erro padrão foi de $0,46 \pm 0,03$, o que sugere que o peso inicial é fortemente influenciado por genética aditiva direta, indicando que a seleção para essa característica pode resultar em progressos genéticos significativos ao longo das gerações. Já a herdabilidade materna com seu respectivo erro padrão foi de $0,10 \pm 0,01$, a qual, embora menor, revela que fatores ligados à genética aditiva materna também afetam o peso inicial dos frangos. Esses resultados reforçam a importância de incluir o efeito genético aditivo materno nas análises genéticas em frangos, especialmente para a característica avaliada. Caso o efeito materno não seja incluído no modelo, corre-se o risco de obter resultados viesados na avaliação genética das aves e na estimativa dos componentes de variância da característica. A seleção precoce, com base no peso aos 7 dias, pode ser eficaz, assumindo-se a existência de correlação desta característica com pesos registrados em idades mais avançadas, como o peso ao abate, o que pode facilitar a previsão do desempenho futuro dos frangos a partir do peso inicial avaliado nessa população.

Palavras-chave: aves, efeito materno, melhoramento genético, peso corporal, seleção.

IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS ASSOCIADOS AO NÚMERO DE PELOS EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS

PINTO, K. D. S.¹; ROCHA, R. F. B.²; BAENA, M. M.³; MERCADANTE, M. E. Z.⁴; MEIRELLES, S, L, C.⁵

¹Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, email: karine.daenquele@unesp.br;

²Pós-doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Pesquisadora em Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores;

⁴Professor Convidado, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁵Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Lavras.

Entende-se que características como o número de pelos em bovinos estão envolvidas no processo de adaptação ao calor e conseqüentemente na eficiência produtiva. E compreender a arquitetura genética dessa característica é importante para a seleção de animais adaptados ao clima tropical de forma mais precisa. Portanto, objetivou-se identificar potenciais genes candidatos relacionados ao número de pelos em bovinos da raça Angus. Foram utilizados dados genômicos de 1253 animais em painéis de moderada densidade (GGP Bovine 150K) e informações do número de pelos de 529 animais coletados a 20 cm da coluna vertebral, no centro do tronco de cada animal, sob auxílio de um alicate “bico de pato” adaptado com um afastador para que suas mandíbulas ficassem afastadas a uma distância de 21 mm. Os animais foram criados no município de Silvianópolis, Minas Gerais com temperatura média anual de 19,9°C. Através da análise de Associação Genômica Ampla (GWAS) foram apresentadas regiões genômicas compostas por 10 Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs) adjacentes. A partir disso, foram identificados possíveis genes candidatos dentro das 10 regiões que mais explicam a variância genética aditiva da característica com base nas coordenadas iniciais e finais de cada janela selecionada, utilizando a ferramenta Ensembl Biomart com o banco de dados Genes 109. As pesquisas de termos Gene Ontology (GO) e vias KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) relevantes ($p < 0,05$) foram efetuadas com a ferramenta Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID) versão 2021 utilizando a montagem ARS-UCD1.2 do genoma bovino. Os genes *VWC2L*, *BARD1*, *ATP5MK*, *SLC1A3*, *ADAMTS17*, *LYSMD4*, *MEF2A*, *CTSG*, *ZMH*, *GZMB*, *RBMS3*, *ATP2B2*, *ATF7IP2*, *EMP2*, *TEKT5* foram identificados como possíveis candidatos associados ao número de pelo, e vias KEGG encontradas, como bta05320:Doença autoimune da tireoide e bta04210:Apoptose podem ser importantes para compreender o processo de expressão do fenótipo. A disfunção dos hormônios da tireoide pode acarretar em atraso no crescimento e perdas de pelo e a apoptose desempenha um papel importante na regulação dos ciclos capilares, uma vez que desenvolvimento dos pelos dependem de um equilíbrio entre a proliferação, diferenciação e morte das células. Não foram apontados termos de ontologia associados à característica. Dessa forma, essas informações podem auxiliar estudos genômicos posteriores, assim como, à identificação e seleção de animais mais adaptados ao calor.

Palavras-chave: Adaptabilidade, análise funcional, *Bos taurus taurus*, GWAS



IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADOS AO MARMOREIO EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS

PINTO, K. D. S.¹; GIL-LONDOÑO, M.¹; BAENA, M. M.²; MEIRELLES, S, L, C.³; MERCADANTE, M. E. Z.⁴

¹Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, email: karine.daquele@unesp.br;

²Pesquisadora em Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores;

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

⁴Professor Convidado, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

O marmoreio é a presença de gordura intramuscular que afeta diretamente o sabor, maciez e suculência da carne. A identificação de regiões genômicas e genes que influenciam o marmoreio é importante para auxiliar na seleção de bovinos de corte para qualidade de carcaça. O objetivo do presente estudo foi identificar regiões genômicas e genes associados ao marmoreio em bovinos de corte da raça Angus. O arquivo de pedigree continha dados de 2.446 animais, dos quais um total de 1.391 animais foram genotipados com GGP Bovine 150K (Illumina) e 529 animais foram avaliados por ultrassom em tempo real para a característica com idade média de 18 meses. A abordagem de etapa única para estudo de associação genômica ampla (ssGWAS) foi realizada para estimar os efeitos das regiões genômicas contendo 10 SNPs subjacentes. Foram utilizadas regiões genômicas que explicam mais de 0,5% da variância genética aditiva. Com base nas coordenadas iniciais e finais de cada janela selecionada, utilizando a ferramenta Ensembl Biomart com o banco de dados Genes 109. As pesquisas de termos Gene Ontology (GO) e vias KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) relevantes ($p < 0,05$) foram efetuadas com a ferramenta Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID) versão 2021 utilizando a montagem ARS-UCD1.2 do genoma bovino. Confirmando a natureza poligênica da característica estudada, nove janelas foram identificadas, distribuídas em diferentes cromossomos, que juntas explicam 16,28% da variância genética aditiva de marmoreio. As regiões estão localizadas em BTA 2 (42237251:42342093 bp), BTA 8 (40747744:41225279; 40601218:40723975; 41244408:41408601 bp), BTA 10 (37150354:37476784, 68164248:68265390 bp), BTA 11 (32518440:32707373, 55937548:56414999 bp) e BTA 18 (13956006:14164337 bp). Os genes *GALNT13*, *RFX3*, *EPHB2*, *MGA*, *MAPKBPI*, *JMJD7*, *PLA2G4B*, *EHD4*, *PLA2G4E*, *NRXN1*, *CTNNA2*, *PIEZO1*, *CDT1*, *APRT*, *GALNS*, *TRAPPC2L*, *CBFA2T3*, *PABPNIL* foram encontrados nessas regiões associadas ao marmoreio. A análise de enriquecimento gênico revelou o processo biológico (GO:0009395~processo catabólico de fosfolípidios) que pode influenciar diretamente a deposição de gordura intramuscular. A identificação dessas regiões e genes possibilita o entendimento da expressão da característica e essas informações podem ser úteis para futuros estudos genômicos em bovinos Angus.

Palavras-chave: *Bos taurus taurus*, gordura intramuscular, qualidade da carcaça



ILHAS DE CORRIDAS DE HOMOZIGOSE EM TOUROS DA RAÇA GIROLANDO REVELAM GENES ASSOCIADOS A RUSTICIDADE

SOUZA, K.G.L.¹; DUARTE, M.R.²; PANETTO, J.C.C.³; SILVA, M.V.G.B.³; MAGALHÃES A.F.B.⁴; VERARDO, L.L.⁴

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: souza.lima@ufvjm.edu.br;

²Pós-doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

³Pesquisador da Embrapa Gado de Leite;

⁴Professor(a) Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

A raça Girolando tem grande participação na produção de leite do Brasil. Desse modo, estratégias e estudos genômicos que auxiliem no maior entendimento da arquitetura genética da raça são importantes. Usando marcadores de Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNP), a identificação de regiões do genoma em homozigosidade permite explorar ilhas, nas quais genes candidatos para características de interesse zootécnico podem ser observados. Neste estudo, buscou-se identificar corridas de homozigose (ROH) com foco em ilhas de ROH de touros Girolando. Foram utilizados 411 touros Girolando do Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG), genotipados com microarranjo de DNA de 50K. As ROH foram demarcadas usando o software PLINK versão 1.09, cujo os parâmetros determinados foram: comprimento mínimo da janela de 120 SNPs, tamanho máximo do intervalo entre dois SNPs de 1.000 kb, comprimento mínimo de ROH de 1.000 kb, número mínimo de SNPs potenciais de 50, três heterozigotos permitidos por janela, máximo de uma chamada perdida por janela, comprimento de janela deslizante de 50 SNPs e proporção de janelas sobrepostas que devem ser homozigóticas > 0,05. As ilhas de ROH compartilhadas entre os indivíduos foram obtidas por meio da função “-homozyg-group”. Em busca dos genes presentes nas regiões de ilhas, foi usada a anotação da montagem ARS-UCD1.2 do genoma bovino e para compreensão dos processos biológicos dos genes, foram geradas redes gênicas utilizando o plugin CLueGO do software Cytoscape via teste hipergeométrico bilateral e correção de Bonferroni. Foi identificada uma ilha de ROH no cromossomo 1 e identificados 19 genes. Destes, os genes *MECOM* e *SEC62* se destacaram na rede gene-processos biológicos. O gene *MECOM* corresponde ao complexo do locus MDS1 e EVI1, estando relacionado ao processo de regulação negativa da cascata JNK e atua como regulador transcricional, desenvolvimento, apoptose e proliferação, estando associado ao escore de células somáticas. O gene *SEC62* é um fator de translocação de pré-proteína e está envolvido no processamento de proteínas na via do retículo endoplasmático (RE). Apresenta funções na importação de proteínas do RE, na fagia do RE e, em cooperação com a proteína citosólica calmodulina na manutenção da homeostase do cálcio celular. Este gene foi identificado como um componente molecular crítico na manutenção e recuperação da homeostase do RE, além de ter sua expressão gênica acentuada em resposta de células epiteliais vaginais bovinas a uma cepa isolada de *Lactobacillus*. Estes resultados sugerem que, na população de touros do PMGG, estes genes podem atuar na sinalização celular via resposta

imune a agentes patológicos e ao próprio ciclo celular, contribuindo na melhor performance imunológica da população, promovendo uma maior rusticidade.

Palavras-chave: análises genômicas amplas, análise funcional, redes gênicas.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq (314532/2021-8) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG (APQ-02638-24 e APQ-02750-23), CAPES, EMBRAPA Gado de Leite e UFVJM.



IMPACTO DA LINHA DE SELEÇÃO E DO PESO CORPORAL NAS INTERAÇÕES AGONÍSTICAS EM BOVINOS NELORE DURANTE TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR

VALENTE, J.P.S.¹; MOTA, L.M.¹; SOARES, T. L. S.¹; RODRIGUES, G. R.¹; BORGES, M.S.²; MERCADANTE, M.E.Z.³

¹ Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”

² Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”;

³ Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, SAA-SP; *email: julia.valente@unesp.br, bolsista FAPESP (2024/05697-4).

Quando jovens, os bovinos frequentemente ajustam sua posição na hierarquia social devido a interações agonísticas recorrentes, que ocorrem entre díades (pares de animais). Essas interações servem para estabelecer relações de dominância e subordinação entre os indivíduos. A frequência e intensidade desses confrontos aumentam em condições de alta densidade de animais nos piquetes ou quando o número de cochos disponíveis é insuficiente para permitir o acesso simultâneo de todos os animais. Esse cenário favorece a competição, resultando em mais disputas por espaço nos cochos. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar os efeitos da linha de seleção e do peso corporal sobre as interações agonísticas, medida pelo número de substituição no cocho entre díades. Foram analisados dados de 25 testes de eficiência alimentar (TEAs), realizados entre 2013 e 2023 no Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP. A análise incluiu 1.054 novilhos Nelore de três linhas de seleção: NeC, NeS e NeT. NeC foi selecionada com diferencial de seleção zero para peso aos 378 dias de idade (P378), NeS para maior P378, e NeT para maior P378 e menor consumo alimentar residual. No início dos testes, os animais tinham em média 280 ± 41 dias e pesavam 258 ± 47 kg. Os TEAs foram realizados em piquetes coletivos com cinco cochos eletrônicos, com média de 8 (DP \pm 2) animais por cocho. As interações agonísticas foram registradas a partir das substituições no cocho que ocorreram em até 7 segundos, considerando-se como reator o animal que estava no cocho e foi substituído por uma interação agonística, e como ator o animal que o substituiu usando interação agonística (díade = ator x reator). O banco de dados final incluiu 49.880 díades, com variação de 0 a 2.255 interações por díade. A análise utilizou modelo misto linear generalizado (MCMCgmm), considerando como efeitos fixos a linha de seleção do ator e do reator (três níveis), peso inicial do ator e do reator no TEA, e como efeitos aleatórios as díades (ator e reator) e o grupo de TEA. O intercepto do modelo foi significativo (post.mean = 4,68, IC 95%: 4,33 a 5,09, $p < 0,001$). A linha de seleção NeT para os animais reatores apresentou efeito significativo (post.mean = 0,11, IC 95%: 0,02 a 0,20, $p = 0,026$), sugerindo um aumento no número de substituições por interação agonística em comparação com a linha de seleção NeC. Em contrapartida, a linha de seleção NeT para os animais atores não apresentou efeito significativo. O peso inicial dos animais (ator e reator) foi negativamente associado ao número de substituições (post.mean = -0,00256 e -0,00198, IC 95%: -0,00306 a -0,00212 e 0,00245 a -0,00156, respectivamente; $p < 0,001$ para ambos), indicando que animais mais pesados tendem a participar de menos confrontos. Esses achados sugerem que linha de seleção e o peso dos animais são fatores que afetam o

comportamento agressivo de bovinos Nelore.

Palavras-chave: comportamento social, díades, GLMM, interação agonística



IMPACTO DOS NÍVEIS DE ENDOGAMIA SOBRE AS CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS EM CAVALOS DA RAÇA MANGALARGA

ALBERTO, G. H.¹; RODRIGUES, L. Y.¹; FIORINDO, C. S.²; OLIVEIRA JR., B. C.²; SILVA, J. A. II. V.^{3,4}

¹Mestrando(a) em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp – Jaboticabal/SP, e-mail: gustavo.alberto@unesp.br;

²Doutorando(a) em Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp – Jaboticabal/SP;

³Professor Associado, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Unesp – Jaboticabal/SP; ⁴Professor Associado, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Unesp – Botucatu/SP.

A raça Mangalarga (ML) figura como uma das principais raças de cavalos autóctones do Brasil. Assim como ocorre em outras raças equinas, os cavalos da raça ML são avaliados por técnicos credenciados, a partir dos 36 meses de idade, a fim de estabelecer o registro definitivo. Neste protocolo são coletadas medidas morfométricas de altura de cernelha (AC), perímetro de canela (PC) e perímetro torácico (PT). A endogamia ocasiona o aumento da homozigose na população ao longo do tempo, o que pode reduzir o valor fenotípico médio de características produtivas. Diante disso, é fundamental controlar os níveis de endogamia em populações sob seleção e avaliar seus efeitos nas características selecionadas. O objetivo deste estudo foi avaliar o impacto dos diferentes valores do coeficiente de endogamia nas características AC, PC e PT na raça Mangalarga. Foram utilizadas informações genealógicas do banco de dados da Associação Brasileira dos Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM), contendo 215.441 animais no arquivo de pedigree, e 65.231 animais no banco de dados das características morfométricas, nascidos entre 1925 a 2021. O cálculo do coeficiente de endogamia (F) individual e as análises estatísticas foram realizadas por meio dos programas da família BlupF90. O modelo incluiu o efeito aleatório de grupo de contemporâneos (GC), formado pelos efeitos sistemáticos de criador, ano hípico, época de nascimento (águas e seca), sexo e endogamia. Além do GC, foram considerados o efeito fixo de origem de nascimento (monta natural ou reprodução artificial) e os efeitos aleatórios genético aditivo e residual. Foram criadas seis classes com os coeficientes de endogamia: $F = 0$; $0 < F \leq 5$; $5 < F \leq 10$; $10 < F \leq 15$; $15 < F \leq 20$; e $F > 20\%$. Do total de animais avaliados para a característica AC (44.935), 92,6% apresentaram coeficiente de endogamia diferente de zero. Para as características PC ($n = 21.463$) e PT ($n = 21.385$), a porcentagem de animais com coeficiente de endogamia diferente de zero foi de 89,3%. Para as três características, a maioria dos animais (>60%) apresentou coeficiente de endogamia entre 0,01 e 0,10. Os resultados demonstraram diminuição da expressão dos fenótipos das características AC e PT com o aumento do coeficiente de endogamia, sugerindo ocorrência de depressão endogâmica (DE). Para os animais com F maior que 20%, a DE observada foi igual a -0,90 cm para a característica AC e de -1,5 cm para a característica PT. Para a característica PC, a maior DE (-0,35cm) no fenótipo foi observado em animais com F entre 0,10 e 0,15. Os resultados sugerem que, à medida que os coeficientes de endogamia aumentam, os efeitos da depressão endogâmica sobre as características AC, PC e PT é intensificado.

Palavras-chave: coeficiente de consanguinidade, depressão endogâmica, morfometria



INFLUÊNCIA DA LINHAGEM E DO SEXO SOBRE OS PESOS DE ABATE E DE CARÇAÇA QUENTE EM CODORNAS

SANTOS, G.C.¹; PEREIRA, A.S.¹; CARVALHO, L.S.¹; FONSECA, L.S.²; VERARDO, L.L.²; MAGALHÃES, A.F.B.²

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, e-mail: geovana.santos@ufvjm.edu;

²Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

As codornas são aves domesticadas e utilizadas na produção de carne e ovos, contribuindo com cerca de 10% dos ovos de mesa e 0,2% da produção global de carne de aves. No entanto, o aumento da produção de carne continua sendo um desafio, uma vez que fatores como linhagem e sexo podem influenciar as características produtivas desses animais. Neste contexto, este estudo teve como objetivo avaliar a influência da linhagem e do sexo sobre os pesos de abate e de carcaça quente de codornas. Foram abatidas 140 codornas de corte (*Coturnix coturnix*), divididas em duas linhagens: LF1 e LF2, com 42 dias de idade. Cada linhagem foi composta por 35 fêmeas e 35 machos. Os animais foram provenientes do Setor de Coturnicultura do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, localizada em Diamantina, Minas Gerais. As aves foram submetidas a um jejum alimentar de 6 horas e transportadas para a sala de abate uma hora antes do procedimento. Após serem pesadas, foram insensibilizadas por deslocamento cervical, abatidas e sangradas por 3 minutos. Em seguida, foram escaldadas a uma temperatura de 52 a 54°C por 40 segundos, depenadas, evisceradas, pesadas e resfriadas. Foram coletados os pesos de abate com o animal vivo e o peso da carcaça quente após o abate. Os dados foram submetidos a análise de variância e teste de Tukey ($P < 0,05$), utilizando o software R, sob o delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 2x2 (sexo e linhagem). O resultado da análise de variância não apresentou significância ($P > 0,05$) para a interação entre sexo e linhagem, apenas para os fatores independentes, ou seja, a linhagem teve efeito significativo sobre o peso da carcaça quente ($P < 0,05$), sendo a LF2 com maior peso (215,01 g) em comparação à LF1 (191,20 g). O sexo também influenciou significativamente o peso da carcaça ($P < 0,05$), com as fêmeas apresentando maior peso médio (206,58 g) em relação aos machos (199,63 g). Para o peso vivo ao abate, a análise de variância indicou efeito significativo da linhagem ($P < 0,05$), em que a LF2 apresentou maior peso vivo (270,97 g) em comparação a LF1 (243,65 g). O sexo também foi significativo ($P < 0,05$), com as fêmeas sendo mais pesadas (262,23 g) que os machos (252,39 g). Com isso, conclui-se que tanto a linhagem quanto o sexo influenciam significativamente os pesos das codornas, sendo que a fêmeas da linhagem LF2 apresentaram melhor desempenho em ambas as variáveis avaliadas.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix*, carcaça, linhagem de corte.



MACHINE LEARNING ALGORITHMS FOR PREDICTION OF PORK CUTS USING IMAGE PROCESSING DATA

SILVA, A.A.¹; DIAS, L.C.C.M.²; MACHADO, I.³; CARRARA, E.R.⁴; SCHULTZ, E.⁵; MAMEDE, A.L.C.C.³; VERONEZE, R.⁵

¹Postdoctoral in Animal Science, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, email: silvalessandrazb@gmail.com; ²Phd in Animal Science, Universidade Federal de Viçosa;

³Undergraduate student in Animal Science, Universidade Federal de Viçosa; ⁴Postdoctoral in Animal Science, University of Georgia.

⁵Assistant Professor, Department of Animal Science, Universidade Federal de Viçosa.

In general, obtaining accurate predictions of pork cuts from live animals is a challenge. Most pork cut data is collected in slaughterhouses, which can be labor-intensive and time-consuming. The use of technologies, such as two-dimensional video images have the potential for more efficient and accurate recording of the body weight and prediction of the pork cuts with the advantage of reducing the phenotyping cost. Thus, we aimed to employ Random Forest (RF) and the penalized regression method RIDGE to predict the hot carcass weight (HCW), and some pork cuts: Loin eye area, backfat thickness (BT), head weight, feet weight, sirloin, tenderloin, rib, total of fat, total of meat, bone, and belly from purebred and crossbred pigs based on dorsal-view images obtained from video image processing. A total of 47 barrow pigs, being 10 local Brazilian breed Piau, 14 Large White, 13 crossbreds produced by Piau boars crossed with Large White sows, and 10 crossbred from the crossing between Duroc boars with Large-White sows, were evaluated. On the day of slaughter (177.28 ± 2.10 days old and on average 103.27 ± 32.56 Kg), individual images were collected using an Intel RealSense Depth D435 digital camera. The camera was positioned on a tripod at a distance and a height of 1.5m from the animals. Videos were taken lasting between 30 seconds for each animal, focusing on the dorsal and lateral regions. Each carcass was split into two identical longitudinal halves and weighed to obtain the HCW. The cuts were obtained from right carcass. For prediction, the data were partitioned randomly into training dataset (65%) and the test dataset (35%), balanced by genetic group, and the machine learning algorithms were used to construct the predictive models. In general, with a minimal difference, the RIDGE algorithm trended to present higher precision and accuracy values and lower error estimates while for HCW, the RF presented better metrics. The best accuracy values were observed for HCW, AOL, meat weight, and Tenderloin. The R^2 and (Root Mean-Squared Error, RMSE) obtained respectively were 0.87(11.57), 0.28(14.08), 0.37(6.40), and 0.36(0.16) from RF and 0.75(11.60), 0.36(13.34), 0.42(6.52), and 0.45(0.17) from RIDGE. Interestingly, the correlation obtained between BT and the features from images (back area, back perimeter, and body depth) were low and negative (-0.23, -0.03 and -0.07, respectively), while for back width this estimate was 0.25, being the most important feature to predict the BT. For the remaining pork cuts, these correlations were moderate and positive. In conclusion, the RF method was more effective to predict HCW and the RIDGE model was more effective for predicting pork cuts, presenting a higher R^2 value and lower RMSE and values. However, the accuracies for pork cut prediction were, in general, low demonstrating that only dorsal-view images are not enough to get good prediction on the other

hand, the use of this kind of image for predicting HCW is promising.

Keywords: image, pig, precision livestock farming, random forest

Acknowledgments: FAPEMIG and CNPq.



MODELAGEM BAYESIANO DO PESO VIVO EM TILÁPIAS NILOTICA GIFT REVERTIDAS CULTIVADAS EM DIFERENTES AMBIENTES

López, D.V.B.¹; Pérez, T.J.D.²; COSTA, R.L.³; ZAMBRANO, L.A.C.³; OLIVEIRA, C.A.L.⁴; RIBEIRO, R.P.⁵

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

²Master em Biologia, Empresa de Desenvolvimento de Tecnologias Aquícolas;

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

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

⁴Professor adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

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

Desde a década de 1970, a produção aquícola tem crescido gradualmente, contribuindo para a estabilidade global. Existem cerca de 580 espécies aquáticas que são cultivadas atualmente em todo o mundo, e das quais a tilápia do Nilo é considerada uma das mais importantes. Isso se deve ao melhoramento genético da espécie, aliado à aplicação de técnicas como a reversão sexual, além de seus dissimiles atributos: rusticidade, rápido crescimento, boa conversão alimentar, resistência a doenças, ect. O objetivo do presente estudo foi comparar o crescimento de tilápias do Nilo melhoradas geneticamente e revertidas, cultivadas em tanques de cimento e viveiros escavados. Os dados obtidos na pesquisa foram cedidos pela Empresa de Desenvolvimento de Tecnologias Aquícolas de Cuba. Foram selecionados 20 fêmeas e 10 machos de alto valor genético da segunda geração do programa de melhoramento com o fim de estabelecer os acasalamentos por seleção massal e divisão em dois grupos em base ao ambiente de cultivo (10 fêmeas e 5 machos cada um). Ante a presença de larvas foram estabelecidos os tratamentos. O primeiro consistiu no cultivo de tilápias revertidas em tanques de cimento e o segundo no cultivo em viveiros escavados. O procedimento de reversão sexual das larvas consistiu na suplementação de uma ração com hormônio durante 28 dias conforme descrito por Popma e Green (1990). Uma vez que os peixes tivessem pesos médios superiores a cinco gramas foi avaliada a eficiência da técnica por meio da seleção aleatória de uma porcentagem de tilápias. Ao longo do período de cultivo (180 dias) foram feitas amostragem mensais para ajustes na dieta e mensuração do peso corporal em um percentual dos indivíduos. Ao final do período, cada indivíduo foi medido, totalizando 500 tilápias por grupo. A estimativa dos componentes de variância, parâmetros e valor genético para peso corporal foi realizada por meio do software estatístico BLUPF90, descrito por Misztal et al (2014). Para comparação dos tratamentos, foi estabelecida uma análise bayesiana por meio do teste de 2 médias de populações normais heterocedásticas, utilizando o software RStudio (pacote BRugs). Foram gerados 100.000 valores em um processo MCMC, com 10.000 valores iniciais de descarte e amostragem de 10. A convergência das cadeias foi verificada utilizando a biblioteca CODA através dos critérios de Heidelberger e Welch (1983). A variância aditiva entre grupos de famílias, residual, permanente e fenotípica estimadas foram 3.811, 1.476, 5.955 e 11.243 respectivamente. A herdabilidade obtida foi 0,33 (moderada) para peso corporal. A análise

bayesiana apresentou um intervalo de credibilidade de 95% para δ_2 , com valores -1.500e+02; -4.396e+01, excluindo o valor zero do intervalo, demonstrando fortes evidências contra a igualdade entre médias. Pode-se concluir que as tilápias revertidas cultivadas em viveiros escavados apresentaram maior peso corporal, 150 gramas a mais em comparação com as cultivadas em tanques de cimento.

Palavras chaves: 17-alfa-metiltestosterona, eficiência, grupos de famílias, mérito genético.



MODELOS DE REDES NEURAIAS CONVOLUCIONAIS PARA SEGMENTAÇÃO DE TECIDOS EM CARÇAÇA BOVINA

SOUZA, N.F.¹; ASSIS, G. J. F.²; GONZALES, M. E. M.³; DOREA, J. R. R.⁴; SHULTZ, E. B.⁵; CHIZZOTTI, M. L.⁵

¹Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: nathalia.souza1@ufv.br;

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

³Doutorando em Animal Sciences, Departamento de Animal Sciences, University of Wisconsin- Madison;]

⁴Professor Assistente, Departamento de Animal Sciences, University of Wisconsin- Madison;

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

A utilização de visão computacional e inteligência artificial tem revolucionado diversos setores, incluindo a indústria da carne, onde essas tecnologias otimizam processos e aumentam a precisão na avaliação de carcaças. A segmentação de imagens, baseada em redes neurais convolucionais, permite a identificação automática e precisa de diferentes objetos e tecidos, como músculos, colágeno e ossos, proporcionando uma análise mais detalhada e objetiva. O objetivo deste estudo foi segmentar carcaças, músculos e colágeno utilizando redes neurais convolucionais. O experimento foi conduzido com dados coletados em um frigorífico comercial, onde imagens de 597 meias-carcaças de bovinos de diferentes grupamentos genéticos, gêneros, idades e pesos foram obtidas com a câmera Intel® RealSense™. Essas imagens foram anotadas no *LabelMe*, em formato JSON (*JavaScript Object Notation*), para as regiões de carcaça, músculo aparente e colágeno. Posteriormente, o banco de dados foi dividido na proporção de 80:20 para treinamento e validação, e submetido à arquitetura *You Only Look Once* (YOLO, versão 8) em um processo de aprendizado por transferência, utilizando 100 *epochs*. Foram treinados três modelos de segmentação: um modelo que incluiu todos os alvos (Carcaça + Colágeno + Músculo, 1M3A); um modelo que segmentou a carcaça como um alvo e agrupou colágeno e músculo (Carcaça/Colágeno + Músculo, 2M3A); e um modelo que tratou os três alvos separadamente (Carcaça/Músculo/Colágeno, 3M3A). Para avaliar o desempenho de cada modelo, foram calculadas as métricas *Intersection over Union* (IoU) e Precisão, utilizando um limiar de 50%. Os resultados indicaram que o modelo 3M3A apresentou o melhor desempenho, com métricas de IoU de 0,97 para carcaça, 0,77 para colágeno e 0,71 para músculo, além de alcançar a melhor precisão para a segmentação do músculo (0,83). Há algumas razões para o melhor desempenho do modelo 3M3A. Entre os principais fatores estão: a especialização da tarefa; sobreposição e confusão de características; complexidade e compartilhamento de recursos; além da função de perda e do processo de treinamento. Com base nos resultados, conclui-se que os modelos que segmentam os alvos de forma isolada têm um desempenho melhor para a segmentação de regiões de interesse.

Palavras-chave: colágeno; frigorífico; imagem; músculo

Agradecimentos: DIGITAL LIVESTOCK LAB – UWM, FAPEMIG RED 00172-22, NCT-CA e iDATA-UFV



MODELOS NÃO LINEARES PARA CURVA DE CRESCIMENTO DE COELHOS NOVA ZELÂNDIA

SILVA, L.F.D.A.¹; PEREIRA, J.L.²; PEDROSA, G.V.³; OLIVEIRA, A.C.R.⁴; VERONEZE, R.⁵; LOPES, P.S.⁵;
SILVA, D.A.⁵; RIBEIRO, J.C.⁶

¹Graduando em Zootecnia, Instituto Federal Goiano – *Campus Morrinhos*, email: luisfelipediniz3@gmail.com; ²Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁴Mestranda em Zootecnia Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁵Professor (a), Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁶Professor, Instituto Federal Goiano – *Campus Morrinhos*.

O peso corporal em diferentes idades é fundamental em programas de melhoramento genético na cunicultura de corte para seleção para o crescimento. Modelos matemáticos não lineares, que relacionam peso e idade, têm-se mostrado adequados para descrever a curva de crescimento. Portanto, o objetivo com este estudo foi ajustar diferentes modelos não-lineares, já descritos e amplamente testados na literatura, a fim de selecionar o modelo mais adequado para descrever o crescimento de coelhos. Para realização do estudo foram utilizados dados de pesagem de 600 coelhos da raça Nova Zelândia Branco, oriundos do programa de melhoramento genético de coelhos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa – MG. A pesagem dos coelhos foi realizada a cada dez dias até os 90 dias de idades. Os dados coletados foram armazenados em planilha eletrônica. Para análise da regressão não linear, foram utilizados os modelos de von Bertalanffy, Brody, Gompertz, Logístico e Richards e Spline com um nó aos 80 dias. Para a obtenção das estimativas dos parâmetros de cada modelo não linear, avaliadores da qualidade de ajuste e teste de identidade de modelos, utilizou-se o método Marquardt cujas soluções foram obtidas por meio do processo iterativo de Gauss-Newton, com o uso do procedimento PROC MODEL do programa estatístico SAS STUDIO (2022). Para avaliação do modelo que mais se ajustasse aos dados, foram utilizados os avaliadores de Porcentagem de convergência (C%), Coeficiente de determinação (R^2), Coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}), Erro quadrático médio de predição (MEP), Critério de informação de Akaike (AIC) e Critério bayesiano de Schwarz (BIC). Os modelos de Brody e Richards mostraram valores de convergência muito baixos tornando-os inadequados para descrever a curva de crescimento dos coelhos da raça Nova Zelândia Branco. Os modelos de Gompertz e von Bertalanffy apresentaram os melhores resultados, com os maiores valores de R^2 e R^2_{aj} ajustado e os menores valores de MEP, AIC e BIC. O modelo Logístico apresentou valores semelhantes aos dos modelos Gompertz e von Bertalanffy em R^2 , R^2_{aj} ajustado, convergência, AIC e BIC, mas teve um valor elevado para MEP. A função Spline mostrou uma convergência de 100%, mas sua principal desvantagem foi o valor elevado de MEP. Dessa forma, pode-se concluir que o modelo não linear von Bertalanffy se destacou como o mais adequado para descrever o padrão da curva de crescimento da raça Nova Zelândia Branco.

Palavras-chave: modelagem, melhoramento animal, bertalanffy



NOVA DELEÇÃO IDENTIFICADA EM BOVINOS DA RAÇA GIR LEITEIRO: POSSÍVEL RELAÇÃO COM PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS NO LEITE

ALMEIDA, E.A.R¹; CARVALHO, L.S¹; PANETTO, J.C.C²; SILVA, M.V.G.B²; MAGALHÃES, A.F.B³; VERARDO, L.L³

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

²Pesquisador, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG;

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

O leite e os produtos lácteos são fontes nutritivas na dieta humana. A alta qualidade nutricional desses produtos está relacionada à qualidade da gordura do leite, no qual os ácidos graxos (AG) podem apresentar propriedades benéficas à saúde humana. Os AG podem ser alterados por fatores genéticos e não genéticos. Entre os genes candidatos para perfil de AG no leite, o *MOGATI* destaca-se devido à sua associação com a síntese do diacilglicerol, desempenhando um papel na ligação de um monoacilglicerol a uma porção acil-CoA. Esses diacilgliceróis são precursores de diversos lipídios, incluindo fosfolipídios e triacilgliceróis. Dessa forma, nosso objetivo foi analisar *in silico* a região a montante deste gene em busca de variantes que possam influenciar a ligação de fatores de transcrição (FT). Foram analisados dados de sequenciamento completo do genoma de 13 animais da raça Gir leiteiro. As amostras de DNA foram fornecidas pela Embrapa Gado de Leite, localizada em Juiz de Fora, Brasil. As sequências foram submetidas a controle de qualidade e alinhadas ao genoma bovino de referência ARS-UCD 1.2, seguindo as diretrizes do projeto 1000bulls. Os SNVs e InDels foram classificados e identificados com a ferramenta Ensembl Variant Effect Predictor (VEP). Dessa forma, foi realizada uma análise *in silico* da região upstream do gene *MOGATI* para anotar variantes com potenciais efeitos na ligação de fatores de transcrição (FT). O arquivo FASTA contendo a sequência de referência do bovino foi obtido no banco de dados de NCBI e, a partir desta, foram montadas as sequências com as variantes identificadas via VEP. Essas sequências foram utilizadas como entrada no programa TFM-explorer (<http://bioinfo.lifl.fr/TFM/TFME>), que aplica matrizes de peso do banco de dados de vertebrados JASPAR para identificar potenciais regiões de ligação de fatores de transcrição, calculando uma função de pontuação. Foi identificado uma deleção que promoveu a perda de um sítio de ligação do fator de transcrição *SPI*. Na literatura, este FT está relacionado com a regulação do metabolismo lipídico, desempenhando um papel importante na formação da gordura do leite. Uma vez que o gene *MOGATI* tem sido associado a ácidos graxos insaturados (AGIs), a perda do sítio de ligação para FT *SPI* em bovinos da raça Gir pode ter um impacto negativo no perfil de ácidos graxos, principalmente em relação aos AGIs. Embora o gene *MOGATI* seja considerado um candidato promissor para perfil de AG, o seu mecanismo de ação em bovinos da raça Gir ainda necessita de investigações mais aprofundadas.

Palavras-chave: genoma, Gir, perfil de ácidos graxos, sequenciamento.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq (314532/2021-8) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG (APQ-02638-24 e APQ-02750-23), CAPES, EMBRAPA Gado de Leite e UFVJM.



NOVA INSERÇÃO IDENTIFICADA EM BOVINOS GIR LEITEIRO: POTENCIAL ASSOCIAÇÃO COM RESISTÊNCIA AO CARRAPATO

CARVALHO, L.S.¹; RODRIGUES, E.A.¹; SILVA, M.V.G.B.²; PANETTO, J.C.C.²; MAGALHÃES, A.F.B.³; VERARDO, L.L.³

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: liliacarvalho99@gmail.com

²Pesquisador, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG;

³Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

O ectoparasita *Rhipicephalus microplus* é uma preocupação para a pecuária no Brasil, devido ao seu elevado potencial de perdas produtivas e econômicas. O uso excessivo e sem orientação de carrapaticidas tem promovido a seleção de carrapatos resistentes aos princípios ativos. Diante disso, é fundamental explorar alternativas mais eficazes para o controle do carrapato, sendo o melhoramento genético uma delas. Dentre os genes candidatos para a característica de resistência ao carrapato, o *IGSF21* codifica uma proteína com domínios de imunoglobulina, que atuam como receptoras nas vias de resposta imune. Além disso, ele tem sido relacionado à resistência a infecções parasitárias, reforçando seu papel na defesa imunológica. Assim, neste estudo, foram identificadas variantes (SNV e InDels) na região promotora do gene *IGSF21*, por meio do ressequenciamento de animais da raça Gir leiteiro. Foram analisados dados de sequenciamento completo do genoma de 13 animais Gir leiteiro. As amostras de DNA foram fornecidas pela Embrapa Gado de Leite (Juiz de Fora, Brasil). As sequências foram analisadas para o controle de qualidade e o alinhamento realizado utilizando o genoma bovino de referência ARS-UCD 1.2 de acordo com as orientações do projeto 1000bulls. SNVs e InDels foram classificados e identificados via ferramenta Ensembl Variant Effect Predictor (VEP). Assim, foi realizada a análise *in silico* da região de sequência upstream (até 5000 pares de base antes do início de transcrição) do gene *IGSF21* para anotar variantes com possíveis efeitos na ligação de fatores de transcrição (TF). O arquivo FASTA contendo a sequência de referência do bovino foi obtido no banco de dados de NCBI e, a partir desta, foi montado as sequências com as variantes identificadas via VEP. Essas sequências foram usadas como entrada no programa TFM-explorer para procurar TFBS (<http://bioinfo.lifl.fr/TFM/TFME>), que usa matrizes de peso do banco de dados de vertebrados JASPAR para detectar todos os TFBS potenciais, calculando uma função de pontuação. Portanto, nesse estudo, foi observado que o gene *IGSF21* possui sítios de ligação para o fator de transcrição (FT) *USF1*, e na sequência em que foi apresentada uma inserção de bases nitrogenadas no genoma do gado Gir Leiteiro, ocorreu a formação de um novo sítio de ligação para esse fator. O *USF1* foi citado na literatura, devido à vasta gama de genes regulados por ele, os quais estão associados à resposta imune, especialmente após infecções virais e bacterianas. Dessa forma, com esse novo sítio de ligação, aumenta-se a probabilidade de o *USF1* se ligar ao sítio do gene *IGSF21* e regular sua expressão. Além disso, como o *IGSF21* e o *USF1* possuem relações com o sistema imunológico, essas observações nos fornecem novas evidências de que esse gene pode ser um forte candidato à característica de resistência ao carrapato em bovinos Gir Leiteiro. No entanto, são necessários estudos *in vitro* e *in vivo* para

confirmar possíveis relações com essa característica.

Palavras-chave: carrapato, GWAS, imunidade.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq (314532/2021-8) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG (APQ-02638-24 e APQ-02750-23), CAPES, EMBRAPA Gado de Leite e UFVJM.



PARÂMETROS GENÉTICOS PARA MORTALIDADE AOS 30 E 90 DIAS DE IDADE EM COELHOS DA RAÇA NOVA ZELÂNDIA

FERNANDES, L.M.G.¹; SILVA, A.A.²; YEIGBA, J.B.¹; SILVA, C.A.F.³; ABREU, C.P.¹; VERONEZE, R.⁴; LOPES, P.S.⁴; MARQUES, D.B.D.⁴

¹Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: luis.fernandes@ufv.br ²Pós-doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Lavras ⁴Professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A taxa de mortalidade na criação de coelhos é um parâmetro que está relacionado com o sucesso econômico dessa atividade. Em programas de melhoramento genético, o grande impasse da seleção para taxa de mortalidade em animais é encontrar medidas que sejam práticas, tenham um custo razoável de mensuração e apresentem variação genética. Além disso, é necessário conhecer amplamente os parâmetros genéticos relacionados às características de interesse, como a mortalidade, para o cálculo dos ganhos genéticos e planejamento do programa de melhoramento. Assim, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos para mortalidade nas fases inicial: de 0 a 30 dias (M30), e de crescimento e terminação: entre 30 e 90 (M90) dias de idade em uma população de coelhos da raça Nova Zelândia. Os dados utilizados no estudo foram obtidos do programa de melhoramento genético de coelhos da Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Cunicultura da Universidade Federal de Viçosa. O fenótipo foi definido como 1 ou 2 para animais que morreram ou sobreviveram nas idades consideradas, respectivamente. Um total de 1.661 e 1.323 observações foram disponíveis para M30 e M90, respectivamente. O pedigree incluiu 1.717 animais. As análises foram realizadas considerando um modelo *threshold*, com inclusão do efeito aleatório genético aditivo direto e o grupo de contemporâneos como efeito sistemático. Os efeitos aleatórios genético materno e de ambiente comum foram considerados apenas para M30. Os componentes de (co)variância foram estimados via abordagem Bayesiana utilizando o programa gibbsf90+, considerando um total de 500.000 cadeias, burn-in de 200.000 iterações, e thin de 10. No geral, estimativas de herdabilidade de baixa magnitude foram observadas para M30 e M90. Estimativas e (intervalos de credibilidade) de 0,07 (0,001: 0,513) foram obtidos para M30, e 0,11 (0,00028: 0,34) para M90. Além disso, a estimativa de herdabilidade materna obtida para M30 foi baixa, sendo 0,06 (0,007: 0,189). A razão da variância de ambiente comum sobre a variância fenotípica foi de 0,018 (0,0005:0,0610), indicando que a influência do ambiente comum na característica é pequena. Em conclusão, as estimativas de herdabilidades encontradas sugerem a possibilidade das características M30 e M90 serem incluídas em programas de melhoramento genético de coelhos e trabalhadas dentro do processo de seleção.

Palavras-chave: herdabilidade, sobrevivência, *threshold*.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e à

Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).



PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RESISTÊNCIA A *Flavobacterium oreochromis* EM TILÁPIA DO NILO *Oreochromis niloticus*

MANSO, S.C.S.¹; GARCIA NETO, B.F.²; SILVA-FILHO, M.S.²; ARANGO, J.A.R.²; AGUDELO, J.F.G.²; PEREIRA, C. S.²; HASHIMOTO, D.T.³.

¹Doutoranda em Aquicultura, Departamento de Genética, Centro de Aquicultura da Universidade Estadual Paulista – Jaboticabal - SP, email: shisley.manso@unesp.br;

²Pós graduando em Aquicultura, Departamento de Genética, Centro de Aquicultura da Universidade Estadual Paulista – Jaboticabal - SP

³Professor Adjunto, Departamento de Genética, Centro de Aquicultura da Universidade Estadual Paulista – Jaboticabal - SP

A tilápia do Nilo *Oreochromis niloticus* é uma das espécies de peixes mais importantes cultivadas mundialmente e um alvo principal para programas de melhoramento genético. Infecções por *Flavobacterium oreochromis*, as infecções resultam em lesões na pele, brânquias e órgãos internos, comprometendo a saúde e o desempenho dos animais, o que representa um desafio significativo para a indústria aquícola, pois causam surtos elevados de mortalidade na aquicultura, afetando a produção de tilápia. A seleção genética para resistência a doenças pode representar uma alternativa sustentável e eficaz para reduzir a mortalidade e, portanto, melhorar o desempenho produtivo da tilápia. Para verificar se a resistência á *Flavobacterium oreochromis* pode ser incluída em programas de seleção genética, é necessária a estimativa de parâmetros genéticos. O objetivo deste estudo foi estimar os componentes de variância e herdabilidade para a resistência á *Flavobacterium oreochromis* em tilápia, por meio de desafio experimental realizado em 116 famílias de irmãos completos, resultando na análise de 850 indivíduos. Durante 14 dias de desafio, foram registradas a taxa de sobrevivência (TS) e o tempo de morte (TM) dos peixes que apresentaram sinais clínicos de infecção por *Flavobacterium oreochromis*. Não foi detectada influência do peso sobre TS ou TM. Os dados genéticos foram analisados com dois modelos animais univariados diferentes usando TS e TM. O TS cumulativo total variou consideravelmente entre as famílias, o que indicou uma variação fenotípica significativa relacionada à resistência à infecção por á *Flavobacterium oreochromis*. O TM variou de 840 a 21.600 min, com média de 7044 ± 8632 minutos. Altos valores de herdabilidade (h^2) foram encontrados para TS ($0,565 \pm 0,007$), enquanto para TM apresentou baixo valores de h^2 ($0,102 \pm 0,048$). Nossos resultados representam o primeiro relato de parâmetros genéticos para resistência a esta doença em uma espécie de peixe de alta produção e indicam que a resistência contra *Flavobacterium oreochromis* em tilápia pode ser melhorada por meio de melhoramento seletivo.

Palavras-chave: tilápia do Nilo, resistência, herdabilidade, *Flavobacterium oreochromis*



PREDIÇÃO DO AMBIENTE CLIMÁTICO INTERNO DE UM *COMPOST BARN* COM MODELOS DE *MACHINE LEARNING*

MERCÊS, R.D.A¹; GUIMARÃES, M.C.C²; SOUZA, P.J.R³; SANTOS, L.C²; DALLAGO, G.M^{4,5}

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: renata.drosghic@ufvjm.edu.br;

²Professor, Departamento de Agronomia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

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

⁴Professor, Department of Animal Science, University of Manitoba;

⁵Jovem Docente Permanente, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

Devido às mudanças climáticas, espera-se que a incidência, intensidade e duração de eventos climáticos extremos como as ondas de calor aumentem. Prever as condições climáticas internas de uma instalação, a partir de variáveis externas, torna-se uma estratégia interessante na antecipação de risco de estresse por calor na bovinocultura leiteira. As previsões podem orientar tomadas de decisão que visem proporcionar conforto térmico aos animais e preservar sua produtividade, mesmo diante de cenários climáticos desafiadores. O objetivo desse trabalho foi desenvolver um modelo para prever as condições climáticas internas de um galpão de confinamento *compost barn* utilizando variáveis climáticas externas. A área interna do galpão utilizado, localizado na cidade de Diamantina-MG, foi dividida em três áreas e a temperatura (°C) e umidade (%) foram coletadas com um *data logger* de hora em hora no centro de cada área entre 01 de julho a 23 de setembro de 2023 (n = 2031 observações). Essas variáveis foram utilizadas para o cálculo do índice de temperatura e umidade (ITU) para cada ponto, sendo essa definida como variável predita. A temperatura (°C), umidade relativa (%) e velocidade do vento (m/s) do ambiente externo foram obtidas da estação meteorológica próxima ao galpão, sendo estas definidas como as variáveis preditivas. Para cada ponto, os dados foram divididos em arquivo de treino (80%) e de teste (20%), utilizando a partição estratificada para manter a distribuição da variável predita similar entre os arquivos. Além da regressão linear, foram treinados três modelos de *machine learning*, sendo estes a árvore de decisão, o *gradient boosting machine* e a floresta aleatória. A otimização bayesiana e a validação cruzada 5-fold foram utilizadas para determinar os hiperparâmetros para cada modelo de *machine learning*. Os modelos foram avaliados pela raiz do erro quadrático médio (RMSE), erro médio absoluto (MAE) e coeficiente de determinação (R²) nos arquivos de treino e teste. O modelo que obteve melhor desempenho na previsão do ITU dos diferentes pontos do galpão foi o de *gradient boosting machine*. Ele apresentou um RMSE de 1,42, 1,26 e 1,07, MAE de 1,08, 0,95 e 0,82 e o R² de 0,93, 0,94 e 0,96 respectivamente para os pontos 1, 2 e 3 do galpão. Por outro lado, os piores modelos foram a árvore de decisão para o ponto 1 (RMSE = 1,54; MAE = 1,18 e R² = 0,92) e a regressão linear para os pontos 2 (RMSE = 1,40; MAE = 1,11 e R² = 0,93) e 3 (RMSE = 1,19; MAE = 0,96 e R² = 0,95). Os resultados deste estudo destacam o potencial do modelo *gradient boosting machine* como ferramenta para a gestão climática de galpões *compost barn*, permitindo antecipar o risco de estresse por calor através da previsão das condições climáticas dentro da instalação e possibilitando a adoção de intervenções preventivas e estratégicas de

controle climático para garantir o desempenho e bem-estar do rebanho.

Palavras-chave: estresse por calor, bovinocultura leiteira, modelos computacionais, índice de temperatura e umidade, instalações zootécnicas



PREDIÇÃO DO PESO DA CARÇAÇA E PESO TOTAL DOS CORTES COMERCIAIS DE SUÍNOS UTILIZANDO IMAGENS 3D DE SECÇÕES DA CARÇAÇA

LACERDA, M.C.M.¹; SIQUEIRA, I.P.²; BARCELLOS, J.²; VERONEZE, R.³; SCHULTZ, E.B.³; CHIZZOTTI, M.L.³

¹Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: maria.c.lacerda@ufv.br;

²Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ³Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Dados de carcaça coletados nos abatedouros são fundamentais para que as empresas de melhoramento possam aumentar a qualidade das carcaças e a quantidade de carne comercializada por animal abatido. Além disso, informações básicas de carcaça são utilizadas para remuneração dos produtores, mas que podem não refletir totalmente a qualidade da carcaça produzida. A obtenção de dados detalhados da carcaça no frigorífico é desafiadora uma vez que existem restrições sanitárias e a necessidade de coleta de forma rápida e em larga escala. O uso de imagens e de novas tecnologias podem facilitar e otimizar a coleta de dados, uma vez que a partir de uma imagem pode-se extrair diversas medidas da carcaça. Portanto, objetivamos avaliar se é possível prever o peso da carcaça quente (PCQ) e o peso total dos cortes comerciais (PTC) a partir de secções de modelo 3D da carcaça obtidas com o uso de scanner manual. Neste estudo, foram utilizadas 39 meias-carcaças de suínos machos de 5 meses de idade. O PCQ e as imagens 3D foram obtidos antes do processo de refrigeração. Após 24h de refrigeração a meia-carcaça foi espostejada e todos os cortes comerciais pesados para obter o PTC. Para a obtenção das imagens 3D, as meias-carcaças foram fixadas por um gancho numa posição e altura pré-determinadas e digitalizadas manualmente com um scanner portátil (Artec Leo). As imagens digitalizadas foram então importadas para o software Artec Studio 17 para gerar os modelos 3D. Com o modelo 3D final da carcaça, foram obtidas cinco secções do modelo 3D: S1 - corte longitudinal após a segunda costela; S2 - corte longitudinal após a oitava costela; S3 - corte longitudinal após a última costela; S4 - corte longitudinal após o sacro e S5 -secção restante após a remoção de S1 a S4. O volume de cada secção foi calculado e o software R foi utilizado para investigar a relação entre o PCQ e PTC e o volume da secção através da regressão linear simples. Na predição do PCQ o coeficiente de determinação (R^2) da regressão variou de 0,07 para a S4 a 0,44 para a S1, sendo que S1 também apresentou o menor erro quadrático médio (RSME). Enquanto, para PTC S2 e S3 apresentaram o maior R^2 (0,28) e menor RSME (1,39) e S5 apresentou o menor valor de R^2 (0,04) e maior RSME (1,60). Os valores de R^2 podem ser considerados baixos, mostrando que o uso do volume de somente uma secção da carcaça não prediz de forma satisfatória o PCQ ou o PTC. Contudo, o fato de diferentes secções apresentarem o maior R^2 PCQ e PTC, permitem direcionar os estudos futuros de modo diferente para ambas as características, de modo a identificar cortes ou secções que permitam uma melhor predição de ambas as variáveis. O uso de modelos 3D para predição de características de carcaça em frigoríficos é promissor, contudo, diferentes secções 3D ou cortes deveriam ser

avaliados, uma vez que os propostos neste trabalho não apresentaram predições satisfatórias principalmente para PTC.

Palavras-chave: scanner 3D, regressão, frigorífico



PREDIÇÃO GENÔMICA MULTIRRACIAL PARA EFICIÊNCIA REPRODUTIVA EM BOVINOS DE ORIGEM ZEBUÍNA

GUBIANI, G.¹; TEMP, L.B.²; TEODORO, M.³; SILVA, R.T.⁴; GABIATI, E.⁵; LONDOÑO-GIL, M.⁶; GUIDUGLI, L.⁷; BALDI, F.⁸

¹ Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, e-mail: gabriel.gubiani@unesp.br

² Mestranda em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

³ Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁴ Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁵ Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista;

⁶ Doutoranda em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁷ Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁸ Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

A precocidade sexual é uma característica fundamental na reprodução de bovinos de corte, desempenhando um papel decisivo para o sucesso da atividade pecuária e impactando diretamente tanto a produtividade, quanto a longevidade das fêmeas no rebanho. Este estudo avaliou métodos de predição genômica em uma população multirracial composta por Nelore, Guzera, Brahman e Tabapuã para a característica idade ao primeiro parto (IPP). Utilizou-se o modelo BLUP genômico de passo único (ssGBLUP) em quatro abordagens: avaliação de raça única (SB), multirracial padrão (MD), metafundadores (MF) e ajuste da matriz de relacionamento genômico pelas frequências alélicas específicas de cada raça (AGR). A abordagem SB foram análises individuais por raça, MD utilizou as frequências alélicas atuais, MF descreveu relações genéticas entre raças (um metafundador por raça) e AGR ponderou a matriz G para cada raça. A análise incluiu animais nascidos entre 2002 e 2021. No total 163.514 registros de IPP foram considerados, onde 152.769 eram da raça Nelore, 5.011 da Guzera, 4.086 da Brahman e 1.648 da Tabapuã. O chip Zoetis ZBN (74k SNP) foi usado para genotipar 58.367 animais, sendo: Nelore (51.733), Guzera (1.532), Brahman (4.370) e Tabapuã (732). Os dados foram divididos em dois subconjuntos: completo (com todas as informações) e parcial (sem dados fenotípicos de 2021). Os animais da validação foram os nascidos em 2021, que possuíam dados de genótipo e fenótipo, mas sem registro de progênie, totalizando 9.919 indivíduos. A capacidade de predição foi avaliada por regressão linear (LR) no conjunto de validação. Em comparação ao modelo SB, que apresentou as menores acurácias para Guzera (0,78), Brahman (0,94) e Tabapuã (0,52), com vieses de 0,04, -0,12 e -0,03, e dispersões de 0,93, 0,95 e 0,82, respectivamente, os modelos multirraciais foram superiores. A abordagem MF obteve a maior acurácia para Guzera (0,89), Brahman (0,96) e Tabapuã (0,85), com vieses de -0,01, -0,10 e 0,01, e dispersões de 0,94, 0,94 e 0,94, respectivamente. Para o Nelore, as abordagens SB e AGR obtiveram as maiores acurácias (0,99 e 0,99) e os melhores vieses (-0,04 e -0,09), enquanto o modelo MD apresentou a menor dispersão (0,92). Raças geneticamente mais próximas ao Nelore, como Guzera e Tabapuã, apresentaram resultados proporcionalmente superiores ao Brahman, destacando os benefícios da avaliação multirracial para raças menores. Esses resultados destacam a importância da avaliação genômica multirracial, especialmente para raças menores, que se beneficiam das relações genéticas com raças que possuem maior

quantidade de dados fenotípicos e genotípicos. As abordagens utilizadas permitem uma identificação mais precisa de animais geneticamente superiores, acelerando o progresso do melhoramento genético e contribuindo para o aumento da eficiência na produção de carne.

Palavras-chave: acurácia de predição; metapopulação; precocidade sexual



PREDIÇÃO GENÔMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS NELORE

TEODORO, M.¹, GUABIANI, G.², GUIDUGLI, L.³, GABIATI, E.², LONDONO-GIL, M.⁴, OLIVEIRA, E.S.², MOTA, L.F.M.⁵, MAIORANO, A.M.⁶, BALDI, F.⁷

¹Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia Universidade Estadual Paulista, email: miller.teodoro@unesp.br; ²Mestrando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de São Paulo;

³Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de São Paulo;

⁴Doutoranda em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista; ⁵Pós Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de São Paulo; ⁶Professor Adjunto, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Uberlândia;

⁷Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de São Paulo.

As características de eficiência alimentar têm sido amplamente utilizadas na seleção de bovinos de corte, estando diretamente associadas à produtividade, lucratividade e sustentabilidade. No entanto, devido aos altos custos para mensuração dessas características, o uso de informações genômicas pode maximizar os ganhos genéticos. Neste estudo, o objetivo foi avaliar o aumento da acurácia de predição genômica utilizando BLUP genômico de passo único (ssGBLUP) para características de eficiência alimentar em bovinos nelore, comparando dois métodos de validação: regressão linear (LR) e validação cruzada k-fold. As características analisadas foram consumo de matéria seca (CMS), consumo alimentar residual (CAR) e ganho de peso residual (GR). Os fenótipos foram coletados de 24.578 animais Nelore (machos e fêmeas), provenientes da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). O arquivo de pedigree continha registros de 45.588 animais, abrangendo até três gerações, com 2.711 touros e 21.273 matrizes. O banco de dados genotípico consistiu em 18.567 animais nascidos entre 2014 e 2023, genotipados com o painel de baixa densidade (Clarifide® Nelore 3.0) contendo 53k marcadores. Os genótipos foram imputados para um painel de alta densidade com 735k marcadores, utilizando o programa FImpute 2.2. Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos com base na fazenda, sexo, ano de nascimento, teste de eficiência alimentar e grupo de manejo. A predição dos valores genéticos foi realizada utilizando os programas BLUPF90+. No modelo animal, o GC foi considerado como efeito fixo, a idade do animal como covariável, e o efeito genético aditivo direto como aleatório. Para determinar a acurácia e a dispersão das predições, foram comparados os métodos LR e k-fold. No método LR, os animais foram divididos em dois conjuntos de dados: um completo, contendo os fenótipos de todos os animais, e outro parcial, do qual foram removidos os fenótipos dos animais mais jovens (nascidos em 2022 e 2023). No método k-fold, o banco de dados foi dividido em cinco subconjuntos aleatórios. As acurácias obtidas pelo método LR foram 0,64, 0,48 e 0,53 para CMS, CAR e GR, respectivamente. Já as acurácias obtidas com k-fold foram 0,70, 0,54 e 0,58, respectivamente, para as mesmas características. O método k-fold apresentou maior acurácia em comparação ao LR, com incrementos de 9,38%, 12,50% e 9,44% para CMS, CAR e GR, respectivamente. A dispersão foi semelhante entre os dois métodos para CMS e GR, mas para CAR, o método k-fold resultou em menor dispersão. Os resultados indicam que o método k-fold proporciona

maior acurácia para as três características avaliadas e menor dispersão para CAR, sugerindo que a aleatoriedade e a divisão do banco de dados em múltiplos subconjuntos favorecem melhorias na predição genômica.

Palavras-chave: acurácia, dispersão, ssGBLUP, validação



PREDIÇÃO GENÔMICA PARA PERÍODO DE GESTAÇÃO EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA

ABREU, C.P.¹; COSTA, C.N.²; SILVA, A.A.³; MARQUES, D.B.D.⁴; LOPES, A.C.⁵; CARVALHEIRA, J.G.V.⁶; LOPES, P.S.⁷; SILVA, D.A.⁴

¹Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: caroline.p.abreu@ufv.br;

²Pesquisador, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG;

³Pós-doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

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

⁵Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁶Professor, CIBIO-InBIO, Universidade do Porto;

⁷Professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A eficiência reprodutiva dos rebanhos é um componente importante da sustentabilidade técnico-econômica dos sistemas de produção de leite. A inclusão de características reprodutivas, como o período da gestação (PG), nos sistemas de avaliação genética pode ser uma forma de contribuir para a obtenção de uma maior eficiência dos rebanhos e evitar perdas significativas por natimortos e abortos. Além disso, avaliar a inclusão de informações genômicas na avaliação genética do PG é de grande importância para o aumento da acurácia dos valores genéticos-genômicos (GEBV). Portanto, objetivou-se avaliar a inclusão de informações genômicas, por meio da abordagem *single-step genomic BLUP* (ssGBLUP), na predição de valores genéticos do PG de vacas da raça Holandesa no Brasil. Um total de 339.510 registros de PG como fenótipos do respectivo feto foi utilizado neste estudo. Além disso, foram considerados 854 touros genotipados e 638.176 animais no pedigree. Para avaliar a inclusão de informações genômicas na avaliação do PG, duas avaliações foram feitas considerando um modelo animal unicaracterístico. Na primeira, baseada apenas no pedigree. Na segunda, os GEBVs para PG foram preditos considerando as informações genômicas. Os modelos incluíram os efeitos aleatórios de grupo de contemporâneos, genético aditivos direto, materno, e paterno, ambiental permanente da vaca e ambiental permanente do touro. O método de validação de regressão linear (LR) foi utilizado para comparar a capacidade preditiva e viés de ambas abordagens. A população de validação foi composta por 114 touros genotipados. As análises foram realizadas com o programa GIBBSF90+, com 500.000 iterações, burn-in de 200.000 iterações e thin de 10. No geral, maiores acurácias e menor viés foram observados na abordagem com informações genômica se comparado a avaliação baseadas somente em pedigree. Os valores de acurácia, coeficiente de determinação (R^2) e viés obtidos por meio do modelo incluindo informação genômica foram, respectivamente, 0,49, 0,34 e 0,24, enquanto para o modelo baseado em pedigree essas estimativas foram 0,41, 0,20 e 0,56. Em geral, a inclusão de informações genômicas por meio da abordagem ssGBLUP para avaliar PG é mais vantajosa para as avaliações genéticas nacionais. Com o aumento no número de animais genotipados espera-se que a abordagem genômica possibilite acurácias ainda maiores, especialmente para animais jovens.

Palavras-chave: ambiente permanente, características reprodutivas, paterno, programas de

melhoramento.

Agradecimentos: Ao CNPq e à FAPEMIG pelo financiamento da pesquisa e à Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH) e Embrapa Gado de Leite pela disponibilização dos dados.



PREDIÇÃO POR IMAGEM DA ESPESSURA DA GORDURA DE NELORES SUPERPRECOSES EM TERMINAÇÃO

BRAGA, P.H.¹; SCHULTZ, E.B.⁴; COSTA.C.A.²; MOREIRA.S.S.²SOUZA,N.^{F2}; LANA,D.S.³

²Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: pedro.h.braga@ufv.br;

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

¹Graduando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

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

A bovinocultura está em mudança buscando desenvolvimento tecnológico e para maior eficiência no sistema de produção. Dentre as características que estão sendo aprimoradas temos indicadores de deposição de gordura altamente relacionados com o acabamento e qualidade da carcaça e da carne. No entanto, o acesso à informação por métodos tradicionais como a ultrassonografia ainda é limitante pois necessita da contenção do animal e mão de obra especializada. Como alternativa, temos a visão computacional com câmeras de baixo custo e ferramentas de inteligência artificial para mensurar as áreas de interesse de forma rápida e não invasiva. Portanto, objetivou-se avaliar o uso de imagens bidimensionais para predição de área da espessura de gordura em nelores superprecoce em terminação. Foram utilizados, ao todo, 25 nelores com média de 7 meses de idade, acompanhados durante 3 meses e monitorados por uma câmera de segurança IntelBras VHL posicionada a 240 cm acima do bebedouro para imageamento dorsal do animal. Para cada vídeo gravado foi retirado um frame por cada animal mensalmente. No mesmo dia das gravações de vídeo, foram realizadas as imagens padrão-ouro de ultrassonografia (Aloka 500) nas regiões mensuradas entre a região da 12^a e 13^a costelas, transversalmente ao músculo *longissimus dorsi* (EG) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8), medida na intersecção dos músculos *gluteus medius* e *biceps femoris*, localizados entre o íleo e o ísquio. As imagens digitais foram processadas pelo software ImageJ e extraídas as informações de área, perímetro, largura e comprimento dorsal. As imagens de ultrassom foram analisadas no software do Aloka para mensuração da espessura de gordura (mm). Na análise exploratória foi realizada a correlação de Pearson e para predição foram otimizados os hiperparâmetros dos algoritmos Random Forest (RF), Lasso, Elastic Net (Enet), Ridge e Support Vector Machine (SVM) por validação cruzada (5 k-fold) com 80% dos dados para treinamento e 20% para teste ponderando a idade do animal na divisão do *dataset*. A avaliação de precisão e acurácia dos modelos foram pelas métricas de raiz quadrática média (RMSE) e o erro médio absoluto (MAE). As correlações entre a EG e EGP8 foram 0,54 e 0,58 para área, 0,50 e 0,48 para perímetro, 0,71 e 0,64 para largura, 0,44 e 0,45 para comprimento, respectivamente. As predições para EG foram: Ridge (R²:0,57; RMSE: 1,10; MAE:0,88), Lasso (R²:0,57; RMSE: 1,09; MAE:0,87), Enet (R²:0,57; RMSE: 1,09; MAE:0,87); RF (R²:0,56; RMSE: 1,08; MAE:0,82) e SVM (R²:0,46; RMSE: 1,20; MAE:0,96). Para EGP8 foram: Ridge (R²:0,42; RMSE: 1,39; MAE:1,71), Lasso (R²:0,43; RMSE: 1,38; MAE:1,16), Enet (R²:0,42; RMSE: 1,39; MAE:1,17); RF (R²:0,57; RMSE: 1,20; MAE:0,92) e SVM (R²:0,43; RMSE: 1,47; MAE:1,29). A precisão dos modelos foi baixa independente da área de avaliação da espessura de gordura e dos modelos testados. Isto ocorre devido à baixa variabilidade entre as avaliações de EG e EGP8. O RF foi o melhor modelo para ambas as predições devido à

flexibilidade com a multicolineariedade de informações retiradas de imagens digitais. Conclui-se que é possível prever a área de espessura da gordura de bovinos nelores suprepoces em terminação por meio de imagens digitais, embora seja necessário aprimorar a metodologia para aumentar a precisão.

Palavras-chave: precisão, monitoramento, tecnologia, câmera



PREDIÇÕES GENÔMICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM ANIMAIS COMPOSTOS MONTANA UTILIZANDO DIFERENTES MODELOS

ALMEIDA, C.A.¹; CARVALHO, R.S.B.²; BALDI, F.³; OLIVEIRA, E.C.M.⁴; ELER, J.P.⁵; FERRAZ, J.B.S.⁵

¹Doutoranda em Biociência Animal, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, email: caroline.assis.almeida@usp.br;

²Professora Doutora, Departamento de Ciências Básicas, Universidade de São Paulo;

³Professor Doutor, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista;

⁴Técnica em Informática, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo; ⁵Professor Titular, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo.

O composto Montana é uma raça desenvolvida no Brasil com a finalidade de aumentar a produtividade e a qualidade da carne, explorando a heterose e a complementaridade entre raças. Devido à diversidade de raças envolvidas no programa, foi adotado o conceito de tipo biológico: N (zebúinos), A (taurinos adaptados ao ambiente tropical), B (taurinos de origem britânica) e C (taurinos de origem continental). Esse estudo teve como objetivo avaliar a habilidade de predição genômica para características de carcaça de modelos que incluíam os efeitos dos tipos biológicos e efeitos não aditivos em bovinos compostos, utilizando o método de regressão linear (LR). As análises foram conduzidas no Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo. Foram utilizados dados fenotípicos de 14.422 animais para as características de área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura na picanha (EGP8), espessura de gordura subcutânea (EGS) e marmoreio (MAR). O pedigree continha 193.129 animais, e o conjunto genômico incluiu 3.911 indivíduos. As predições dos valores genéticos foram realizadas com o software BLUPF90+. Três modelos foram utilizados (M1, M2 e M3), os quais incluíram os efeitos fixos de grupo contemporâneo, transferência de embrião, idade ao ultrassom e idade da vaca ao parto (linear e quadrática) como covariáveis. O efeito genético direto do animal e o resíduo foram considerados como efeitos aleatórios. A partir do M2, foram incluídos os efeitos de tipo biológico e heterose direta como covariáveis; no M3, o efeito de recombinação direta foi adicionado como covariável. A habilidade preditiva dos modelos foi avaliada pelo método de validação LR, utilizando o banco de dados completo e uma versão reduzida, no qual os fenótipos de animais jovens genotipados e sem progênes foram excluídos, resultando em um arquivo de validação com 369 animais. A acurácia de predição foi superior no M1 para todas as características, com valores de 0,7236 para AOL, 0,5619 para EGP8, 0,5277 para EGS e 0,3854 para MAR. Em termos de dispersão, o M1 também apresentou os melhores resultados, exceto para AOL, no qual o M3 apresentou uma dispersão menor (1,0142 contra 1,0197 no M1). O viés foi melhor no M1, ou seja mais próximo de zero, indicando um modelo com menor diferença entre a predição completa e a reduzida, exceto para MAR, em que o M2 obteve o valor -0,0167 contra -0,0171 no M1. Portanto do ponto de vista estatístico os modelos menos complexos, que não incluíram tipos biológicos, heterose e recombinação direta, mostraram-se mais adequados em termos de acurácia, dispersão e viés para a maioria das características. Esses resultados sugerem que os efeitos adicionados possuem pequena contribuição para a predição dos valores genéticos. Isso pode ser explicado pela consolidação da população do composto

Montana nos últimos anos, o que levou o modelo mais simples a ter um melhor desempenho para as características de carcaça analisadas.

Palavras-chave: heterose, modelos genéticos, recombinação, validação



PREDIÇÕES INDIRETAS PARA RAÇAS DE GADO INDICINO BASEADAS EM UMA AVALIAÇÃO GENÔMICA MULTIRRACIAL

LONDOÑO-GIL, M.^{1,*}; HIDALGO, J.²; TEODORO, M.³; BALDI, F.⁴; LOURENCO, D.⁵

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista - Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, email: londono.gil@unesp.br;

²Professor Assistente, Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia; ³Doutorando em Ciência Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista; ⁴Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

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

As predições indiretas (PI) são usadas para animais jovens genotipados que não possuem fenótipos ou são de rebanhos comerciais. Esses animais são frequentemente excluídos de avaliações oficiais para evitar a diminuição da acurácia e o aumento da inflação e viés nos valores genômicos (GEBV). No Brasil, a informação é escassa para raças como Brahman, Guzerá e Tabapuã. Predições indiretas baseadas em uma população de referência mais extensa podem aumentar a precisão da seleção genômica nessas raças, e as diferentes bases genéticas entre raças podem ser modeladas usando metafundadores (MF). Este estudo teve como objetivo calcular PI para animais jovens genotipados das raças Nelore, Brahman, Guzerá e Tabapuã na presença ou ausência de MF para modelar diferenças genéticas entre raças. MF são pseudo-indivíduos que atuam como proxies para animais na população base. Registros dos quatro programas de melhoramento da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP—Ribeirão Preto, SP, Brasil) foram utilizados. Os dados incluíram pedigree (4,2M), fenótipos (329K) e genótipos (63,5K) em todas as raças. As características analisadas foram peso ajustado aos 210 (W210) e 450 (W450) dias de idade e a circunferência escrotal aos 365 (SC365) dias de idade. Foram realizadas análises de raça única e multirracial. As predições indiretas foram derivadas como a soma dos efeitos dos SNPs ponderados pelo conteúdo gênico usando três populações de referência: raça única (dentro da raça), ssGBLUP multirracial com MF e sem MF, e para raças pequenas com base no Nelore. Os cenários foram comparados usando o método de regressão linear (LR) para viés, dispersão e precisão para analisar as PI desses animais versus seus GEBV do conjunto de dados completo (GEBV_w) quando todas as suas informações foram incluídas. Os resultados indicam que adicionar MF ajudou a diminuir o viés (valores mais próximos de 0) e evitar sub ou superdispersão (valores mais próximos de 1), com ligeiro aumento na acurácia das PI (valores mais altos, próximos de 1). A combinação de raças aumentou a acurácia das PI, principalmente quando o número de animais genotipados em uma única raça era pequeno. Esses resultados sugerem que, quando animais jovens genotipados não são incluídos em uma avaliação multirracial oficial, PI robustas podem ser obtidas com a modelagem adequada, independentemente da raça. Esse processo permite predições genômicas rápidas para animais jovens sem sobrecarregar o sistema de avaliação

Palavras-chave: animais jovens, genômica, metafundadores, população de referência e seleção

QUAL O MELHOR LOCAL PARA MENSURAR TEMPERATURA CORPORAL DE CABRAS LEITEIRAS JOVENS COM A IMAGEM TERMOGRÁFICA?

FERREIRA, T.¹; NOGUEIRA, A.G.D.²; LINO, E.N.³; LANA, D.S.⁴; SCHULTZ, E.B.⁵

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Email: tamara.ferreira@ufv.br;

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

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

⁴Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa,

⁵Professora adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Alterações na temperatura corporal dos animais são um indicativo de possíveis doenças infecciosas e de desconforto térmico, para garantir a produtividade e o bem-estar, deve haver o monitoramento da temperatura animal. O método convencional, que utiliza a medição da temperatura retal, apresenta entraves como o risco de contaminação entre os animais, o estresse durante o procedimento e a necessidade de mão de obra para contenção. A termografia é uma alternativa promissora, usando câmeras que capturam a temperatura da superfície corporal através da emissividade de calor, um método prático, preciso e menos invasivo. Considerando o potencial das imagens termográficas, objetivou-se por meio deste estudo encontrar o melhor local para mensurar a temperatura corporal de cabras leiteiras jovens a partir da termografia. Foram utilizadas 45 cabras das categorias cria e recria com idades de 30 dias a 12 meses e peso de 8kg a 32kg. A temperatura retal de todos os animais foi coletada com um termômetro digital, que foi higienizado entre cada coleta, no mesmo local onde as imagens termográficas foram capturadas. Para as imagens infravermelhas foi utilizada a câmera termográfica (FLIR C5) e a contenção do animal foi realizada manualmente. A captura desses dados foi feita com a distância de 1m entre a câmera e o animal. Para melhorar a análise, após o download das imagens no computador foram definidos os parâmetros: local de avaliação, filtro e escala da imagem. O software FLIR Tools foi utilizado para extrair a temperatura média das regiões do globo ocular, subescapular, dorsal, cabeça e área subocular. Em cada imagem foi aplicado o filtro Grey, com a temperatura mínima ajustada para 36°C e a máxima para 42°C. Para análise de dados foi realizado o método *Bland Altman no software R*. Os dados mais satisfatórios para a pesquisa foram obtidos na região subescapular com média de 7,829°C, limite superior de 10,378°C e inferior de 5,280°C, em seguida, com resultados similares, as regiões ocular e subocular com média de 5,341°C; 5,577°C, limites superiores de 8,045°C; 9,003°C e inferiores de 2,636°C; 2,152°C, respectivamente. Posteriormente, a mensuração da cabeça com média de 8,086°C, limite superior 4,776°C e inferior de 11,396°C, e a região dorsal obteve as maiores diferenças, tendo uma média de 5,416°C, limite superior de 10,512°C e inferior de 0,319°C. A técnica de imagem termográfica mostrou-se promissora para mensurar a temperatura corporal de forma não invasiva para cabras leiteiras. Conclui-se que é possível utilizar imagens termográficas para mensurar temperatura corporal de cabras leiteiras jovens, sendo o local mais equivalente entre métodos a região subescapular.

Palavras-chave: Termografia, Temperatura, Tecnologia.



REDUCING INDEX SIZE USING OPTIMIZATION: A FOCUS ON SIMPLICITY

SANTOS, M.G.¹; BOCK, M. J.²; LIMA, A.R.¹; MARTINS, T.F.¹; ROCHA, R. F. B.³; COBUCCI, J. A.⁴; SILVA, M. V. G. B.⁵; GUIMARAES, S. E. F.⁶

¹Phd Student in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: mateus.g.santos@ufv.br; ²Master's Student in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Postdoctoral Research in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁴Full professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul;

⁵Researcher, Embrapa Gado de Leite;

⁶Full professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

The selection index plays a major role in multi-trait scenarios, allowing for different selection pressures, such as positive, negative, and null. While it is easy to use, especially with empirical weights, an n-trait problem can arise where the index consists mainly of traits without significant correlated response (CR). This study aims to optimize the simplest combination of traits to maximize the index for eight simulated traits. The simulation in AlphaSimR involved 5,000 animals and 29 chromosomes based on the bovine genome. Eight traits were simulated with a fixed phenotypic variance of 1000, and heritabilities were set from 0.05 to 0.40 in 0.05 increments. CR was calculated as $CR = i\sigma_i$, where $\sigma_i^2 = \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{c}$ with \mathbf{c} representing covariances between the target trait's additive value and auxiliary traits, and \mathbf{V} as the matrix of phenotypic variances and covariances. Direct selection (DS) response was obtained by multiplying each trait's square root of heritability by its additive genetic variance. The ratio (RA) was calculated by dividing CR by the DS response. Twenty minimal importance points (IP), ranging from 0.00 to 0.20 in 0.01 increments, were used to minimize trait numbers in the index. Traits were added only if they increased the RA beyond the IP threshold. A local search was applied to maximize CR with the fewest traits, the final index was calculated using equal weights, and the Spearman correlation (SC) with the target estimated breeding value was calculated to assess re-ranking. CR decreased as heritability increased, with RA ranging from 1.00 to 1.55 (excluding cases where the RA was equal to 1.00, indicating no index was used), and the average ratio for all traits is 1.17. For traits with heritabilities above 0.15, the minimal importance breakdown marked the point where CR provided no advantage over DS; this point depended on the arrangement of genetic and phenotypic covariances within the target and auxiliary traits and approximately 1.06. The SC ranged from 0.30 to 1.00, with lower values observed when an importance of 0.00 was used; in this case, the mean SC was 0.46. In cases where SC was different from 1.00 (indicating that an index was used), the mean was 0.55. The results show that RA is inversely proportional to the target trait's heritability, with the indices proving to be more advantageous for traits with lower heritability. Each trait has a breakdown point that marks the minimal importance value that can be used to minimize the index size. With a lower importance value, SC decreases significantly, indicating that a large index can be inefficient. This approach can be applied to real breeding populations.

Key-Words: local search, correlated response, spearman correlation



REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS AO MARMOREIO EM SUÍNOS DE LINHAGEM SINTÉTICA

NETTO, M.S.^{1*}; OSELAME, G.¹; PEIXOTO, J.O.²; CANTÃO, M.E.²; CAREEÑO, L.O.D.³; FREITAS, P.H.F.³; IBELLI, A.M.G.⁴; LOPES, J.S.³; FREITAS, M.S.³; LEDUR, M.C.^{2,5}

¹Mestrando em Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), e-mail: mathiassunyenetto@gmail.com

²Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC. ³BRF SA, Curitiba, PR.

⁴Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

⁵Professora Permanente do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – CEO / UDESC Oeste, Chapecó, SC.

A carne suína é uma das proteínas animais mais consumidas no mundo e o Brasil, terceiro maior produtor global, utiliza diversas raças e linhagens em sua produção, incluindo linhas sintéticas. As linhagens sintéticas são desenvolvidas para aproveitar a heterose ou vigor híbrido, resultante do cruzamento de raças puras, com o objetivo de melhorar características economicamente importantes. Entre essas características, o marmoreio, que é a porcentagem de gordura entre as fibras musculares da carne, tem impacto direto na preferência dos consumidores. Com herdabilidade de aproximadamente 39%, essa característica é significativamente influenciada pela genética, mas os genes responsáveis por sua variação ainda não são totalmente conhecidos. Este trabalho visa identificar SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) e regiões genômicas associadas ao marmoreio em uma linhagem suína sintética. Os dados fenotípicos e de pedigree foram cedidos pela empresa BRF S.A. e os 234 animais foram classificados em dois grupos: alta e baixa porcentagem de marmoreio, seguindo os escores da classificação americana. Amostras de tecido da cauda foram utilizados para extração de DNA e os animais foram genotipados com o painel *Porcine SNP80 BeadChip* da Illumina®. O controle de qualidade (CQ) foi realizado no *software* PLINK 1.9, eliminando SNPs com frequência do alelo menor (MAF) inferior a 2%, *call rate* menor que 98% e aqueles fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg (p -valor $< 1 \times 10^{-6}$). Indivíduos com mais de 10% de dados ausentes ou com pedigree inconsistente também foram excluídos. Após o CQ, restaram 228 amostras e 56.978 SNPs. A análise de associação genômica foi realizada com o *software* PLINK 1.9 em um delineamento caso-controle. O critério de Bonferroni foi utilizado para definir o limiar de significância a 5% do genoma ($p < 8,8 \times 10^{-7}$) e associação sugestiva foi considerada quando $p < 1,8 \times 10^{-5}$. Foram identificados 107 SNPs sugestivos na maioria dos cromossomos do suíno (SSC) e 20 SNPs significativos, localizados majoritariamente nos SSC 13, 14 e 15. Alguns dos SNPs identificados já foram relatados por outros autores, como Gao et al. (2021) e Wang et al. (2023), corroborando com estudos anteriores sobre a associação desses marcadores genéticos ao marmoreio em suínos. Assim, os SNPs identificados neste estudo, após validação, poderão auxiliar na seleção de animais geneticamente superiores, promovendo

avanços na qualidade da carne suína. Posteriormente, genes candidatos posicionais serão prospectados para melhorar o entendimento da arquitetura genética do marmoreio.

Palavras-chave: gordura intramuscular, qualidade da carne, melhoramento genético, SNPs.



SELEÇÃO PARA RESISTÊNCIA A ENFERMIDADES EM TILÁPIAS DO NILO

CASTRO-ZAMBRANO, L.A.^{1,2}; COSTA, R.L.²; RIVEIRO, R.P.³

¹Professor Assistente, Departamento de Zootecnia, Universidad Nacional Experimental del Táchira, email: lcastro@unet.edu.ve; ²Doutorando em Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá;

³Professor Associado, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá.

Diversas doenças em organismos aquáticos restringem seriamente a expansão e o desenvolvimento da aquicultura. As principais enfermidades relacionadas à produção da tilápia do Nilo são estreptococose, aeromonas, franciselose, doença columnaris e TiLVD. Ao contrário das estratégias de prevenção, erradicação ou controle cultural de doenças, o melhoramento seletivo oferece controle sustentável de doenças, melhorando a genética de resistência a doenças específicas ou de resistência a fatores estressantes que favorecem as infecções. O objetivo deste trabalho foi avaliar como os estudos sobre resistência a doenças estão impactando a tilapicultura, a partir de uma revisão integrativa. A pesquisa foi realizada na base de dados da Web of Science e no Microsoft Office Excel. As palavras-chaves e scripts booleanos utilizados para identificar as publicações foram: TOPIC: ("resistance" OR "disease" OR "heritability" OR "genetic parameters") AND TOPIC: "tilapia" OR "Oreochromis") AND TOPIC: ("selective breeding programs" OR "genetic improvement programs"). O total de publicações obtidas foi de 464 e a partir disso, foram analisados os títulos, resumos ou trabalhos completos, dos quais foram selecionadas as publicações que continham informações sobre o tema em questão, que totalizaram ao final, 36 publicações entre os anos de 1945 a outubro de 2024. Os resultados mostram que estudos sobre seleção para resistência a doenças vem crescendo a cada ano, especialmente a partir de 2019, com 64% dos estudos abordando a seleção genética tradicional enquanto o 36% restante refere-se à seleção genômica (SG) e seleção assistida por marcadores (SAM). As pesquisas focaram principalmente na resistência contra *Streptococcus sp.* com 67% das publicações, seguido dos patógenos TiLVD (11%), *Aeromonas hydrophila* (8,3%), *Francisella sp.* (5,6%), *Flavobacterium columnare* (2,8%), *Diplostomum sp.* (2,8%) e *Gyrodactylus cichlidarum* (2,8%). As Herdabilidades foram discriminadas em Sobrevivência e Dias até a morte, com valores de 0,15±0,03 a 0,52±0,12 e 0,13±0,09 a 0,29±0,11, respectivamente. A maioria das herdabilidades foram moderadamente altas, e o uso de informações genômicas (SG ou SAM) aumentaram a precisão do melhoramento seletivo tradicional. A variabilidade genética aditiva dos caracteres estudados indica a possibilidade de ganhos genéticos expressivos com a seleção. É possível alcançar um alto nível de resistência as doenças aqui apresentadas, mediante programas de melhoramento genético. O melhoramento genético de tilápias do Nilo focado na sanidade mostra um campo em rápido desenvolvimento, onde tecnologias emergentes abrem novas possibilidades para a reprodução seletiva. No entanto, para conquistar esses avanços será necessária a compreensão de técnicas avançadas de biotecnologia, e um amplo entendimento da biologia e comportamento dos peixes.

Palavras-chave: *Oreochromis niloticus*, herdabilidade, cria seletiva, genômica.



SISTEMA DE VISÃO COMPUTACIONAL PARA PREDIÇÃO DE RENDIMENTO DE FILÉ EM TILÁPIA

SOUSA, G.G.C.¹; GARCIA, B.F.²; LEMOS, C.G.³; AGUDELO, J.F.G.²; MANSO, S.C.S.³; ARANGO, J.A.R.¹; BUTZGE, A.J.²; BORGES, C.H.S.²; PEREIRA, C.S.³; HASHIMOTO, D.T.⁴

¹Mestrando (a) em Aquicultura, Centro de Aquicultura da Unesp, Universidade Estadual de São Paulo, email: gabryelle.guimaraes@unesp.br;

²Pós-doutorando (a) em Aquicultura, Centro de Aquicultura da Unesp, Universidade Estadual de São Paulo;

³Doutorando (a) em Aquicultura, Centro de Aquicultura da Unesp, Universidade Estadual de São Paulo;

⁴Professor Pesquisador, Centro de Aquicultura da Unesp, Universidade Estadual de São Paulo.

A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) é amplamente distribuída nas regiões tropicais e subtropicais. Essa espécie é a mais importante na produção aquícola brasileira, sendo responsável por 62% da produção total, com uma cadeia produtiva em constante crescimento. Dada sua importância, os programas de melhoramento genético buscam desenvolver linhagens mais adaptadas e produtivas, incluindo linhagens com maior rendimento de carne. A característica de rendimento em peixes é difícil de ser mensurada pois apresenta baixa variabilidade fenotípica e está sujeita a erros de filetagem. Dessa forma, alternativas para automatização da mensuração dessa característica são necessárias. O objetivo deste estudo foi desenvolver um sistema de visão computacional (CVS) capaz de estimar com precisão as proporções e medidas de diferentes partes do peixe relacionadas ao rendimento de filé. Para o desenvolvimento do sistema, foram coletadas imagens de cada animal assim como medidas fenotípicas de peso (total, cabeça e filé). O CVS foi desenvolvido com base na arquitetura de segmentação DeepLab-V3, utilizando blocos convolucionais ResNet50, sendo capaz de identificar quatro áreas de interesse: filé, cabeça, nadadeiras e região das vísceras. O treinamento foi realizado a partir da segmentação de 1000 frames de vídeos de 800 peixes com a unidade de processamento gráfico (GPU) Tesla T4 com aproximadamente 16 GB de RAM oferecida na plataforma Google Colab. Um tamanho de lote de quatro foi aplicado para 100 épocas e uma taxa de aprendizado de 0,0001 usando o algoritmo de otimização de Adam. O modelo alcançou uma acurácia de pixel de 96,12% após 100 épocas, mostrando que pode segmentar automaticamente com alta precisão as regiões de interesse. As correlações de Pearson entre as medidas fenotípicas e as obtidas pelo CVS foram igualmente elevadas. Encontrou-se correlações variando de 0,83 a 0,94 entre o número total de pixels mensurados pelo CVS e as características de peso total, peso do filé e peso da cabeça, evidenciando que o modelo pode ser usado para estimar a biomassa de partes específicas dos peixes. Também foi observada uma correlação de 0,58 entre o rendimento e o peso do filé. A aplicação desse CVS permitirá maior eficiência aos programas de melhoramento genético em tilápia, facilitando a seleção de indivíduos com características superiores por meio de uma metodologia não invasiva, automatizada, rápida e de baixo custo.

Palavras-chave: sistema de visão computadorizada, tilápia, rendimento de filé.



STUDY OF PUBERTAL PROFILE IN GIROLANDO HEIFERS 3/4 AND 5/8: DEVELOPMENT FACTORS

BÖCK, M. J.¹; SCHIMIDT, A. P. P.²; GUIMARÃES, M.³; ROCHA, R. B.⁴; GUIMARÃES, J.D.⁵;
GUIMARÃES, S.E. F.⁶

¹Master's Student in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: marcelo.bock@ufv.br; ²Master's in Animal Veterinary Science, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

³Phd Student in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁴Postdoctoral Researcher in Animal Science, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁵Full professor, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa; ⁶Full professor, Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa;

The demand for young, productive dairy cattle has driven interest in optimizing reproductive management. Puberty marks the onset of reproductive capacity in females, accompanied by skeletal development and pelvic formation, which support gestation and lactation. With 80% of the Brazilian dairy herd being of *Bos indicus* origin or crossbred, breeds like Girolando are increasingly used, particularly in challenging climates. In this context, accurate information about puberty in Girolando females can help producers optimize reproductive management, particularly determining the ideal time for insemination. This study aims to evaluate the influence of age on the characteristics associated with puberty in Girolando females (3/4 and 5/8) and provide a deeper understanding of the relevant traits for dairy production management. The study followed the ethical guidelines of DVT/UFV and was conducted with 61 Girolando heifers (18 animals 3/4 and 43 5/8) in a semi-intensive system at Fazenda Ouro Verde, MG. The heifers, aged 5 to 12 months, were fed tifton grass and supplements. Body measurements, taken every 21 days, included estimated weight using a tape measure, withers height using a height gauge, and pelvic dimensions to calculate pelvic area using the trapezoidal formula. Height was indirectly measured by calculating the distance between the ilium and ischium, as well as the difference between the greater and lesser bases. A simple linear regression with a 5% p-value was applied to assess the effect of age on body characteristics. The results showed that age had a significant effect on all body measurements evaluated for both genetic groups ($p < 0.0001$). The magnitude of the estimated coefficients revealed similar values for both genetic groups, suggesting that the degree of heterosis in these females is not directly associated with physiological maturation, but rather with body condition score (BCS). The average age at puberty for Girolando heifers was 452.8 ± 20.18 days for the 3/4 group and 481.14 ± 28.99 days for the 5/8 group. Of the 61 females initially selected, only 12 females reached puberty (five 3/4 and seven 5/8). Although the total number of 3/4 females were smaller, a higher proportion (27.78%) of them reached puberty compared to the 5/8 group (16.28%). The 3/4 and 5/8 groups showed no statistically significant difference regarding the age at puberty, with averages of 452.8 and 481.14 days, respectively. These results highlight the need for further research to better understand puberty in Girolando heifers. Therefore, conducting additional studies to deepen the understanding of this process in Girolando heifers is essential.

Keywords: Genetic component; puberty; physiological maturation.



SUMARIZAÇÃO POR AUTOVETORES (PCA) DE ATRIBUTOS MORFOMÉTRICOS VARIÁVEIS EM UMA SUBPOPULAÇÃO DE EQUINOS ADULTOS MANGALARGA MARCHADOR

FREIRE, A.¹; RIBEIRO, A.O.²; SOUZA, F.A.C.³; NASCIMENTO, B.M.⁴; MEIRELLES, S.L.C.⁵; MOURA, R.S.⁶

¹Doutorando em Zootecnia, Bolsista CNPq, Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras (UFLA), e-mail: alan.freire1@estudante.ufla.br;

²Professor Associado, Departamento de Estatística, Instituto de Ciências Exatas e Tecnológicas, Universidade Federal de Lavras;

³Doutor em Zootecnia – UFLA, Jurado das Associações Brasileiras dos Criadores de equinos das raças Mangalarga (ABCRM) e Campolina (ABCC-Campolina);

⁴Graduanda em Zootecnia, Bolsista PIBIC-CNPq, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras;

⁵Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras;

⁶Professora Associada, Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária, Universidade Federal de Lavras.

A análise de componentes principais (PCA) pode contribuir na tomada de decisões, com base em resultados científicos, de quais atributos fenotípicos seriam mais estratégicos ou desejáveis para inclusão na sistemática de registro genealógico e critérios de seleção para melhoramento de equinos selecionados para marcha no Brasil. Objetivou-se no presente estudo sumarizar as variáveis morfométricas (46 medidas corporais - 34 lineares e 12 angulares; peso vivo; 11 índices zootécnicos usados para análise funcional), por meio de escores calculados (autovetores PCA), que possuem maiores influências na variabilidade fenotípica e diferenças de conformação observadas em uma subpopulação de equinos adultos MM. Foram avaliados 273 equinos (71 machos e 202 fêmeas), adultos ($11,7 \pm 5,1$ anos), registrados nos livros MM5 e MM6 (com genealogia conhecida), descendentes (filhos, netos ou bisnetos) de 49 ancestrais genéticos desta raça, e oriundos de 52 propriedades nos estados de MG (N = 215), SP (N = 22), RJ (N = 20), RS (N = 8) e BA (N = 8). Foi observado correlações moderadas a altas em 41,67% das medidas lineares, 58,33% das medidas angulares e 100% dos índices zootécnicos. Os cinco primeiros componentes explicaram 69,2% da variabilidade das medidas lineares. Três componentes explicaram 70,7% das angulares. E dois componentes explicaram 68,4% da variabilidade dos índices zootécnicos estudados. Dentre as medidas lineares, as variáveis que mais contribuíram significativamente para a PC1 foram: altura de cernelha e garupa; comprimento da garupa e espádua; além de duas medidas inéditas citadas empiricamente por criadores de raças marchadoras (“Triângulo” e “Z” da marcha) e estudadas de forma objetiva através de metodologia preliminar proposta pela equipe UFLA. Nas medidas angulares, as variáveis mais relevantes para a PC1 foram: ângulos escápulo-solo, escápulo-umeral e pelve-solo. E para os índices zootécnicos, os atributos que mais contribuíram na PC1 foram: peso vivo; índice de conformação; índices de carga 1 e 2; índice dáctilo-torácico; e índices de compactidade 1 e 2. Esses resultados indicaram que as variáveis sumarizadas nos PC1 refletem diferenças na conformação e funcionalidade dos equinos. Ademais, muitos dos atributos atualmente medidos podem ser redundantes, oferecendo pouca informação adicional para

discriminar diferenças na conformação dos animais. Essa redundância onera o processo de avaliação, e dilui o foco sobre características que são determinantes para a funcionalidade da raça. Apenas seis das 12 medidas lineares obrigatórias no processo de registro genealógico de equinos MM foram relacionadas com a variabilidade dos animais estudados, sugerindo uma necessidade de uma revisão da atual sistemática visando melhorar a sensibilidade na identificação de características fenotípicas de interesse para garantia do padrão racial vigente para conservação e melhoramento desta raça equina considerada patrimônio nacional brasileiro.

Palavras-chave: componentes principais, conformação, equideocultura, morfometria, padrão racial.

Os autores expressam seus agradecimentos pelo apoio e fomento recebidos das seguintes instituições: MAPA (Termo de Execução Descentralizada No.21000.034497/2016-13), ABCCMM (Convênio No. 165/2017), UFLA, FUNDECC, CAPES, CNPq e FAPEMIG.



TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL E EMISSÃO DE METANO ENTÉRICO EM DOIS REBANHOS NELORE

SOARES, T.L.S.^{1*}; VALENTE, J.P.S.¹; SAKAMOTO, L.S.²; SILVA, J.A.¹; BORGES, M.S.³; MERCADANTE, M.E.Z.^{1,4}

¹Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”; ²Analista administrativo, Associação Brasil SGI; ³Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”; ⁴Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, SAA-SP; *email: tajnara.soares@unesp.br, bolsista FAPESP (2023/14482-9).

O consumo alimentar residual (CAR) é definido como a diferença entre o consumo observado e o consumo esperado. Os animais CAR negativo são considerados mais eficientes, pois consomem menos alimento para ganhar 1 kg de peso vivo. Devido à alta correlação positiva entre consumo de matéria e emissão de metano entérico (CH₄) é esperado que animais CAR negativo emitam menos CH₄ para o ambiente. O objetivo deste estudo foi avaliar a tendência genética para as características CAR e emissão de CH₄ em dois rebanhos Nelore selecionados para diferentes objetivos. Foram avaliados 2149 animais Nelore para CAR e 1152 animais para CH₄, nascidos de 2004 a 2022, pertencentes ao Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de P&D de Bovinos de Corte. Foram avaliados dois rebanhos: Nelore Seleção e Nelore Tradicional. O Nelore Seleção é selecionado para maior peso aos 378 dias (P378) desde 1981. O Nelore Tradicional é selecionado desde 2009 para maior P378 e menor CAR a partir do índice: $[0,5(VGP_{378}/\sigma_{aP378}) + (-0,5(VGCAR/\sigma_{aCAR}))]$, em que VGP378 é o valor genético para P378, VGCAR é o valor genético para CAR e σ_a é o desvio padrão genético de cada característica. Os animais foram genotipados com BovineHD BeadChip (770k) ou GGP Indicus (50k e 70k). Os genótipos de menor densidade foram imputados para o HD. Os valores genéticos foram estimados utilizando o método ssGBLUP a partir do modelo: $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$, em que \mathbf{y} é a característica avaliada; \mathbf{b} é o vetor de efeitos fixos; \mathbf{a} é o vetor de efeitos genéticos aditivos; \mathbf{X} e \mathbf{Z} são as matrizes de incidências associadas a \mathbf{b} e \mathbf{a} , respectivamente; e \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais. Assume-se que $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{H}\sigma^2)$ e $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma^2)$, em que \mathbf{H} é a matriz que combina as informações de pedigree tradicional (6131) com as informações genômicas (3687), \mathbf{I} é a matriz identidade, σ_a e σ_e é a variância genética aditiva e a variância residual, respectivamente. A tendência genética foi estimada regredindo as médias anuais dos valores genéticos sobre o ano de nascimento dos animais. As médias observadas de P378, CAR e CH₄ foram de $349 \pm 55,7$ kg, $0 \pm 0,67$ kg/dia e $153 \pm 46,8$ g/dia, respectivamente. As tendências genéticas para a característica CAR foram iguais a $-0,002 \pm 0,002$ e $-0,012 \pm 0,003$ kg de matéria seca/dia/ano para o Nelore Seleção e Nelore Tradicional, respectivamente. Para a característica CH₄, as tendências genéticas foram de $0,175 \pm 0,098$ e $0,137 \pm 0,065$ g de emissão de CH₄/dia/ano para o Nelore Seleção e Nelore Tradicional, respectivamente. Os resultados demonstram que os valores de CAR para os dois rebanhos vem reduzindo ao longo dos anos, entretanto para o rebanho Tradicional, essa redução é seis vezes maior quando comparado com o rebanho Seleção. Já a característica CH₄ está aumentando, mas esse aumento é ligeiramente

menor para o Rebanho Tradicional. Conclui-se que a seleção para eficiência alimentar, além de reduzir o consumo de matéria seca, indiretamente, pode reduzir as emissões de CH₄.

Palavras-chave: bovinos de corte, eficiência alimentar, gases de efeito estufa, seleção genética



TERMÓGRAFO OU PIRÔMETRO INFRAVERMELHO: QUAL O MAIS EFICIENTE NA AVALIAÇÃO DA TEMPERATURA SUPERFICIAL DE OVINOS EM DIFERENTES AMBIENTES?

SILVA, S.P.G.¹; SILVA, A.B.C.¹; LIMA, A.C.P.¹; MALTA, B.C.²; QUIRINO, C.R.³; VEGA, W.H.O.³

¹Graduanda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.; email:

²Mestranda em Medicina Veterinária, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense;

³Professor Associado, Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal, Universidade Estadual do Norte Fluminense.

A medição da temperatura superficial em espécies de produção, como os ovinos, tem auxiliado a identificação de animais termo sensíveis e adaptados às diferentes condições climáticas, refletindo diretamente no bem-estar e na produção animal. Isto é mais relevante em clima tropical, visto os crescentes desafios ambientais e de exigência produtiva. Na era da pecuária de precisão a termorregulação têm sido explorada amplamente. Ferramentas de avaliação da temperatura superficial (TS), como o pirômetro infravermelho (PIV) e o termógrafo infravermelho (TIV) são utilizadas em diferentes situações, clínicas e de produção. Objetivou-se verificar e comparar a TS de ovinos de pelo utilizando PIV e TIV em diferentes regiões anatômicas e sob duas condições ambientais diferentes. Vinte ovelhas Santa Inês, com peso médio de $59,38 \pm 6,23$ kg, adultas (3-5 anos), múltíparas, não lactantes e vazias, foram avaliadas na sombra com os dois equipamentos (TIV e PIV), duas vezes ao dia (manhã e tarde) e em diferentes regiões anatômicas (ânus, vulva, focinho, olho e orelha) durante 20 dias consecutivos. Parâmetros como temperatura ambiente (TA), umidade relativa (UR) e índice temperatura-umidade (ITU) foram medidos nos diferentes turnos do dia. A reprodutibilidade foi avaliada a partir da correlação intraclasse. Médias de parâmetros ambientais entre turnos do dia e equipamentos foram comparadas pela ANOVA com teste de Tukey ($P < 0,05$). A relação entre variáveis ambientais, regiões anatômicas e TS foi dada pela Análise Fatorial-AF. A Análise discriminante Canônica-ADC complementou a dinâmica das temperaturas e dos equipamentos ao longo dos turnos. Ambos os equipamentos mostraram excelente reprodutibilidade (Correlação intra classe = 0,95, $P < 0,005$), indicando consistência nos resultados individuais. Parâmetros ambientais e de estresse térmico (TA e ITU) apresentaram peso fatorial semelhante às temperaturas superficiais medidas pelo TIV. Já a relação entre estes parâmetros para o PIV foi escassa. Indicando que o TIV é mais sensível às variações ambientais quando comparado ao PIV. Este resultado foi corroborado pela ADC, onde as temperaturas medidas pelo TIV acompanharam as variações ambientais no turno da tarde, ($P < 0,001$ pelo teste lambda de Wilks). Em relação às regiões anatômicas, as TS dos olhos e orelhas mostraram-se mais sensíveis às variações ambientais, apresentando não só valores diferentes entre turnos, mas entre equipamentos ($P < 0,001$). Aqui, as temperaturas no turno da manhã foram semelhantes entre os equipamentos, porém à tarde, e especialmente nos olhos e orelhas as temperaturas medidas pelo TIV foram superiores, indicando a importância da avaliação da TS nestas regiões anatômicas e a maior sensibilidade do TIV quando há aumento da temperatura

ambiental. Conclui-se que o PIV e o TIV apresentam boa reprodutibilidade, porém o TIV é mais sensível, conseguindo melhor precisão, sobretudo em situações de maior temperatura ambiental, especialmente em regiões com pelo.

Palavras-chave: estresse térmico, fenotipagem, pecuária de precisão, sensores



USO DE DRONES E INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL PARA IDENTIFICAÇÃO DO PAR VACA-BEZERRO À PASTO

GANDRA, L.G.¹; SCHULTZ, E.B.²; PEREIRA, M.G.¹; FERREIRA, T.³; NOGUEIRA, A.G.D.³

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, e-mail: livia.gandra@ufv.br ² Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

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

A pecuária de corte é responsável por 10% do PIB da pecuária brasileira; contudo, a fase de gestação e cria ocorre, em sua maioria, a pasto. Tradicionalmente, o monitoramento dos animais é realizado a cavalo, o que demanda tempo e mão de obra. Dessa forma, o uso de veículos aéreos não tripulados (VANTs), popularmente conhecidos como drones, têm substituído esses métodos tradicionais nas últimas décadas, tornando-se cada vez mais importante para a pecuária de corte a pasto no Brasil. O uso de tecnologia atrelada à inteligência artificial proporciona a identificação precisa dos animais, a detecção precoce de problemas de saúde, o acompanhamento de partos e maior facilidade em localizar os animais que estão em áreas de difícil acesso. Desse modo, torna-se cada vez mais necessário aumentar a eficiência das operações e reduzir os custos operacionais. Portanto, objetivou-se por meio de imagens de drone para identificação de pares de vaca-bezerro a pasto. Foram realizados voos em quatro piquetes maternidade com drone Mini 2 coletadas em três datas: 6 de outubro, 13 de outubro e 6 de novembro de 2023. Durante os voos, novilhas e bezerros foram agrupados em diferentes piquetes. Não houve planejamento prévio de rotas de voo, e as coordenadas de cada captura de imagem foram planejadas apenas para cobrir áreas com características distintas. Após a coleta de dados, as imagens foram anotadas para treinamento, sendo duas das classes vaca e bezerro. As imagens foram classificadas com base na visualização dos animais. O conjunto de dados de imagens foi processado através de um algoritmo baseado em YOLOv8. O modelo adotado foi utilizado para identificar vacas e bezerros a pasto, com um conjunto de dados composto por 133 imagens e 1042 anotações. As imagens foram divididas em 70% para treinamento, 20% para validação e 10% para teste. O desempenho do modelo, avaliado através de métricas como perda de caixa, classificação e objetividade, se estabilizou após cerca de 20 iterações. O modelo YOLOv8 atingiu uma precisão de 0,89, recall de 0,57 e uma pontuação F1 de 0,73, demonstrando um equilíbrio moderado entre precisão e recall na detecção dos animais. Portanto, a utilização de drones no ambiente da pecuária de corte a pasto contribui para a eficiência da produção através da identificação dos animais. Conclui-se que é possível identificar com imagens aéreas e inteligência artificial o par vaca-bezerro a pasto.

Palavras-chave: Pecuária de corte, YOLOv8, drone.



USO DE IMAGENS 3D PARA ESTIMATIVA DO PESO DE CARÇAÇA CAPRINA

SILVA, B.C.¹; LANA, D.S.²; PAIXÃO, T.C.S.³; COSTA, C.A.⁴; COSTA, A.C.⁵; NUNES, C.L.C.⁶; PEIXOTO, P.B.⁷; PEREIRA, A.L.P.⁸; SCHULTZ, E. B.⁹

¹Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: beatriz.caldeira@ufv.br; ²Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

³Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Sergipe; ⁴Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁵Doutorando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁶Doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

⁷Graduando em Medicina Veterinária, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa; ⁸Graduanda em Agronegócio, Departamento de Economia Rural, Universidade Federal de Viçosa;

⁹Professora Adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O peso da carcaça animal é um fator relevante para a determinação do rendimento de carcaça, sendo uma característica do fenótipo animal, necessário para que ocorra um bom aproveitamento dos cortes da carcaça e para a rentabilidade da produção. O uso de imagens em três dimensões (3D) é uma técnica que disponibiliza informações que podem ser aplicadas em diversas áreas na pecuária para biometria. Dessa forma, objetivou-se avaliar a possibilidade de estimar o peso da carcaça caprina com uso de imagens 3D. Foram abatidos 16 cabritos machos, sendo 8 cabritos aos 90 dias com peso médio de 18,5 kg e 8 cabritos aos 120 dias com peso médio de 20,9 kg. Após o abate humanitário, as carcaças foram resfriadas por 24h. Decorrente do resfriamento, as carcaças inteiras foram pesadas em balança digital e posteriormente seccionadas. Em seguida a secção, foram coletadas as imagens em 3D utilizando o scanner Artec Leo, que captura 30 frames por segundo, durante, aproximadamente, 2 minutos. Após a coleta das imagens, os modelos 3D foram processados no *software* Artec Studio, utilizando as ferramentas de alinhamento, limpeza de artefatos da imagem e mensuração da área total da carcaça em mm². Na análise estatística, foram realizadas as análises de Correlação de Pearson e de Regressão Linear Simples, para verificar a associação entre a área da carcaça caprina e o Peso da Carcaça Fria (PCF), e, para a obtenção da precisão do ajuste foi adotado o coeficiente de determinação (R²). Foi retirado um dado outlier dos demais dados na análise estatística. Houve correlação de 0,6143 da área mensurada no modelo 3D com o peso de carcaça caprina, indicando um grau de associação entre as medidas analisadas. Para a estimativa na análise de Regressão Linear, os parâmetros foram significativos, sendo a equação PCF = -0,9451 + 0,0001765 * Área, com R² de 0,3774, mostrando que a precisão foi baixa na equação. Portanto, ainda é necessário explorar outros atributos extraídos dos modelos 3D para melhorar a precisão do peso da carcaça, e através deste, seguir para predição de cortes comerciais. Conclui-se que, é possível estimar o peso da carcaça caprina com a área modelo 3D de imagens, no entanto, é necessário aprimorar a coleta de dados para maior precisão.

Palavras-chave: frigorífico, imageamento, tecnologia, zootecnia de precisão



VALIDAÇÃO DE SISTEMA DE VISÃO COMPUTACIONAL PARA CONTAGEM E CLASSIFICAÇÃO DE BOVINOS EM CONFINAMENTO

PEREIRA, M.G.¹; SIQUEIRA, I.P.¹; SILVA, B.C.²; BERCA, A. S.³; FILHO, J. G. L. R.³; SCHULTZ, E. B.⁴.

¹Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, email: mariana.g.pereira@ufv.br; ¹ Mestranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;

²Graduanda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ³Doutora em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista; ³Doutor em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa; ⁴Professora adjunta, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Na bovinocultura de corte, a nutrição é um componente importante dos custos de produção e em conjunto com a alteração do comportamento animal e dos parâmetros fisiológicos, que são indicadores das mudanças ambientais, podem afetar o desempenho e a produtividade dos animais. No entanto, adquirir essas informações pode ser laborioso e demandar tempo e mão de obra. Dessa forma, em busca de soluções para otimizar essas operações de forma rentável e sustentável, faz-se necessário o desenvolvimento e aplicação de tecnologias. Entretanto, para que essas tecnologias sejam implementadas, é necessário verificação e validação, analisando a sensibilidade do sistema com a comparação dos resultados com dados reais. Sendo assim, o estudo teve como objetivo validar o sistema de visão computacional do Cargill Cattle View (CCV) para contagem de animais e classificação em deitado ou em pé. O experimento ocorreu em parceria com seis confinamentos parceiros. As observações foram realizadas nas baias comerciais das fazendas e o manejo dos animais e da dieta foi realizado conforme rotina local. Voos diários com o drone modelo Mavic 2, sobrevoando cada baia a uma altura de aproximadamente 53m, de forma que consiga captar todo o curral para compor o banco de dados. Foram compartilhadas base de dados das seis fazendas, sendo no total 65 lotes analisados, com representativa de dias de cocho (0 a 182 dias) e meses do ano (05/23 a 04/24). As avaliações de todas as imagens foram realizadas às cegas. Na primeira etapa, foi avaliado a qualidade de recorte do curral, sendo 0 para fracasso no recorte e 1 para sucesso. Com a mesma imagem, foi utilizado o mosaico de recorte para o cocho, sendo atribuído também 0 para fracasso e 1 para sucesso. Para contagem total e classificação foram consideradas apenas as imagens com recorte de sucesso. A contagem total e classificação dos bovinos em pé e deitados foram realizadas pelo software GIMP. As acurácias dos recortes foram calculadas com base no número total de avaliações e a porcentagem de dados como sucesso e fracasso. Para as acurácias na contagem e classificação foi usada a diferença em porcentagem do número total observado em comparação ao predito pelo CCV. As medidas de erro calculadas foram os desvios padrão (DP) e o erro médio absoluto (MAE). Foram avaliadas um total de 1757 imagens, sendo retiradas 123 imagens duplicadas e seis outliers. No total das 1628 imagens válidas, 1394 recortes de curral foram sucesso, sendo acurácia de 85,62%. Para o recorte de cocho, independente do recorte do curral, 1529 imagens foram válidas, representando 93,98% de

acurácia. Em relação a contagem de animais no curral a acurácia média foi de 98,39% (DP= 3,74 e MAE= 1,63). Nas classificações a acurácia para bovinos em pé foi de 97,53% (DP= 3,63 e MAE= 2,46) e deitado 97,42% (DP= 4,25 e MAE= 2,57). Conclui-se que o sistema de visão computacional CCV é capaz de identificar com mais de 90% de acurácia currais, cochos, realizar a contagem total e classificar em pé e deitado os bovinos em currais de confinamento.

Palavras-chave: contagem, drone, inteligência artificial, validação

Organização/ organizer



Apoio/ support



Patrocinador/ sponsor

