

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA  
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DE TECNOLOGIA  
DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

LORENA DE FATIMA MENDES

PARÂMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS VIA SSGBLUP PARA  
CARACTERÍSTICAS DE ÁREA DE OLHO DE LOMBO E ESPESSURA DE  
GORDURA SUBCUTÂNEA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

PONTA GROSSA  
2021

LORENA DE FATIMA MENDES

PARÂMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS VIA SSGBLUP PARA  
CARACTERÍSTICAS DE ÁREA DE OLHO DE LOMBO E ESPESSURA DE  
GORDURA SUBCUTÂNEA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Trabalho de conclusão de curso  
apresentado para a obtenção do título  
de graduação em Zootecnia na  
Universidade Estadual de Ponta  
Grossa, Área de Melhoramento  
Genético.

Orientadora: Prof. Dra. Amanda da  
Lapa Silva

PONTA GROSSA  
2021

**FOLHA DE APROVAÇÃO**  
LORENA DE FATIMA MENDES

PARÂMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS VIA SSGBLUP PARA  
CARACTERÍSTICAS DE ÁREA DE OLHO DE LOMBO E ESPESSURA DE  
GORDURA SUBCUTÂNEA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Trabalho de conclusão de curso apresentado para a obtenção do título de bacharel em Zootecnia na Universidade Estadual de Ponta Grossa, Área de Melhoramento Genético.

Ponta Grossa, 20 de outubro de 2021.

Prof. Dra. Amanda da Lapa Silva  
Orientadora – Universidade Estadual de Ponta Grossa

Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa  
Membro da banca – Purdue University

Pamela Carla Machado  
Membro da banca – Universidade Estadual de Ponta Grossa

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Deus pelo dom da vida, por ter me feito forte nos momentos difíceis e por sempre estar comigo com todo seu amor e misericórdia.

Agradeço também minha família, meu pai, minha mãe, minha irmã, meu cunhado e meus sobrinhos por todo amor, apoio e incentivo durante os anos e por entenderem minha ausência enquanto me dedicava ao trabalho.

Aos meus amigos por estarem sempre ao meu lado, em especial a Bianca Zotti e a Priscila Souza Donato.

Ao Luís Enrique Dias Wisniewski pelo amor, pelo apoio, pela ajuda com ideias e correções e por não me deixar desistir.

A Universidade Estadual de Ponta Grossa pela oportunidade de realização do curso.

Ao grupo LeMA por toda ajuda no desenvolvimento do trabalho, pelas dicas e pelos ensinamentos.

Ao meu orientador Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa, pelo incentivo, ajuda, dedicação e conhecimentos passados durante os anos de orientação.

E a todos os professores por me proporcionarem novos conhecimentos, colaborando no processo de formação profissional.

## RESUMO

A exigência do mercado consumidor em relação a qualidade da proteína animal tornou-se crescente, o que influenciou a transição da cadeia de produção da carcaça bovina. Com isso, o principal objetivo de produção esteve por muito anos voltado a quantidade de carcaça e não a qualidade do produto cárneo. Neste contexto, objetivou-se avaliar parâmetros genéticos para duas importantes características relacionadas a quantidade e qualidade do produto cárneo, a área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS), mensuradas em bovinos de corte. Foram utilizadas informações de 10343 bovinos da raça Nelore, nascidos entre os anos 2008 a 2016, distribuídos nos rebanhos da agropecuária Katayama Ltda, localizados nos estados São Paulo, Mato Grosso do Sul e Mato Grosso. Os animais foram genotipados com painéis de SNP usando moderada densidade, contendo 35K marcadores moleculares. Foi realizado o controle de qualidade da genotipagem, restando apenas os marcadores correlacionados às características da análise em questão. Estes critérios, além das análises de GWAS por meio da metodologia do single-step (ssGBLUP) foram processados utilizando-se os programas da família BLUPF90. A herdabilidade para AOL foi de 0,27 e para EGS de 0,26, sendo ambas consideradas moderadas, já a correlação entre as características foi considerada baixa, sendo de 0,17. Os resultados dos parâmetros genéticos para AOL e EGS, principalmente relacionados as herdabilidades moderadas, demonstraram que estas características são passíveis de seleção e podem melhorar os ganhos genéticos das populações de bovinos de corte visando o aumento da quantidade e qualidade da carne bovina.

**PALAVRAS-CHAVE:** bovinos de corte, correlações genéticas, herdabilidades.

## ABSTRACT

The demand of the consumer market in relation to the quality of animal protein has grown, which influenced the transition in the beef carcass production chain. With this, the main objective of production system was focused for many years on the quantity of carcass and not the quality of the meat product. In this context, the objective was to evaluate the genetic parameters for two important traits related to the quantity and quality of the meat product, the rib eye area (REA) and back fat thickness (BF) measured in beef cattle. It was used information of 10,343 Nelore cattle, born between 2008 and 2016, distributed in the herds of Katayama Ltda, located in the state of São Paulo, Mato Grosso do Sul and Mato Grosso. The animals were genotyped with SNP panels using moderate density, containing 35K molecular markers. The genotyping quality control was performed, leaving only the markers correlated with the analyzed traits. These criteria, in addition to the GWAS analysis through the single-step methodology (ssGBLUP) were processed using the programs of the BLUPF90 family. Heritability for REA was 0.27 and for BF 0.26, both considered moderate, while the correlation between traits was considered low, being 0.17. The results of genetic parameters for REA and BF, mainly related to moderate heritability, showed that these traits have selecting potential to improve the genetic gains of beef cattle populations, seeking the improvement of the quantity and quality of beef meat..

**KEYWORDS:** beef cattle, genetic correlations, heritability.

## LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Número de registros, média desvio padrão, número de touros e de vacas e grupos contemporâneos das características e AOL e EGS da raça Nelore.....14

TABELA 2 - Estimativas de variâncias de componentes e parâmetros genéticos para características de AOL e EGS de animais da raça Nelore..... 16

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	8
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	13
4. CONCLUSÕES.....	19
REFERÊNCIAS.....	20

## 1. INTRODUÇÃO

Na produção de bovinos de corte há diversos produtos gerados, como a carne o couro, as vísceras, o chifre, entre outros, que são absorvidos por mercados distintos. Porém, o produto de maior importância é a carne, por ser uma grande fonte de nutrientes, sendo um dos principais alimentos encontrados na mesa do consumidor e, por consequência, possuir relevância econômica superior (RITCHIE; ROSER, 2017).

O Brasil é um dos maiores produtores e exportadores de carne bovina do mundo (SILVA *et al.*, 2016). Segundo o IBGE o Brasil abateu 8,14 milhões de cabeças, somente no quarto trimestre do ano de 2018. Esta representatividade dentro da cadeia da produção da carne é devida às condições edafoclimáticas que o Brasil apresenta, que favorecem a criação dos bovinos de corte, além da alta demanda pelo produto (FILHO *et al.*, 2016). No país, mais de 80% do rebanho bovino é composto pela raça Nelore (*Bos taurus indicus*) e/ou cruza com outras raças (MAGALHÃES *et al.*, 2018). Isso porque as raças zebuínas apresentam diversas vantagens, quanto à adaptação ao ambiente tropical e resistência a parasitas (FEITOSA *et al.*, 2016). Entretanto, quando comparada a raças taurinas, a qualidade de carcaça é inferior, principalmente devido ao menor teor de gordura (MAGALHÃES *et al.*, 2018).

Nos últimos anos nota-se uma mudança na demanda de mercado, com crescente interesse por produtos cárneos de maior qualidade. De acordo com Feitosa *et al.* (2016), esta qualidade está associada a características organolépticas como cor, sabor, maciez e suculência, sendo esses fatores que agregam a maior valorização pelo consumidor. A área de olho de lombo (AOL) e a espessura de gordura subcutânea (EGS) são alguns dos fatores importantes para a comercialização de produtos cárneos de qualidade e, desta forma, tornam-se características importantes a serem avaliadas e monitoradas junto a programas de melhoramento genético de bovinos de corte (GORDO *et al.*, 2018).

A área de olho de lombo é um indicador da composição da carcaça, ganho de peso, musculatura e características da qualidade da carne (MIAR *et al.*, 2013). Esta característica se localiza na região do músculo *longissimus dorsi*, entre a 12ª e 13ª costela (FOSTER *et al.*, 2020). A avaliação da AOL pode ser realizada através da ultrassonografia no animal *in vivo* ou *post mortem*, sendo medida diretamente no corte.

A espessura de gordura subcutânea, além de melhorar o sabor e indicar o grau

de acabamento da carcaça, aumenta a proteção durante o processo de resfriamento, prevenindo alterações de qualidade (BALDASSINI *et al.*, 2016). A EGS recobre o músculo *longissimus*, com isso a mensuração desta característica também pode ser realizada no mesmo local que AOL.

Com a constante busca de melhoria da qualidade de carne em um país onde o gado Nelore é a raça de maior representatividade, se faz necessário o aprimoramento genético das características de qualidade, sendo esta, essencial para a indústria de carne bovina. Para que haja uma avaliação genética aliada a um programa de melhoramento adequado, é necessário estimar a herdabilidade e as correlações genéticas para as características citadas (GORDO *et al.*, 2018). As características de carcaça, no geral, apresentam herdabilidades moderadas, podendo responder a seleção de forma satisfatória (GORDO *et al.*, 2018). AOL e EGS se encontram nessa faixa de herdabilidade (TIZIOTO *et al.*, 2013, KLUSKA *et al.*, 2018, SRIKANTH *et al.*, 2020), sendo assim a identificação e seleção de animais geneticamente superiores para AOL e EGS, podem resultar no aumento da qualidade da carcaça e, conseqüentemente, um aumento no rendimento de cortes.

Atualmente vemos que há um esforço na busca pelo melhoramento da qualidade da carne, onde programas de melhoramento genético estão sendo aprimorados para que isso aconteça, demonstrando potencial para esse progresso. Programas que utilizam como ferramenta a genômica, colaboram de uma forma expressiva no progresso, já que os animais podem ser avaliados ainda jovens (LOPES *et al.*, 2020). Para fornecer um suporte aos programas de avaliação genética de bovinos de corte, há um procedimento genômico, denominado single-step GBLUP (ssGBLUP), o qual combina informações genômicas e de pedigree em uma única matriz para estimar os valores genéticos dos animais (KLUSKA *et al.*, 2018).

O uso da metodologia da ssGBLUP pode permitir uma avaliação genética mais confiável, principalmente quando se fala em animais jovens sem informações de linhagens (TONUSSI *et al.*, 2017). Segundo Gordo *et al.* (2016) recomenda-se a realização das análises pelo método ssGBLUP, para estimar de maneira mais precisa os parâmetros genéticos quando há disponibilidade de informações genômicas, associadas ao pedigree e ao fenótipo. Com isso, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos para as características de AOL e EGS em bovinos da raça Nelore, aplicando-

se o método ssGBLUP, com a finalidade de obtenção de herdabilidades e correlações genéticas, com a contribuição das informações moleculares.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas informações fenotípicas de 10343 bovinos da raça Nelore, dentre os quais, 3240 indivíduos foram genotipados com chip GGP-Indicus 35k, de moderada intensidade, desenvolvido especificamente para a raça Nelore. Os animais pesquisados eram nascidos entre os anos 2008 e 2016, distribuídos nos rebanhos da agropecuária Katayama Ltda, localizados nos estados São Paulo, Mato Grosso do Sul e Mato Grosso. Do total, 1440 indivíduos possuíam informações genotípicas provenientes de análises realizadas com base em um painel de SNPs GGP-Indicus 35K (Neogen Company, Lansing, Michigan, USA). A extração do material genético foi realizada a partir das amostras de folículos pilosos dos animais, seguindo o protocolo baseado na extração com Fenol-Clorofórmio. Consequente, as concentrações de DNA (ng/uL) juntamente com o seu grau de pureza foram determinadas por espectrofotometria.

Os indivíduos foram agrupados em grupos de contemporâneos que levaram em consideração os componentes: fazenda, ano de nascimento, sexo e grupo de manejo. As características estudadas foram AOL e EGS, medidas a partir da ultrassonografia ao sobreano (18 meses de idade), no músculo *longissimus dorsi*, entre a 12ª e a 13ª costela. A AOL foi medida em centímetros quadrados (cm<sup>2</sup>) e a EGS em milímetros (mm). Os modelos de análise consideraram a estrutura geral a seguir:

$$Y = Xb + Za + e$$

em que:  $Y$  é o vetor de observações fenotípicas;  $X$  é a matriz de incidência relacionando os fenótipos aos efeitos fixos,  $b$  é o vetor de efeitos fixos, incluindo grupo de contemporâneo e, como covariáveis (efeito linear e/ou quadrático), foi considerada a idade no momento da medida;  $Z$  é a matriz de incidência que relaciona o animal ao fenótipo;  $a$  é o vetor de efeitos dos animais;  $e$  é o vetor de efeitos residuais. As variâncias de  $a$  e  $e$  são representados por:

$$\text{Var} [ a \ e ] = \begin{bmatrix} H\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que:  $\sigma_a^2$  é a variância genética aditiva direta e  $\sigma_e^2$  é a variância residual.  $H$  é a matriz que combina a matriz de pedigree e a matriz de informação genômica, conforme apresentado por (AGUILAR et al., 2010).  $I$  é uma matriz identidade. A inversa da matriz  $H$  é:

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

em que:  $A$  é matriz de pedigree para todos os animais;  $A_{22}$  é a matriz de parentesco para animais genotipados e  $G$  é a matriz de parentesco genômico.

O controle de qualidade da genotipagem foi determinada pela taxa de determinação de genótipos (call rate), considerando valores abaixo de 0.9 (90% dos genótipos determinados), além de SNPs não autossômicos, SNP com a mesma posição, MAF (menor frequência alélica)  $\leq 0,02$ , p valor para HWE (Hardy-Weinberg equilibrium)  $\leq 10^{-5}$ , Call rate  $\leq 0,90$ ,  $r^2$  (correlação entre SNPs)  $> 0,995$ . Estes critérios, além das análises de GWAS por meio da metodologia do single-step (ssGBLUP) foram processados utilizando-se os programas da família BLUPF90 (MISZTAL *et al.*, 2016). Após controle de qualidade, o conjunto final de SNPs foi de 33623, os quais foram considerados para os estudos de associação. Por fim, informações fenotípicas que excederam  $\pm$  três desvios padrão com relação à média, dentro do grupo de contemporâneo, foram consideradas outliers e removidas do banco de dados.

O método ssGBLUP, proposto por Wang *et al.* (2012), foi utilizado para realização das análises de estimação de parâmetros genéticos, por meio dos programas da família BLUPF90 (MISZTAL *et al.*, 2016). O módulo RENUMF90 foi utilizado na extração de dados para fenótipos, linhagens e marcadores genômicos no formato de arquivo bruto. O software AIREMLF90 foi utilizado para estimar os componentes de variância, herdabilidades e correlações, considerando-se o critério de convergência de  $10^{-12}$ , determinado.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A tabela 1 apresenta as estatísticas descritivas para as características avaliadas, onde estão descritas o número de animais avaliados (N) tendo um total de 10343 sendo filhos de 382 touros e 5044 vacas, os quais foram divididos em 359 grupos contemporâneos. A média encontrada para AOL foi de 51,21 cm<sup>2</sup> com um desvio padrão (D.P.) de 10,81 e para EGS foi de 2,42 mm com desvio padrão de 1,30, o qual já está próximo a exigência da indústria, de no mínimo 3 mm. Devido os dados encontrados nesse experimento terem sido coletados ao sobreano, os animais ainda não atingiram a idade de abate, dessa forma a média para EGS poderá ser superior, estando dentro das exigências da indústria.

Conforme mencionado por Vignato *et al.* (2019) maiores valores de AOL são desejáveis visto que estes valores estão associados a um maior volume muscular e, por consequência, maior produção de carne. Adicionalmente, aumentar os valores médios de EGS na raça Nelore é um desafio constante, já que sua mensuração começou a ser realizada de forma tardia, o que consequentemente fez que sua seleção começasse a ocorrer há pouco tempo na referida raça, o que permite que maiores valores de deposição de gordura ainda sejam alcançados (MADADU *et al.*, 2016). Neste contexto, cabe ressaltar que parte dos mercados que melhor remuneram para qualidade de carne valorizam cortes que possuam maior espessura de gordura e, com isso, por meio do processo seletivo para elevação de espessura de gordura da raça Nelore, novos mercados importadores de carne podem ser alcançados (YOKOO *et al.*, 2010).

Ceacero *et al.* (2016) estimaram médias semelhantes, sendo 51,4 cm<sup>2</sup> para AOL e 1,75 mm para EGS também em gado Nelore, já Santiago *et al.* (2017), que trabalharam com a raça Canchim encontraram valores acima de AOL, sendo de 79,22 cm<sup>2</sup> e 3,02 mm de EGS sendo um valor aproximado do presente estudo, e Grigoletto *et al.* (2020) encontraram para raça Montana médias de 58,40 cm<sup>2</sup> e 2,84 mm para AOL e EGS. Quando comparamos raças zebuínas com raças taurinas ou cruzamentos vemos, principalmente, que as carcaças de *Bos indicus* apresentam menor teor de gordura e desenvolvimento muscular, o que faz com que muitas vezes não sejam tão bem aceitos pelos mercados mais exigentes. (FEITOSA *et al.*, 2016).

TABELA 1 - Número de registros, média desvio padrão, número de touros e de vacas e grupos contemporâneos das características e AOL e EGS da raça Nelore.

<b>CARACTERISTICAS</b>	<b>N</b>	<b>MÉDIA±DP</b>	<b>N.TOUROS</b>	<b>N.VACAS</b>	<b>N.GC</b>
<b>AOL (cm<sup>2</sup>)</b>	10343	51,28±10,81	382	5044	359
<b>EGS (mm)</b>	10343	2,42±1,30	382	5044	359

N: número total de animais avaliados; MÉDIA±D.P.: média e desvio padrão; N.TOUROS: número de touros; N. VACAS: número de vacas; N.GC: número de grupos contemporâneos.

A tabela 2 apresenta os parâmetros genéticos obtidos para as características avaliadas. A estimativa de herdabilidade encontrada para área de olho de lombo e espessura de gordura foi de 0,27 e 0,26 respectivamente, tendo um erro padrão de 0,02 para AOL e 0,01 para EGS, sendo consideradas como  $h^2$  moderada, demonstrando que essas características podem ter uma resposta satisfatória a seleção. Esses resultados foram semelhantes as estimativas encontradas na literatura, também com a raça Nelore, como Caetano *et al.* (2013) que relataram herdabilidades de 0,34 para AOL e 0,23 para EGS e Tizioto *et al.* (2013) que apresentaram herdabilidades de 0,27 e 0,21 para AOL e EGS, respectivamente.

Na literatura é possível encontrar herdabilidades de baixa a alta magnitude, como por exemplo 0,18 e 0,12 (CARVALHO *et al.*, 2019), 0,50 e 0,16 (MEIRELLES *et al.*, 2016), 0,29 e 0,50 (YOKOO *et al.*, 2010), 0,20 e 0,08 (JÚNIOR *et al.*, 2016) para AOL e EGS respectivamente. Essas diversidades entre as herdabilidades encontradas na literatura, podem representar diferenças no progresso genético, o que ressalta a importância de se conhecer os valores genéticos dos animais.

As diferentes respostas encontradas com os trabalhos citados podem vir em decorrência do tempo de seleção da população, do tamanho da amostra, da raça dos animais e dos modelos estatísticos utilizados. Meirelles *et al.*, (2016) utilizaram a raça Canchim, sendo ela uma raça europeia, diferente do presente estudo que utilizou uma raça zebuína, além disso o tamanho da amostra utilizada é menor quando comparada ao nosso estudo, onde utilizaram apenas 1648 animais, podendo ser esses alguns dos motivos de existir essas diferenças nos valores das características de AOL e EGS entre os diferentes estudos.

A partir dos resultados obtidos, observa-se que é possível utilizar essas

características no índice de seleção, porém elas apresentam grandes efeitos ambientais. Posto isso, se faz necessário uma complementariedade entre um bom programa de seleção e um ambiente adequado (ZUIN *et al.*, 2012). As características estudadas acabam apresentando uma grande influência da dieta, das práticas alimentares, dos manejos antes e após o abate, e dos métodos de processamento e armazenamento (GRIGOLETTO *et al.*, 2020).

Os resultados das variâncias expostos na tabela 2, apresenta para AOL 28,55 cm<sup>2</sup> de variância fenotípica, destes 7,71 cm<sup>2</sup> são variância aditiva e 20,84 cm<sup>2</sup> correspondem a variância ambiental. Já a EGS apresentou valores de 0,57 mm para variância fenotípica, sendo 0,15 mm para variância aditiva e 0,42 mm de variância ambiental. A partir do estudo realizado, é possível observar para ambas as características que os fatores ambientais apresentam grande relevância na expressão das mesmas. Assim, ressalta-se que tanto os efeitos genéticos quanto os ambientais são expressivos na composição final da característica.

Contudo, a porção aditiva é relevante, e a seleção para AOL e EGS trará respostas satisfatórias, evidenciando que uma parcela da variação é definida por genes de ação aditiva, afirmando a necessidade de um bom planejamento genético e um manejo ambiental adequado a cada sistema de produção em conjunto para o animal expressar seu melhor fenótipo. Esses dados podem ser confirmados com outros estudos que encontraram, também para raça Nelore, variâncias aditivas para AOL de 17,34 cm<sup>2</sup>, 17,94 cm<sup>2</sup> e 10,88 cm<sup>2</sup> e variâncias ambientais de 33,14 cm<sup>2</sup>, 19,80 cm<sup>2</sup> e 41,71 cm<sup>2</sup>, e para EGS variância genética de 0,11 mm, 0,21 mm e 0,30 mm e variância ambiental 0,38 mm, 0,56 mm e 3,31 mm (CAETANO *et al.*, 2013, SILVA *et al.*, 2017 e JÚNIOR *et al.*, 2016)

Quando avaliada a correlação entre as características estudadas, descrita na tabela 2, vemos uma correlação considerada baixa, de 0,17. Como ainda se sabe pouco sobre os genes que formam as características, isso pode indicar que os genes relacionados a deposição de músculo na carcaça, não estão totalmente associados aos genes de deposição de gordura. Esclarecendo que a seleção para uma destas características afetaria lentamente a outra característica. Isso se confirma a partir de outros trabalhos que também apresentaram resultados considerados de baixa magnitude como Kluska *et al.* (2018) que a correlação foi de 0,06 e Bonin *et al.* (2015)

que estimou uma correlação de -0,09.

Essas correlações afirmam que selecionar para área de olho de lombo, não está vinculado a um aumento ou redução de gordura, o que demonstra que as tentativas de aumentar a quantidade de carne na carcaça estão associadas a pouca ou nenhuma mudança na espessura de gordura (SEROBA *et al.*, 2011). Dessa maneira pode-se observar que há coerência à curva de crescimento dos animais, onde o crescimento muscular antecede a deposição de gordura, indicando que a seleção para aumentar a AOL não afeta características de precocidade de acabamento (LOPES *et al.*, 2020).

Nota-se assim, que por seleção indireta o progresso genético pode ser baixo entre essas características, portanto se o desejo é obter respostas para ambas, a seleção genética simultânea das características pode ser realizada (BONIN *et al.*, 2015). Ao selecionar as duas características, este processo deve ser feito de forma cautelosa, para que o progresso seja uniforme e que a quantidade de gordura seja proporcional a quantidade de carne na carcaça, para garantir a maciez da carne sem excesso de gordura (CAETANO *et al.*, 2013).

TABELA 2 - Estimativas de variâncias de componentes e parâmetros genéticos para características de AOL e EGS de animais da raça Nelore.

	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_e$	$\sigma^2_p$	$h^2$	EP	rg AOL_EGS
<b>AOL(cm<sup>2</sup>)</b>	7,71	20,84	28,55	0,27	0,02	
<b>EGS(mm)</b>	0,15	0,42	0,57	0,26	0,01	0,17

$\sigma^2_a$ : variância aditiva;  $\sigma^2_e$ : variância ambiental;  $\sigma^2_p$ : variância fenotípica;  $h^2$ : herdabilidade; EP: erro padrão; rg AOL\_EGS: correlação genotípica de área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea.

Devido a herdabilidade moderada, pode-se confirmar que as características estudadas apresentam boa resposta de seleção, sendo fundamental intensificar o processo seletivo destas características pois o grau de rendimento de carcaça e quantidade de músculo estão altamente ligados a AOL. Uma seleção efetiva para esta característica poderá fazer com que se tenha uma maior deposição de carne na carcaça e na proporção de carnes nobres, o qual tem um alto impacto no preço final do produto (NUNES *et al.*, 2015 e MALHEIROS *et al.*, 2020).

Já a seleção para gordura subcutânea é importante pois atribui maciez a carne,

isso porque no momento do resfriamento a camada de gordura protege a carcaça para que não haja um encurtamento das fibras, o endurecimento da carne e a perda da água, as quais conseqüentemente, nos levariam ao escurecimento da mesma (CAETANO *et al.*, 2013), além da contribuição da gordura subcutânea para melhoria da suculência da carne. A indústria de frigoríficos no Brasil exige 2,5 a 3mm de espessura de gordura, e segundo a média encontrada no presente trabalho vemos a importância de selecionar animais superiores a esta característica. Porém deve se ter uma atenção ao aumento da espessura, pois se for maior que 6mm, esse aumento de tecido adiposo pode trazer prejuízos aos produtores e aos frigoríficos devido à dificuldade com toaleta excessiva (MALHEIROS *et al.*, 2020).

Os programas de melhoramento têm utilizado diversos métodos para as avaliações, sendo o ssGBLUP uma das principais escolhas feitas pelos programas, isto devido a maior precisão dos resultados (SOLLERO *et al.*, 2019). Segundo Mehrban *et al.* (2019) valores genéticos estimados a partir do single-step GBLUP são mais precisos do que os métodos que utilizam somente informações de pedigree para as avaliações genéticas. De acordo com Kluska *et al.* (2018) o ssGBLUP permite aperfeiçoar a estrutura da população e a estimativa de parâmetros genéticos.

Outros estudos, relatam que ao utilizar o método do ssGBLUP os parâmetros genéticos foram menos tendenciosos e mais precisos, onde geralmente era igual ou mais confiável que procedimentos que utilizam multi-step. Sendo também eficiente e preciso no processo computacional em avaliações genômicas (TONUSSI *et al.*, 2017, AGUILAR *et al.*, 2010, CHRISTENSEN *et al.*, 2012). O modelo ssGBLUP apresenta outra vantagem, pois ele pode se tornar uma alternativa na busca de valores genéticos em um cenário onde não há informações de pedigree, principalmente para a seleção de animais jovens (TONUSSI *et al.*, 2017).

Técnicas que venham facilitar e permitir uma maior confiabilidade na escolha dos animais são sempre importantes, pois infelizmente ainda há uma carência de informações genealógicas ou mesmo de linhagens dos animais (TONUSSI *et al.*, 2017). Ademais, uma seleção criteriosa baseada em informações genéticas, como herdabilidade e correlação das características desejadas com uma alta acurácia, traz um retorno econômico satisfatório.

Os resultados apresentados no trabalho contribuem para um melhor

entendimento sobre os parâmetros genéticos das características de AOL e EGS, afirma assim a importância da seleção dessas características para alcançar os resultados positivos de produção e a melhoria na qualidade de carne que o mercado consumidor vem nos exigindo com o passar dos anos. Além disso, contribui também com o banco de informações genéticas da raça Nelore, já que a mesma é a raça mais utilizada dentro dos rebanhos puros e de cruzamentos presentes no Brasil.

#### **4. CONCLUSÕES**

Levando em consideração o cenário de produção, de comercialização e a busca por quantidade e qualidade de carne, a seleção de AOL e EGS traz um maior retorno econômico já que a seleção para essas características possibilita a formação de cortes nobres e de maior qualidade, podendo agregar valor ao produto. Segundo os resultados, selecionar para área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea resulta em um retorno satisfatório, já que suas herdabilidades são consideradas moderadas, dessa forma, podem aumentar o progresso genético para a quantidade e a qualidade da carne de bovinos de corte.

## REFERÊNCIAS

AGUILAR I, et al. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*, v. 93, n. 2, p. 743-752, 2010.

BALDASSINI, W. A. et al. Meat quality traits of Nellore bulls according to different degrees of backfat thickness: a multivariate approach. ***Animal Production Science***, v. 57, n. 2, p. 363-370, 2016.

BONIN, M. N. et al. Visual body-scores selection and its influence on body size and ultrasound carcass traits in Nellore cattle. ***Journal of Animal Science***, v. 93, n. 4, p. 5597-5606, 2015.

CAETANO, S. et al. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. ***Livestock Science***, v. 155, n. 1, p. 1-7, 2013.

CARVALHO, M. et al. Genomic regions and genes associated with carcass quality in Nellore cattle. ***Genetics and Molecular Research***, v. 18, n. 1, p. 1-15, 2019.

CEACERO, T. M. et al. Phenotypic and Genetic Correlations of Feed Efficiency Traits with Growth and Carcass Traits in Nellore Cattle Selected for Postweaning Weight. ***Plos one***, v. 11, n. 8, p. 1-11, 2016.

CHRISTENSEN, O. F. et al. Single-step methods for genomic evaluation in pigs. ***Animal***, v. 6, n. 10, p. 1565-1571, 2012.

FEITOSA, F. L. B. Genetic correlation estimates between beef fatty acid profile with meat and carcass traits in Nellore cattle finished in feedlot. ***Animal Genetics, Poznan***, v. 58, n. 1, p. 123-132, 2016.

FILHO, L. R. A. G. et al. Software to assess beef cattle body mass through the fuzzy body mass index. ***Journal of the Brazilian Association of Agricultural Engineering***, v. 36, n. 1, p. 179-193, 2016.

FOSTER M. F. et al. Palatability assessments of beef strip loin steaks portioned by weight or by thickness sourced from various carcass weight/ribeye area size combinations. ***Meat Science***, v. 172, n. 1, p. 309-315, 2021.

GORDO, D. G. M. et al. Genetic analysis of carcass and meat quality traits in Nellore cattle. ***Journal of Animal Science***, v. 15, n. 1, p. 3558-3564, 2018.

GORDO, D.G. M. et al. Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores including or not genomic information. ***Journal of Animal Science***, v. 94, p. 1821–1826, 2016.

GRIGOLETTO L. et al. Genetic Architecture of Carcass and Meat Quality Traits in Montana Tropical® Composite Beef Cattle. **Frontiers in genetics**, v. 11, n. 123, p 1-13, 2020.

IBGE. **Estatística da Produção Pecuária - 2018**. Disponível em: <[https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/2380/epp\\_2018\\_4tri.pdf](https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/2380/epp_2018_4tri.pdf)>. Acesso em: 1 nov. 2019.

JÚNIOR, G. A. F. et al. Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nelore cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, n. 7, p. 1-8, 2016.

KLUSKA, S. et al. Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**, v. 216, n. 3, p. 203-209, 2018.

LOPES F. B. et al. Genome-enabled prediction of meat and carcass traits using Bayesian regression, single-step genomic best linear unbiased prediction and blending methods in Nelore cattle. **Animal The international journal of animal biosciences**, v. 15, n. 1, p. 1751-1758, 2020.

MADADU M. A. et al. Genomic structure and marker-derived gene networks for growth and meat quality traits of Brazilian Nelore beef cattle. **BCM Genomics**, v. 235, n. 17, p. 15-31, 2016.

MAGALHÃES, A. F. B. et al. Genomic selection for meat quality traits in Nelore cattle. **Meat science**, v. 17, n. 1, p. 1-27, 2018.

MAGALHÃES, A. F. B. et al. Prediction of meat quality traits in Nelore cattle by near-infrared reflectance spectroscopy. **Journal of Animal Science**, v. 96, n. 10, p. 4229-4237, 2018.

MALHEIROS J. M. et al. Carcass and meat quality of Nelore cattle (*Bos Taurus indicus*) belonging to the breeding programs. **Livestock Science**, v. 242, n. 12, p. 1413- 1420, 2020.

MEHRBAN H. et al. Comparison of conventional BLUP and singlestep genomic BLUP evaluations for yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle using single trait and multi-trait models. **Plos one**, v. 14, n. 10, p. 1-13, 2019.

MEIRELLES, S. et al. Genetic parameters for carcass traits and body weight using a Bayesian approach in the Canchim cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1-8, 2016.

MIAR, Y. et al. Estimation of genetic and phenotypic parameters for ultrasound and carcass merit traits in crossbred beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 13, n. 2, p. 273-280, 2013.

MISZTAL, I. et al. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia, 2016.

NUNES, J. L. et al. Beef quality parameters estimation using ultrasound and color images. **BMC Bioinformatics**, v. 16, n. 6, p. 1-12, 2014.

RITCHIE, H.; ROSER, M. **Meat and Dairy Production**. Our World 2017. Disponivel em: <<https://ourworldindata.org/meat-production>>.

SANTIAGO G. G. et al. Genome wide association study for production and meat quality traits in Canchim beef cattle. **American Society of Animal Science**, v. 95, n. 8, p. 3381- 3390, 2017.

SEROBA M. M. et al. Genetic parameter estimates for live animal ultrasound measures of carcass traits in South African Angus cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 41, n. 3, p. 244- 249, 2011.

SILVA, R. M. D. O. et al. Genome-Wide Association Study for Carcass Traits in an Experimental Nellore Cattle Population. **Plos one**, v. 12, n. 1, p. 1-14, 2017.

SILVA, V. H. D. et al. Genome-Wide Detection of CNVs and Their Association with Meat Tenderness in Nellore Cattle. **Plos one**, v. 11, n. 6, p. 1-20, 2016.

SOLLERO B. P. et al. The impact of reducing the frequency of animals genotyped at higher density on imputation and prediction accuracies using ssGBLUP. **American Society of Animal Science**, v. 147, n. 10, p. 1093- 1123, 2019.

SRIKANTH K. et al. A Gene-Set Enrichment and Protein -Protein Interaction Network-Based GWAS with Regulatory SNPs Identifies Candidate Genes and Pathways Associated with Carcass Traits in Hanwoo Cattle. **Genes**, v. 316, n. 11, p. 1-22, 2020.

TIZIOTO P. C. et al. Genome scan for meat quality traits in Nellore beef cattle. **Physiol Genomics**, v. 45, n. 21 p. 1012-1020, 2013.

TONUSSI, R. L. et al. Application of single step genomic BLUP under different uncertain paternity scenarios using simulated data. **Plos One** v.12, n. 9, p. 1-14, 2017.

VIGNATO B. S. et al. Gene co-expression networks associated with carcass traits reveal new pathways for muscle and fat deposition in Nellore cattle. **BCM Genomics**, v. 32, n.20, p. 1-13, 2019.

WANG, H., MISZTAL, I., AGUILAR, I., LEGARRA, A., MUIR, W. M. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. **Genetics Research**, 94, 73-83, 2012.

YOKOO, M. J et al. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 58, n. 1, p. 52-58, 2010.

ZUIN, A, R. et al. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nellore cattle. **Meat Science**, v. 91, n. 3, p. 352-357, 2012.