

## RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 25/02/2023.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**PREDIÇÃO GENÔMICA PONDERADA POR REGIÕES GENÔMICAS  
CANDIDATAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA  
ECONÔMICA EM BOVINOS NELORE**

**João Barbosa da Silva Neto**

Zootecnista

JABOTICABAL - SÃO PAULO – BRASIL

Fevereiro de 2021

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**PREDIÇÃO GENÔMICA PONDERADA POR REGIÕES GENÔMICAS  
CANDIDATAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA  
ECONÔMICA EM BOVINOS NELORE**

João Barbosa da Silva Neto

Orientador: Prof. Dr. Fernando Sebastián Baldi Rey

Co-Orientador (a): Dr. Marcos Lemes

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal.

JABOTICABAL - SÃO PAULO – BRASIL

Fevereiro de 2021

S586p Silva Neto, João Barbosa da  
Predição genômica ponderada por regiões genômicas candidatas para características de importância econômica em bovinos Nelore / João Barbosa da Silva Neto. -- Jaboticabal, 2021  
76 f.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal  
Orientador: Fernando Sebastián Baldi Rey  
Coorientador: Marcos Lemes

1. Bos indicus. 2. Habilidade de predição. 3. Incorporação de QTLs. 4. Matriz de relacionamento genômico ponderada. 5. ssGBLUP. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

**TÍTULO DA DISSERTAÇÃO:** PREDIÇÃO GENÔMICA PONDERADA POR REGIÕES GENÔMICAS CANDIDATAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM BOVINOS NELORE

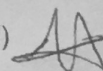
**AUTOR:** JOÃO BARBOSA DA SILVA NETO

**ORIENTADOR:** FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY

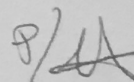
**COORDINADOR:** MARCOS VINICIUS ANTUNES DE LEMOS

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:

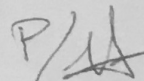
Prof.Dr. FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY (Participação Virtual)  
Departamento de Zootecnia / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Prof. Dr. DANISIO PRADO MUNARI (Participação Virtual)  
Departamento de Engenharia e Ciências Exatas (DECEEx) / FCAV / Unesp - Jaboticabal



Dr. RAFAEL MEDEIROS DE OLIVEIRA SILVA (Participação Virtual)  
ZOETIS Brasil / São Paulo/SP



Jaboticabal, 25 de fevereiro de 2021

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

JOÃO BARBOSA DA SILVA NETO, filho de Geasi Barbosa da Silva e Valéria Cristina Borges dos Santos, nasceu em Cachoeiro Paulista, São Paulo, aos 27 de setembro de 1996. Em setembro de 2014 ingressou no curso de Zootecnia na Universidade Tecnológica Federal do Paraná, UTFPR-DV, Paraná, onde participou dos programas de bolsas de iniciação científica PIBIC 2014/2015; Fundação Araucária 2015/2016 e 2016/2017 orientado pela Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Fabiana Martins Costa Maia. Em dezembro de 2018 obteve título de Zootecnista. Em março de 2019 ingressou no curso de pós-graduação da FCAV (Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária) - Unesp/Jaboticabal, para se habilitar ao Título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal, onde concluiu em fevereiro de 2021.

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Deus, por sempre estar comigo, me dando saúde e capacidade para desenvolver este trabalho!!!

Aos meus pais, Geasi e Valéria, por todo amor, apoio e suporte em todas as etapas da minha vida. Nada disso seria possível sem vocês. Obrigado por serem minha base. Amo muito vocês!!

Aos meus avós João Barbosa, Rubenita, Benedito e Ana Borges, que quando presentes em vida sempre me apoiaram, encorajaram e me amaram. Meus agradecimentos a vocês não cabem em apenas palavras, serei eternamente grato por tudo que fizeram e ainda fazem por mim, mesmo que lá de “cima”. Amo vocês eternamente!

Ao meu orientador prof. Fernando Baldi, pelos ensinamentos, conselhos, amizade, apoio, paciência, e pela confiança depositada para o desenvolvimento deste trabalho. É um privilégio trabalhar num ambiente tão agradável e com o sr. ao qual tenho admiração pelo seu grande conhecimento. Me sinto com sorte e feliz por estar aqui. Obrigado!

Ao meu professor Gregório Camargo, pelos ensinamentos transmitidos em genética e melhoramento animal durante a graduação, pela amizade que criamos, pelos conselhos e ajudas. Sou eternamente grato!!

A minha irmã Gessica e amigos, pela motivação, conselhos, conversas, parceria. Meu muito obrigado!

Aos colegas do curso de pós-graduação, em especial Sabrina Amorim, Sabrina Kluska e Juan Diego que sempre estiveram disponíveis para me ajudar e ensinar. Obrigado pelas inúmeras conversas, sendo na mesa de um bar ou nos cafés no departamento entre os intervalos de aula. Meu muitíssimo obrigado!!

Aos docentes do programa da pós graduação em Genética e Melhoramento animal, pela atenção, ensinamentos e pela preocupação com a formação acadêmica e científica de seus alunos, sempre os incentivando ao constante aprendizado.

À Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela concessão da bolsa de estudos, colaborando para a minha formação acadêmica.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

## EPÍGRAFE

“Todo progresso acontece fora da zona de conforto.”

*Michael John Bobak*

“A mente que se abre a uma nova idéia, jamais  
voltará ao seu tamanho original.”

*Albert Einstein*

“Só é lutador quem sabe lutar consigo mesmo”.

*Carlos Drummond de Andrade*

## SUMÁRIO

|                                                                                                                                                        |            |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------|
| <b>RESUMO.....</b>                                                                                                                                     | <b>iii</b> |
| <b>ABSTRACT.....</b>                                                                                                                                   | <b>iv</b>  |
| <b>CAPÍTULO I – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....</b>                                                                                                          | <b>10</b>  |
| <b>1. INTRODUÇÃO.....</b>                                                                                                                              | <b>10</b>  |
| <b>2. REVISÃO DE LITERATURA.....</b>                                                                                                                   | <b>12</b>  |
| 2.1 Características de carcaça.....                                                                                                                    | 12         |
| 2.2 Característica de crescimento.....                                                                                                                 | 14         |
| 2.3 Inclusão das informações genômicas nas predições.....                                                                                              | 15         |
| 2.4 Regiões genômicas associadas à características em estudo.....                                                                                      | 17         |
| 2.4.1 Regiões genômicas associadas as características de carcaça.....                                                                                  | 17         |
| 2.4.2 Regiões genômicas associadas à característica de crescimento.....                                                                                | 20         |
| 2.5 Incorporação de regiões genômicas candidatas provenientes do GWAS...21                                                                             |            |
| <b>REFERÊNCIAS.....</b>                                                                                                                                | <b>24</b>  |
| <b>CAPÍTULO II - PREDIÇÃO GENÔMICA PONDERADA POR REGIÕES GENÔMICAS CANDIDATAS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM BOVINOS NELORE.....</b> | <b>38</b>  |
| <b>1. INTRODUÇÃO.....</b>                                                                                                                              | <b>40</b>  |
| <b>2. MATERIAL E MÉTODOS.....</b>                                                                                                                      | <b>42</b>  |
| 2.1 Dados fenotípicos.....                                                                                                                             | 42         |
| 2.2 Características.....                                                                                                                               | 42         |
| 2.3 Dados genômicos.....                                                                                                                               | 43         |
| 2.4 Estimativa de parâmetros genéticos.....                                                                                                            | 43         |
| 2.5 Associação genômica ampla de etapa única (ssGWAS).....                                                                                             | 45         |
| 2.6 Ponderação dos SNPs.....                                                                                                                           | 46         |
| 2.7 Habilidade de Predição.....                                                                                                                        | 48         |
| <b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>                                                                                                                  | <b>49</b>  |
| 3.1 Regiões genômicas.....                                                                                                                             | 49         |
| 3.2 Habilidade de predição.....                                                                                                                        | 50         |
| 3.3 Inflação das predições.....                                                                                                                        | 57         |
| <b>4. CONCLUSÃO.....</b>                                                                                                                               | <b>60</b>  |
| <b>REFERÊNCIAS.....</b>                                                                                                                                | <b>60</b>  |
| <b>ANEXOS.....</b>                                                                                                                                     | <b>64</b>  |

## PREDIÇÃO GENÔMICA PONDERADA POR REGIÕES GENÔMICAS CANDIDATAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM BOVINOS NELORE

**RESUMO** - Este estudo teve como objetivo avaliar o impacto na acurácia e viés das predições genômicas por incluir e ponderar diferencialmente regiões genômicas candidatas para as características de produção em bovinos da raça Nelore. Foram utilizados dados de 244.254 animais nascidos entre 1977 e 2016, com aproximadamente 176.000 registros fenotípicos para as características peso ajustado aos 450 dias de idade (P450), área de olho de lombo (AOL), marmoreio (MARB) espessura da gordura subcutânea (EGS) e espessura da gordura da garupa (EGP8). 7.769 animais foram genotipados com o painel de baixa densidade (30k - CLARIFIDE® Nelore 3.0) e os genótipos foram imputados a um painel contendo 735.044 marcadores. Para todas as características um modelo animal linear foi considerado para obter as estimativas de parâmetros genéticos e executar o GWAS. Foram incluídos no modelo os efeitos genéticos aditivos diretos e residuais como efeitos aleatórios, os efeitos fixos para as características de carcaça foram grupos contemporâneos (GC) e idade do animal (covariável) e para característica de crescimento os grupos contemporâneos (GC). Para todas as características, um procedimento BLUP genômico de etapa única (ssGBLUP) foi realizado, sendo que a matriz G foi construída usando diferentes combinações de SNPs e pesos. Para avaliar a capacidade de predição do GEBV dos modelos para cada conjunto de dados, a mesma foi mensurada por meio da correlação de Pearson entre o valor genético genômico estimado (GEBV) e o fenótipo ajustado para efeitos fixos ( $Y_c$ ), dividido pela raiz quadrada da herdabilidade da característica avaliada. O viés das predições genômicas foi avaliado utilizando o coeficiente de regressão do fenótipo ajustado ( $Y_c$ ) sobre o GEBV. Verificou-se um maior efeito sobre o viés das predições ao incluir QTLs e ponderações no ssGBLUP do que nas habilidades de predição. Maiores ganhos na habilidade preditiva foram obtidos para P450 ao ponderar a matriz G e incluir QTLs provenientes de ssGWAS. A incorporação de QTLs candidatos previamente relatados na literatura e ponderá-los de forma diferenciada, pode apresentar um sucesso limitado para características de carcaça. Para características com pouca informação e baixa herdabilidade, as estimativas de habilidade preditiva foram baixas, visto que possivelmente o número de observações limita os benefícios da incorporação da informação genômica.

**Palavras-chaves:** *Bos indicus*; habilidade de predição; incorporação de QTLs; matriz de relacionamento genômico; ponderação; ssGBLUP; viés.

## WEIGHTED GENOMIC PREDICTION BY CANDIDATE GENOMIC REGIONS FOR TRAITS OF ECONOMIC IMPORTANCE IN NELORE CATTLE

**ABSTRACT** - This study aimed to evaluate the impact on the accuracy and bias of genomic predictions by including and differentially weighting candidate genomic regions for production characteristics in Nelore cattle. We used 244,254 animals born between 1977 and 2016. The data comprise approximately 176,000 phenotypic records for adjusted weight at 450 (P450) days of age, loin eye area (AOL), marbling (MARB) subcutaneous fat thickness (EGS) and croup fat thickness (EGP8). A total of 7,769 animals were genotyped with the low density panel (30k). All genotypes were imputed to a panel containing 735,044 markers. For all traits a linear animal model was considered to obtain the genetic parameter estimates and run GWAS. Direct and residual additive genetic effects were included in the model as random effects, the fixed effects for carcass traits were contemporary groups (CG) and animal age (covariate) and for growth trait the contemporary groups (CG). For all characteristics a single-step genomic BLUP procedure (ssGBLUP) was used. The G Matrix was constructed using different combinations of SNPs and weights. To evaluate the GEBV prediction capability of the models for each data set, it was measured by Pearson's correlation between the estimated genetic value (GEBV) and the fixed effect adjusted phenotype ( $Y_c$ ), divided by the square root of the heritability of the evaluated characteristic. The inflation of the genomic predictions was evaluated using the regression coefficient of the adjusted phenotype ( $Y_c$ ) on GEBV. There was a greater effect on bias of predictions by including candidate QTLs and weights in ssGBLUP than in prediction abilities. More gains in predictive ability were obtained for P450 by weighting the G matrix and including candidate QTLs from ssGWAS. Incorporating QTLs previously reported in the literature and weighting them differently may have limited success for carcass traits. For traits with little information and low heritability, predictive ability estimates were low, as possibly the number of observations limits the benefits of incorporating genomic information.

**Keywords:** *Bos indicus*; prediction ability; incorporation of QTLs; genomic relationship matrix; weighting; ssGBLUP; bias.

## CAPÍTULO I – CONSIDERAÇÕES GERAIS

### 1. INTRODUÇÃO

A correta identificação dos indivíduos geneticamente superiores para características de interesse econômico é de extrema importância para o sucesso de um programa de melhoramento genético (GODDARD; HAYES, 2009), em que o acúmulo de ganho genético a cada geração, mediante o aumento da frequência alélica desejável ao aplicar a seleção e acasalamento dos animais com maior mérito genético na população para as características de interesse, é foco principal. No entanto, é necessário avaliar corretamente o mérito genético dos animais superiores, pois são esses que contribuirão geneticamente para o maior desempenho da próxima geração.

Com a redução nos custos de genotipagem e crescimento do número de SNPs (do inglês, *Single Nucleotide Polymorphisms*) identificados que possibilitou uma cobertura maior do genoma, a aplicação comercial da seleção genômica (GS) em alguns programas de melhoramento animal tornou-se possível. A inclusão da informação genômica para prever o mérito genético dos indivíduos, permite identificar maior proporção da variabilidade genética aditiva a partir da utilização de painéis com alta densidade de SNPs (MEUWISSEN et al., 2001), com aumento no ganho genético pela diminuição do intervalo de gerações e ganhos na acurácia das estimativas de valor genético (HABIER, FERNANDO; DEKKERS, 2007; BOICHARD et al., 2016), sobretudo para características de baixa herdabilidade e de difícil mensuração em ambos os sexos no início da vida do indivíduo (VAN RADEN, 2008).

Diversos trabalhos na literatura utilizando marcadores moleculares e informações de pedigree na predição dos parâmetros genéticos em várias espécies de animais, tornaram visível a importância da inclusão da informação genômica nas avaliações genéticas (HAILE-MARIAM et al., 2012; ELZO et al., 2015; LOBERG et al., 2015; BOICHARD et al., 2016). No entanto, trabalhos na literatura relataram valores de acurácias dos valores genômicos preditos (GEBVs - *Genomic Estimated Breeding Values*) variando de 0,06 à 0,74 para características de importância econômica em bovinos da raça Nelore, mesmo utilizando painéis de alta densidade de marcadores

nos estudos de seleção genômica (NEVES et al., 2014; MAGALHÃES et al., 2015; SILVA et al., 2016; COSTA, 2018; WATENABE, 2018).

A variação nos valores de acurácia entre os estudos descritos na literatura pode ser explicada, visto que a precisão dos métodos utilizados não depende apenas de suas propriedades teóricas, mas também das diferentes situações em que são aplicados (ZHANG et al., 2011). Diversos fatores podem estar limitando uma maior resposta em acurácia e diminuição do viés das predições genômicas, como a) arquitetura genética da característica de interesse, que pode ser descrita com base na herdabilidade e no número de QTLs (do inglês *Quantitative Trait Loci*) associados, em que métodos que melhor se adaptam à arquitetura genética, possuem maior precisão das estimativas (LUND et al., 2009; ZHANG et al., 2011); b) densidade de marcadores utilizado e o desequilíbrio de ligação (LD), visto que quanto maior a quantidade de marcadores, maior é o  $r^2$  (LD) entre eles, resultando em maior precisão do GEBV (MEUWISSEN et al., 2001; CALUS et al., 2010; MOSER et al., 2010); c) tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) (GODDARD, 2009); d) herdabilidade da característica (GODDARD, 2009); e) número de animais genotipados (VANRADEN et al., 2009; CALUS, 2010; DAETWYLER et al., 2010); f) número de gerações na população de referência em GS, em que a precisão dos GEBVs diminui ao decorrer das gerações, devido as mudanças de LD entre marcadores e QTLs, resultado do processo de recombinação e seleção (MEUWISSEN et al., 2001; HABIER et al., 2007); e g) método utilizado para estimar os efeitos dos marcadores (LOURENCO et al., 2014).

Avanços tecnológicos nos campos de bioinformática e biologia computacional possibilitaram a aplicação dos estudos “ÔMICOS” (genômica, transcriptômica, proteômica, metabolômica, entre outras) (MALONE; OLIVER, 2011; CHEN et al., 2011; KARISA et al., 2014; WIDMANN et al., 2015; COSTA, 2018), os quais fornecem uma compreensão mais rápida e precisa das relações entre os genes e fenótipos, bem como as interações genótipo-ambiente que resultam em variações fenotípicas das características quantitativas (FURLAN; FERRAZ; BORTOLOSSI, 2007), além de possibilitarem realizar uma análise de associação tripla entre genótipos, fenótipos metabólicos (biomarcadores) e características de desempenho produtivo, como realizado por Weikard et al. (2010) para identificar genótipos e metabólitos associados ao crescimento e metabolismo de lipídios em bovinos. O uso dessas informações nas avaliações genéticas, podem fornecer dados mais precisos para a seleção genômica

e proporcionar maior confiabilidade (acurácia) na predição do mérito genético (DEPs) dos animais para as características de importância econômica (KARISA et al., 2014; WIDMANN et al., 2015; COSTA, 2018).

Neste sentido, um grande número de polimorfismos de SNPs e *loci* causais foram descobertos a partir de dados de sequenciamento por meio de análises de associação genômica (GWAS) (DRUET et al., 2014; DAETWYLER et al., 2014; CALUS et al., 2016), sendo que a incorporação dessas variantes nas predições genômicas poderia ser uma alternativa para melhorar a acurácia dos GEBVs (ORTEGA et al., 2016; FRAGOMENI et al., 2017; VANRADEN et al., 2017). Sendo assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar o impacto na habilidade de predição e viés dos valores genômicos preditos para características de carcaça e crescimento em bovinos da raça Nelore, ponderando diferencialmente regiões genômicas candidatas para as características avaliadas.

### 3. RESULTADOS

A habilidade preditiva para características de crescimento e carcaça usando os diferentes modelos de predição, estão descritas na Tabela 5. Para todas as características, a incorporação da informação genômica nas avaliações (ss) melhorou a acurácia das predições em relação ao modelo BLUP utilizando apenas informação de pedigree. Para P450, a habilidade preditiva aumentou 20% utilizando o ss não ponderado em relação ao BLUP. Ao ponderar com todos os valores de  $\lambda$  obtidos nas iterações do ssGWAS (ssw1 e ssw2), habilidades preditivas semelhantes foram observadas em comparação com o ss não ponderado. Para AOL um aumento de 41 % foi observado ao usar o ss comparado a avaliação tradicional BLUP. Já para EGS e EGP8, os autores obtiveram habilidades preditivas menores em 57% e 35%, respectivamente. Para todas as características avaliadas, nenhuma melhora foi observada na habilidade de predição utilizando o ssw1 e ssw2 em comparação com o ss não ponderado. Ao comparar o viés do BLUP com o ss, diminuições significativas para MARB, EGS e EGP8 foram observadas, sendo os valores mais próximos de 1 (1,02, 1,34 e 1,19, respectivamente). Para P450 e AOL as diferenças entre os dois métodos foram pequenas e as abordagens obtiveram vieses muito semelhantes. Para todas as características avaliadas com os ssw1 e ssw2, maiores inflações foram observadas comparado ao ss não ponderado, superestimando os GEBVs. Para P450,

o ssw1bio e ssw2bio proporcionaram predições menos enviesadas em relação ao ss não ponderado. Valores mais próximos de 1 utilizando o ssw2bio (0,91) também foram observados para EGS. Assim como o ssw1 e ssw2, os modelos de ssw1biopoli e ssw2biopoli obtiveram predições com os coeficientes de regressão mais distantes de 1 do que o ss não ponderado para P450 e AOL, superestimando os GEBVs.

## REFERÊNCIAS

- ABREU SILVA, B. C.; ELER, J. P.; SANTANA, M. L.; MATTOS, E. C.; MENEZES, I. R.; FERRAZ, J. B. S. 2018. Genetic association between mature weight and early growth and heifer pregnancy traits in Nellore cattle. *Livest. Sci.* 211, 61–65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.03.003>
- AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D. L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR, T. J. 2010. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J Dairy Sci.*;93:743–52.
- ALBRECHT, E.; KOMOLKA, K.; KUZINSKI, J.; MAAK, S. 2012. Agouti revisited: Transcript quantification of the ASIP gene in bovine tissues related to protein expression and localization. *PLoS One* 7:e35282.
- BALDI, F.; ALENCAR, M. M. ; ALBUQUERQUE, L. G. 2010. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. *Revista Brasileira de Zootecnia / Brazilian Journal of Animal Science*, v. 39, p. 2409-2417.
- BERG, R. T.; BUTTERFIELD, R. M. 1976. *New concepts of cattle growth*. Sydney: Sydney University Press.
- BERTAZZO, R. P.; FREITAS, R. T. F.; GONÇALVES, T. M.; PEREIRA, I. G.; ELLER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, A. I. G.; ANDRADE, I. F. 2004. Parâmetros genéticos de longevidade e produtividade de fêmeas da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, 5, p. 1118-1127.
- BERRY, D. P.; KEARNEY, J. F. 2011. Imputation of genotypes from low- to high-density genotyping platforms and implications for genomic selection. *Animal*, v. 5, n. 8, p. 1162–1169.
- BERRY, D. P.; GARCIA, J. F.; GARRICK, D. J. 2016. Development and implementation of genomic predictions in beef cattle. *Animal Frontiers*. 6:32-38.
- BOICHARD, D.; DUCROCQ, V.; CROISEAU, P.; FRITZ, S. 2016. Genomic selection in domestic animals: Principles, applications and perspectives. *C R Biol.* 2016 Jul-Aug;339(7-8):274-7. doi: 10.1016/j.crvi.2016.04.007.
- BOUWMAN, A. C.; BOVENHUIS, H.; VISKER, M. H. P. W.; ARENDONK, J. A. M. 2011. Genome-wide association of milk fatty acids in Dutch dairy cattle. *BMC Genet.* 12:43.

- BONIN, M. N. 2012. Avaliação de características de desempenho e qualidade de carne em linhagens e touros representativos da raça Nelore, utilizando ultrassonografia, análise de imagens e NIRS. Tese (Doutorado) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.
- BULTMAN, S. J.; RUSSELL, L. B.; GUTIERREZ-ESPELETA, G. A.; WOYCHIK, R. P. 1991. Molecular characterization of a region of DNA associated with mutations at the agouti locus in the mouse. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 88:8062–8066.
- BUZANSKAS, M. E.; PIRES, P. S.; CHUD, T. C.S.; BERNARDES, P. A.; ROLA, L. D.; SAVEGNAGO, R. P.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. 2017. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. *Theriogenology* 92:204–209.
- BRØNDUM, R. F.; SU, G.; JANSS, L.; SAHANA, G.; GULDBRANDTSEN, B.; BOICHARD, D.; LUND, M. S. 2015. Quantitative trait loci markers derived from whole genome sequence data increases the reliability of genomic prediction. *J Dairy Sci.* 98:4107–16.
- CAETANO, S. L.; SAVEGNAGO, R. P.; BOLIGON, A. A.; RAMOS, S. B.; CHUD, T. C. S.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. 2013. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. *Livestock Science* 155:1-7.
- CALUS, M. P. L. 2010. Genomic breeding value prediction: Methods and procedures. *Animal* 4:157–164. doi:10.1017/ S1751731109991352.
- CALUS, M. P. L.; BOUWMAN, A. C.; SCHROOTEN, C.; VEERKAMP, R. F. 2016. Predição genômica eficiente com base em dados de sequência do genoma inteiro usando seleção de variável bayesiana dividida e mesclada. *Genet Sel Evol.*; 48: 49. doi: 10.1186 / s12711-016-0225-x.
- CARDOSO, F. F. 2009. Ferramentas e estratégias para o melhoramento genético de bovinos de corte. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, Documentos; 83.
- CASTILHOS, A. M.; Branco, R. H.; Corvino, T. L. S.; Razook, A. G.; Bonilha, S. F. M.; Figueiredo, L. A. 2010. Feed efficiency of Nellore cattle selected for postweaning weight. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 39, n. 11, p. 2486–2493. doi:10.1590/S1516-35982010001100023
- CARVALHEIRO, R. 2014. Genomic Selection in Nelore Cattle in Brazil. In: 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Presentations... Vancouver.
- CARVALHO, F. E.; ESPIGOLAN, R.; BERTON, M. P.; NETO, J. B. S.; SILVA, R. P.; GRIGOLETTO, L.; SILVA, R. M. O.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; AGUILAR, I.; LÔBO, R. B.; BALDI, F. 2019. *Genome-wide association study and predictive ability for growth traits in Nellore cattle. Livestock Science*, (), 103861–. doi:10.1016/j.livsci.2019.103861
- CARVALHO, M. E.; BALDI, F. S.; ALEXANDRE, P. A.; SANTANA, M. H. A.; VENTURA, R. V.; BUENO, R. S.; BONIN, M. N.; REZENDE, F. M.; COUTINHO, L. L.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. 2019. *Research Article Genomic regions and genes associated with carcass quality in Nelore cattle. Genetics and Molecular Research*, 18(1), –. doi:10.4238/gmr18226

CINAR, M. U.; KAYAN, A.; UDDIN, M. J.; JONAS, E.; TESFAYE, D.; PHATSARA, C.; PONSUKSILI, S.; WIMMERS, K.; THOLEN, E.; LOOFT, C.; JÜNGST, H.; SCHELLANDER, K. 2012. Association and expression quantitative trait loci (eQTL) analysis of porcine AMBP, GC and PPP1R3B genes with meat quality traits. *Mol. Biol. Rep.* 39, 4809–4821. doi: 10.1007/s11033-011-1274-4

COSTA, M. B. 2018. Caracterização metabolômica do plasma de tourinhos Nelore com divergentes DEPs de crescimento. 60 f. Dissertação de Mestrado – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

COSTA, R. B.; IRANO, N.; DIAZ, I. D. P. S.; TAKADA, L.; DA COSTA, H. I.; CARVALHEIRO, R.; BALDI, F.; DE OLIVEIRA, H. N.; TONHATI, H.; DE ALBUQUERQUE, L. G. 2018. *Prediction of genomic breeding values for reproductive traits in Nellore heifers. Theriogenology*, S0093691X18309683–. doi:10.1016/j.theriogenology.2018.10.014

CHEN, Y. et al. 2011. Global gene expression profiling reveals genes expressed differentially in cattle with high and low residual feed intake. *Animal genetics*, Oxford, v. 42, n. 5, p. 475–90.

CREWS, D. H. JR.; KEMP, R. A. 2002. Genetic evaluation of carcass yield using ultrasound measures on young replacement beef cattle. *Journal. Animal. Science*. V.80, p.1809– 1818.

CHOAT, W. T.; KREHBIEL, C. R.; DUFF, G. C.; KIRKSEY, R. E.; LAURIAULT, L. M.; RIVERA, J. D.; CAPITAN, B. M.; WALKER, D. A.; DONART, G. B.; GOAD, C. L. 2003. Influence of grazing dormant native range or winter wheat pasture on subsequent finishing cattle performance, carcass characteristics, and ruminal metabolism<sup>1,2</sup>. *Journal of Animal Science*, 81(12), 3191–3201. doi:10.2527/2003.81123191x

DAETWYLER, H. D.; PONG-WONG, R.; VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J. A. 2010. The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. *Genetics* 185:1021–1031. doi:10.1534/genetics.110.116855.

DEKKERS, J. C. M. 2004. Commercial application of markers and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *J. Anim. Sci.*, v.82, p.313-328.

DE LOS CAMPOS, G.; HICKEY, J. M.; PONG-WONG, R.; DAETWYLER, H. D.; CALUS, M. P. L. 2013. Whole-Genome Regression and Prediction Methods Applied to Plant and Animal Breeding. *Genetics*, v.193, p.327–345.

DE OLIVEIRA SILVA, R. M.; STAFUZZA, N. B.; FRAGOMENI, B. O.; CAMARGO, G. M. F.; CEACERO, T. M.; GONÇALVES CYRILLO, J. N. S.; ... ALBUQUERQUE, L. G. 2017. Genome-Wide Association Study for Carcass Traits in an Experimental Nellore Cattle Population. *PLOS ONE*, 12(1), e0169860. doi:10.1371/journal.pone.0169860

DE PAULA, E. J. H.; MARTINS, E. N.; OLIVEIRA, C. A. L.; MAGNABOSCO, C. U.; SAINZ, R. D.; GERON, L. J. V.; SOUZA NETO, E. L.; PORTO, E. P.; MIGUEL, G. Z. 2015. Associations between reproductive and carcass traits in Nellore. *Semina: Ciências Agrárias* 36:4423-4434.

DE ROOS, A. P. W.; HAYES, B. J.; SPELMAN, R. J.; GODDARD, M. E. 2008. Linkage disequilibrium and persistence of phase in Holstein-Friesian, Jersey and Angus cattle. *Genetics* 179: 1503-1512, 2008.

DIAZ, I. D. P. S. 2009. Interação genótipo – ambiente no peso ao sobreano na raça Nelore. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2009.

DRUET, T.; MACLEOD, I. M.; HAYES, B. J. 2014. Rumo à previsão genômica a partir de dados de sequência do genoma inteiro: impacto do projeto de sequenciamento na imputação do genótipo e precisão das previsões. *Heredity* (Edinb); 112: 39–47. doi: 10.1038 / hdy.2013.13.

DUARTE, M. S.; WEI, S.; HARRIS, S. M.; DODSON, M. V.; DU, M. 2018. Enhancement of adipogenesis and fibrogenesis in skeletal muscle of Wagyu compared with Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 91, 2938–2946.

EDWARDS, D. B.; BATES, R. O.; AND OSBURN, W. N. 2003. Evaluation of Duroc- vs. Pietrain-sired pigs for carcass and meat quality measures. *J. Anim. Sci.* 81, 1895–1899. doi: 10.2527/2003.8181895x

ELZO, M. A.; THOMAS, M. G.; JOHNSON, D. D.; MARTINEZ, C. A.; LAMB, G. C.; ERA, D. O.; WASDIN, J. G; DRIVER, J. D. 2015. Genetic Parameters and predictions for direct and maternal growth traits in a multibreed Angus-Brahman cattle population using genomicpolygenic and polygenic models. *Livestock Science* 178:43-51.

FERREIRA, J. J.; BRONDANI, I. L.; LEITE, D. T.; RESTLE, J.; ALVES FILHO, D. C.; MISSIO, R. L.; HECK, I.; SEGABINAZZI, L. R. 2006. Características da carcaça de tourinhos Charolês e mestiços Charolês x Nelore terminados em confinamento. *Ciência Rural*, v.36, n.1.

FERRAZ FILHO, P. B.; RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; ALENCAR, M. M. 2002a. Herdabilidades e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. *Archives of Veterinary Science*, v. 7, n. 1, p. 65-69.

FERNANDO, R. L.; DEKKERS, J. C. M.; GARRICK, D. J. 2014. A class of Bayesian methods to combine large numbers of genotyped and non-genotyped animals for whole-genome analyses. *Genet Sel Evol.*;46:50.

FERNANDES, G. A. 2015. Seleção genômica para características de carcaça em bovinos da raça Nelore. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

FIGUEIREDO, L. G. G. 2001. Estimativa de parâmetros genéticos de características de carcaça feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Nelore. Dissertação (Mestrado). Pirassununga - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo (USP), 67p.

FORTES, M. R. S.; REVERTER, A.; KELLY, M.; MCCULLOCH, R.; LEHNERT, S. A. 2013. Genome-wide association study for inhibin, luteinizing hormone, insulin-like

growth factor 1, testicular size and semen traits in bovine species. *Andrology*; 1(4): 644–650. doi: 10.1111/j.2047-2927.2013.00101.x

FURLAN, L. R.; FERRAZ, A. L. J.; BORTOLOSSI, J. C. 2007. A genômica funcional no âmbito da produção animal: estado da arte e perspectivas. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v. 36, p. 331–341.

FRAGOMENI, B. O.; LOURENCO, D. A. L.; MASUDA, Y.; LEGARRA, A.; MISZTAL, I. 2017. Incorporation of causative quantitative trait nucleotides in single-step GBLUP. *Genet Sel Evol* 49, 59. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0335-0>

GARCIA, A. 2019. Implementação da seleção genômica para idade ao primeiro parto em fêmeas Nelore. Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa (UFV).

GODDARD, M. E.; HAYES, B. J. 2007. Genomic selection. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 124, p. 323-330.

GODDARD, M. 2009. Genomic selection: Prediction of accuracy and maximisation of long term response. *Genetica (The Hague)* 136:245–257.

GRIGOLETTO, L.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, H. R.; ELER, J. P.; BUSSIMAN, F. O.; ABREU SILVA, B. C.; BALDI, F.; BRITO, L. F. 2020. *Genetic Architecture of Carcass and Meat Quality Traits in Montana Tropical® Composite Beef Cattle*. *Frontiers in Genetics*, 11(), 123–. doi:10.3389/fgene.2020.00123

HA, N.; DRÖGEMÜLLER, C.; REIMER, C.; BRUCKMAIER, R. M.; SIMIANER, H.; GROSS, J. J. 2017. Liver transcriptome analysis reveals important factors involved in the metabolic adaptation of the transition cow. *J. Dairy Sci.* 1–13. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12454>

HAILE-MARIAM, M.; NIEUWHOF, G. J.; BEARD, K. T.; KONSTATINOV, K. V.; HAYES, B. J. 2012. Comparison of heritabilities of dairy traits in Australian Holstein-Friesian cattle from genomic and pedigree data and implications for genomic evaluations. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 130:20-31.

HABIER, D.; FERNANDO, R.L.; DEKKERS, J.C.M. 2007. The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. *Genetics*, 177:2389-2397.

HARPER, G. S.; PETHICK, D. W. 2004. How might marbling begin? *Australian Journal of Experimental Agriculture*, v. 44, n. 7, p. 653.

HASSEN, A.; WILSON, D. E.; ROUSE, G. H. 1999. Evaluation of carcass, live, and real time ultrasound measures in feedlot cattle: I. Assessment of sex and breed effects. *Journal of Animal Science*, 77, 273-282.

HAYES, B. J.; CHAMBERLAIN A. J.; MCPARTLAN H.; MACLEOD I.; SETHURAMAN L.; GODDARD M. E. 2007. Accuracy of marker-assisted selection with single markers and marker haplotypes in cattle. *Genetical research*, v. 89, n. 4, p. 215-20.

HAY, E. H.; ROBERTS, A. 2018. Genome-wide association study for carcass traits in a composite beef cattle breed. *Livest. Sci.* 213, 35–43. doi:10.1016/j.livsci.2018.04.018

HERRING, A. D. 2006. Genetic aspects of marbling in beef carcasses. Department of Animal Science. Texas A&M University. Disponível em:< <http://www.cabpartners.com/articles/news/222/CAB-Review-of-Marbling.pdf>>.

HOCQUETTE, J.; LEHNERT, S.; BARENDSE, W.; CASSAR-MALEK, I.; PICARD, B. 2007. Recent advances in cattle functional genomics and their application to beef quality. *Animal*, 1(1), 159-173. doi:10.1017/S1751731107658042

HORNSTEIN, I.; WASSERMAN, A. 1987. Chemistry of meat flavour. In 'The science of meat and meat products (3rd edn)'. (Eds JF Price, BS Schweigert) pp. 329–347. (Food and Nutrition Press Inc.: Westport, CT, USA).

IHESHIULOR, O. O. M.; WOOLLIAMS JA, Y. U. X.; WELLMANN, R.; MEUWISSEN, T. H. E. 2016. Within-and across-breed genomic prediction using whole-genome sequence and single nucleotide polymorphism panels. *Genet Sel Evol.*;48:15.

JAHUEY-MARTÍNEZ, F. J.; PARRA-BRACAMONTE, G. M.; SIFUENTES-RINCÓN, A. M.; MARTÍNEZ-GONZÁLEZ, J. C.; GONDRO, C.; GARCÍA-PÉREZ, C. A.; LÓPEZ-BUSTAMANTE, L. A. 2016. Genomewide association analysis of growth traits in charolais beef cattle. *J. Anim. Sci.* 94, 4570–4582. <https://doi.org/10.2527/jas.2016-0359>

JAFFERALI, M. H.; FIGUERO, R. A.; HASAN, M.; HALLBERG, E. 2017. Spindle associated membrane protein 1 ( Samp1 ) is required for the differentiation of muscle cells. *Nature* 1, 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-16746-y>

JEFF, J. M.; ARMSTRONG, L. L.; RITCHIE, M. D.; DENNY, J. C.; KHO, A. N.; BASFORD, M. A.; WOLF, W. A.; PACHECO, J. A.; LI, R.; CHISHOLM, R. L.; RODEN, D. M.; HAYES, M. G.; CRAWFORD, D. C.; PALMER, N. D. 2014. Admixture Mapping and Subsequent Fine-Mapping Suggests a Biologically Relevant and Novel Association on Chromosome 11 for Type 2 Diabetes in African Americans. *PLoS ONE*, 9(3), e86931–. doi:10.1371/journal.pone.0086931

JOHNSTON, D. J.; TIER, B.; GRASER, H. U. 2012. Beef cattle breeding in Australia with genomics: opportunities and needs. *Animal Production Science*, v.52, p.100-106.

JÚNIOR, G. A. F.; COSTA, R. B.; DE CAMARGO, G. M. F.; CARVALHEIRO, R.; ROSA, G. J. M.; BALDI, F.; GARCIA, D. A.; GORDO, D. G. M.; ESPIGOLAN, R.; TAKADA, L.; MAGALHÃES, A. F. B.; BRESOLIN, T.; FEITOSA, F. L. B.; CHARDULO, L. A. L.; DE OLIVEIRA, H. N.; DE ALBUQUERQUE, L. G. 2016. *Genome scan for postmortem carcass traits in Nellore cattle1. Journal of Animal Science*, 94(10), 4087–4095. doi:10.2527/jas.2016-0632

KAYAN, A. 2011. "Identification of positional and functional candidate genes for meat and carcass quality in F2 Duroc x Pietrain resource population. [dissertation/master's thesis]," (Germany: University of Bonn).

KARISA, B. K. et al. 2014. Plasma metabolites associated with residual feedintake and other productivity performance traits in beef cattle. *Livestock Science*, Amsterdam, v. 165, p. 200-211.

KITAMURA, T.; NAGANUMA, T.; ABE, K.; NAKAHARA, K.; OHNO, Y.; KIHARA, A. 2013. Substrate specificity, plasma membrane localization, and lipid modification of the aldehyde dehydrogenase ALDH3B1. *Biochim Biophys Acta*. 1831(8): 1395–1401. doi: 10.1016/j.bbalip.2013.05.007

KLIMIEN, I.; MOCKELI NAS, R.; ŠPAKAUSKAS, V.; ERNAUSKAS, A.; SAKALAUSKIEN, R. 2008. Metabolic changes of thyroid hormones in cattle. Review. *Veterinarija ir Zootechnika*, v.42, n.64.

KNEELAND, J.; LI, C.; BASARAB, J.; SNELLING, W. M.; BENKEL, B.; MURDOCH, B.; HANSEN, C.; MOORE, S. S. 2004. Identification and fine mapping of quantitative trait loci for growth traits on bovine chromosomes 2, 6, 14, 19, 21, and 23 within one commercial line of. *Journal of animal science* 82: 3405-3414. <https://doi.org/10.2527/2004.82123405x>

LAUREANO, M. M. M.; BOLIGON, A. A.; COSTA, R. B.; FORNI, S.; SEVERO, J. L. P.; ALBUQUERQUE, L. G. 2011. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. *Arq Bras Med Vet Zootec.*; 63(1):143– 152.

LEE, S. H.; CHOI, B. H.; LIM, D.; GONDRO, C.; CHO, Y. M.; DANG, C. G.; ... HONG, S. K. 2013. Genome-Wide Association Study Identifies Major Loci for Carcass Weight on BTA14 in Hanwoo (Korean Cattle). *PLoS One.*; 8(10): e74677. doi: 10.1371/journal.pone.0074677

LIRA, T.; ROSA, E. M.; GARNERO, A. D. V. 2008. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (revisão). *Ciência Animal Brasileira*, v. 9, n. 1, p. 1-22.

LIRA, T. S.; PEREIRA, L. S.; LOPES, F. B.; FERREIRA, J. L.; LÔBO, R. B.; SANTOS, G. C. J. 2013. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos Nelore criados na região do trópico úmido do Brasil. *Cienc Anim Bras.*;14(1):23–31.

LOURENCO, D. A.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; AGUILAR, I.; EZRA, E.; RON, M.; SHIRAK, A.; WELLER, J. I. 2014. Methods for genomic evaluation of a relatively small genotyped dairy population and effect of genotyped cow information in multiparity analyses. *J. Dairy Sci.* 97:1742–1752. doi:10.3168/jds.2013-6916.

LOBERG, A.; DEURR, J. W.; FIKSE, W. F.; JORJANI, H.; CROOKS, L. 2015. Estimates of genetic variance and variance of predicted genetic merits using pedigree or genomic relationship matrices in six Brown Swiss cattle populations for different traits. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132:376-385.

LOCH, D.; HEIDEL, C.; BREER, H.; STROTMANN, J. 2013. Adiponectin Enhances the Responsiveness of the Olfactory System. *Plos One* ;8.

LUCHIARI FILHO, A. 2000. *Pecuária da carne bovina*. São Paulo: LinBife. 134p.

LUCHIARI FILHO, A. 2006. Produção de carne bovina no Brasil: qualidade, quantidade ou ambas? In: Simpósio sobre desafios e novas tecnologias na bovinocultura de corte. Brasília (Brasil).

LUND, M. S.; SAHANA, G.; KONING, D.; SU, G.; CARLBORG, O.; Comparison of analyses of the QTLMAS XII common dataset. I: Genomic selection. BMC Proceedings, v.3(Suppl 1):S1, 2009.

MARCONDES, C. R. 2000. Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore. Arq Bras Med Vet Zootec.; 52(1):83–89.

MACLEOD, I. M.; BOWMAN, P. J.; VANDER JAGT, C. J. *et al.* 2016. Exploiting biological priors and sequence variants enhances QTL discovery and genomic prediction of complex traits. *BMC Genomics* 17, 144. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-2443-6>

MAGALHÃES, A. F. B. 2015. Utilização de informações genômicas para o melhoramento genético de características da carne em bovinos da raça Nelore. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária.

MAGALHÃES, A. F. B.; CARMARGO, G. M. F.; FERNANDES JUNIOR, G. A.; GORDO, D. G. M.; TONUSSI, R. L.; COSTA, R. B.; *et al.* 2016. Genome-wide association study of meat quality traits in Nellore cattle. *PLoS One.*; 11: e0157845. doi:10.1371/journal.pone.0157845

MAGALHÃES, A. F. B.; SCHENKEL, F. S.; GARCIA, D. A.; GORDO, D. G. M.; TONUSSI, R. L.; ESPIGOLAN, R.; SILVA, R. M. O.; BRAZ, C. U.; FERNANDES JÚNIOR, G. A.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; BOLIGON, A. A.; DE OLIVEIRA, H. N.; CHARDULO, L. A. L.; DE ALBUQUERQUE, L. G. 2019. *Genomic selection for meat quality traits in Nelore cattle. Meat Science*, 148(), 32-37. doi:10.1016/j.meatsci.2018.09.010

MALONE, J. H.; OLIVER, B. 2011. Microarrays, deep sequencing and the true measure of the transcriptome. *BMC biology*, London, v. 9, p. 34.

MATARIM, D. L. 2015. Estimativa de parâmetros genéticos para características de carcaça avaliadas por ultrassom, com ênfase na gordura intramuscular, em bovinos Nelore. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2015.

MEUWISSEN, T. H.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, v. 157, n. 4, p. 1819-29.

MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J Dairy Sci*, 92.

MIRANDA, M.; ESCOTÉ, X.; CEPERUELO-MALLAFRÉ, V.; ALCAIDE, M. J.; SIMÓN, I.; VILARRASA, N.; WABITSCH, M.; VENDRELL, J. 2010. Paired

subcutaneous and visceral adipose tissue aquaporin-7 expression in human obesity and Type 2 Diabetes: Differences and similarities between depots. *J. Clin. Endocrinol. Metab.* 95(7):3470–3479.

MOSER, G.; KHATKAR, M. S.; HAYES, B. J.; RAADSMA, H. W. 2010. Accuracy of direct genomic values in Holstein bulls and cows using subsets of SNP markers. *Genet. Sel. Evol.* 42:37. doi:10.1186/1297-9686-42-37.

MUCARI, T. B.; OLIVEIRA, J. A. 2003. Análise genéticoquantitativa de pesos aos 8, 12, 18 e 24 meses de idade em um rebanho da raça Guzerá. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 32, n. 6, p. 1604-1613, (supl.1).

MCCLURE, M. C.; MORSCI, N. S.; SCHABEL, R. D.; KIM, J. W.; YAO, P.; ROLF, M. M.; MCKAY, S. D.; GREGG, S. J.; CHAPPLE, R. H.; NORTHCUTT, S. L.; TAYLOR, J. F. 2010. A genome scan for quantitative trait loci influencing carcass, post-natal growth and reproductive traits in commercial Angus cattle. *Anim Genet.* 41:597–607.

NAGAI, L. A. E. 2015. IDENTIFICAÇÃO DE GENES RELACIONADOS À MACIEZ DA CARNE DE BOVINOS DAS RAÇAS ANGUS E NELORE POR ANÁLISE DA EXPRESSÃO DIFERENCIAL. Diss. UNICAMP.

NEVES, H. R.; CARVALHEIRO, R.; OBRIEN, A. M. P.; UTSUNOMIYA, Y. T.; CARMO, A. S.; SCHENKEL, F. S.; SOLKNER, J.; McEWAN, J. C.; TASSELL, C. P. V.; COLE, J. B.; SILVA, M. V. G. B.; QUEIROZ, S. A.; SONSTERGARD, T. S.; GARCIA, J. F. 2014. Accuracy of genomic predictions in *Bos indicus* (Nelore) cattle. *Genetics Selection Evolution*, v.46, n.17.

NISHIMURA, S.; WATANABE, T.; MIZOSHITA, N.; TATSUDA, K.; FUJITA, T.; WATANABE, N.; et al. 2012. Genome-wide association study identified three major QTL for carcass weight including the PLAG1-CHCHD7 QTN for stature in Japanese Black cattle. *BMC Genet.*; 13: 40. doi: 10.1186/1471-2156-13-40

OLIVEIRA, C. M. G.; OLIVEIRA FILHO, B. D.; GAMBARINI, M. L.; KUNZ, T. L.; VIU, M. A. 2003. Índice de gestação em novilhas Nelore que atingiram a puberdade em idade precoce. *Rev Bras Reprod Anim.*;27(2):237–239.

OLIVEIRA, D. P. 2016. Predição genômica para o peso ao sobreano via norma de reação em bovinos de corte. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

OLIVEIRA SILVA, M.; R., STAFUZZA, N. B.; FRAGOMENI, B. O.; CAMARGO, G. M. F.; CEACERO, T. M.; CYRILLO, J. S. G. N.; ... DE ALBUQUERQUE, L. G. 2017. *Genome-Wide Association Study for Carcass Traits in an Experimental Nelore Cattle Population*. *PLOS ONE*, 12(1), e0169860. doi:10.1371/journal.pone.0169860

OLNEY, R. C.; BÜKÜLMEZ, H.; BARTELS, C. F.; PRICKETT, T. C. R.; ESPINER, E. A.; POTTER, L. R.; WARMAN, M. L. 2005. Heterozygous mutations in natriuretic peptide receptor-B (NPR2) are associated with short stature. *Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism* 91, 1229–1232.

ORTEGA, M. S.; DENICOL, A. C.; COLE, J. B.; NULL, D. J.; HANSEN, P. J. 2016. Use of single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with daughter

pregnancy rate for prediction of genetic merit for reproduction in Holstein cows. *Anim Genet.*; 47:288–97.

PRIMEAUX, S. D.; BRAYMER, H. D.; BRAY, G. A. 2013. High Fat Diet Differentially Regulates the Expression of Olfactory Receptors in the Duodenum of Obesity-Prone and Obesity-Resistant Rats. *Dig Dis Sci.*; 58:72–76. pmid:23053893

RESENDE, M. D. V.; LOPES, P. S.; SILVA, R. L.; PIRES, I. E. 2008. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. *Pesq. Florestal Brasileira, Colombo*, n.56, p.63-77.

RILEY, D. G. et al. 2002. Estimated genetic parameters for carcass traits of Brahman cattle. *Journal of animal science*, v. 80, n. 4, p. 955–62.

RIBEIRO, M. N.; PIMENTA FILHO, E. C.; MARTINS, G. A.; SARMENTO, J. L. R.; MARTINS FILHO, R. 2001. Herdabilidade para efeitos diretos e maternos de características de crescimento de bovinos Nelore no estado da Paraíba. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 30, n. 4, p. 1224-1227.

ROBSON, M. I.; HERAS, J. I. DE.; CZAPIEWSKI, R.; WEBB, S.; KERR, A. R. W.; SCHIRMER, E. C. 2016. Tissue-Specific Gene Repositioning by Muscle Nuclear Membrane Proteins Enhances Repression of Critical Developmental Genes during Myogenesis. *Dev. Mol. Cell* 62, 834–847.  
<https://doi.org/10.1016/j.molcel.2016.04.035>

RODRIGUEZ, A. 2014. Novel Molecular Aspects of Ghrelin and Leptin in the Control of Adipobiology and the Cardiovascular System. *Obes. Facts* 7:82–95.

SAATCHI, M.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J. F.; GARRICK, D. J. 2014. Large-effect pleiotropic or closely linked QTL segregate within and across ten US cattle breeds. *BMC Genomics*, v.15, n.442.

SALES, L. H. B. 2017. Análise de fatores e componentes principais genéticos para características de crescimento, carcaça e qualidade da carne em machos da raça Nelore. *Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias*, 2017.

SANTANA, M. H.; UTSUNOMIYA, Y. T.; NEVES, H. H. R.; GOMES, R. C.; GARCIA, J. F.; FUKUMASU, H.; SILVA, S. L.; OLIVEIRA JUNIOR, G. A.; ALEXANDRE, P. A.; LEME, P. R.; BRASSALOTI, R. A.; COUTINHO, L. L.; LOPES, T. G.; MEIRELLES, F. V.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. 2014. Genome-wide association analysis of feed intake and residual feed intake in Nelore cattle. *BMC Genetics*, v.15, n.21, p. 1471-2156.

SARUP, P.; JENSEN, J.; OSTERSEN, T.; HENRYON, M.; SØRENSEN, P.; 2016. Increased prediction accuracy using a genomic feature model including prior information on quantitative trait locus regions in purebred Danish Duroc pigs. *BMC Genet.* 17: 11.

SILVA, F. F.; ROCHA, G. S.; RESENDE, M. D. V.; GUIMARÃES, S. E. F.; PETERNELLI L. A.; DUARTE, D. A. S.; AZEVEDO, C. 2013. Seleção genômica

ampla para curvas de crescimento. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 65, p.1519-1526.

SILVA, R. M.; FRAGOMENI, B. O.; LOURENÇO, D. A.; MAGALHÃES, A. F.; IRÃO, N.; CARVALHEIRO, R.; CANESIN, R. C.; MERCADANTE, M. E.; BOLÍGONO, A. A.; BALDI, F. S.; MISZTAL, I.; ALBUQUERQUE, L. G. 2016. Accuracies of genomic prediction of feed efficiency traits using different prediction and validation methods in an experimental Nelore cattle population. J Anim Sci. Sep;94(9):3613-3623. doi: 10.2527/jas.2016- 0401.

SILVA, R. P.; BERTON, M. P.; GRIGOLETTO, L.; CARVALHO, F. E.; SILVA, R. M. O.; PERIPOLLI, E.; CASTRO, L. M.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; LÔBO, R. B.; BALDI, F. 2018. *Genomic regions and enrichment analyses associated with carcass composition indicator traits in Nelore cattle. Journal of Animal Breeding and Genetics*, (), -. doi:10.1111/jbg.12373

SILVA NETO, J. B.; PERIPOLLI, E.; COSTA E SILVA, E. V.; ESPIGOLAN, R.; RODRÍGUEZ NEIRA, J. D.; SCHETTINI, G.; COSTA FILHO, L. C. C.; BARBOSA, F. B.; MACEDO, G. G.; COSTA-BRUNES, L.; LOBO, R. B.; PEREIRA, A. S. C.; BALDI, F. 2020. Genetic correlation estimates between age at puberty and growth, reproductive, and carcass traits in young Nelore bulls, *Livestock Science*, Volume 241, 104266, ISSN 1871-1413, <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104266>.

SUGUISAWA, L. 2002. Ultra-sonografia para predição das características e composição da carcaça de bovinos. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.

SUGUISAWA, L.; MATTOS, W. R. S.; OLIVEIRA, H. N.; SILVEIRA, A. C.; ARRIGONI, M. B.; HADDAD, C. M.; CHARDULO, L. A. L.; MARTINS, C. L. 2003. Ultrasonography as a predicting tool for carcass traits of young bulls. *Scientia Agrícola*, 60, 79-784.

SUGUISAWA, L.; MATTOS, W. R. S.; OLIVEIRA, H. N.; SILVEIRA, A. C.; ARRIGONI, M. B.; SOUZA, A. A. 2006. Correlações simples entre as medidas de ultrassom e a composição da carcaça de bovinos jovens. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 35, 169-176.

SUGUISAWA, L.; MATOS, B. C.; SUGUISAWA, J. M. 2013. Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e de qualidade da carne. Cap 9. *Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa*. Brasília, DF: Embrapa, p. 256.

SCHEFERS, J. M.; WEIGEL K. A. 2012. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Animal Frontiers*. Vol. 2, No. 1.

SCHIÖTH, H. B.; ROSHANBIN, S.; HÄGGLUND, M. G. A.; FREDRIKSSON, R. 2013. Evolutionary origin of amino acid transporter families SLC32, SLC36 and SLC38 and physiological, pathological and therapeutic aspects. *Molecular Aspects of Medicine*, v.34, p.571-585.

SHARMA, A.; DANG, C. G.; KIM, K. S.; KIM, J. J.; LEE, H. K.; KIM, H. C.; et al. 2014. Validation of genetic polymorphisms on BTA14 associated with carcass trait in a commercial Hanwoo. *Anim Genet.*; 45(6): 863–867. doi: 10.1111/age.12204

SHIRANITA, K.; MIYAJIMA, T.; TAKIYAMA, R. 1998. Determination of meat quality by texture analysis. *Pattern Recognition Letters*, v. 19, n. 14, p. 1319- 1324.

SHIN, K. K.; KIM, Y. S.; KIM, J. Y.; BAE, Y. C.; JUNG, J. S. 2014. miR137 controls proliferation and differentiation of human adipose tissue stromal cells. *Cell. Physiol. Biochem.* 33:758–768.

TAYLOR, P.M. 2014. Role of amino acid transporters in amino acid sensing. *The American Journal of Clinical nutrition*, v.99, p.223-230.

TERAKADO, A. P. N.; COSTA, R. B.; DE CAMARGO, G. M. F.; IRANO, N.; BRESOLIN, T.; TAKADA, L.; CARVALHO, C. V. D.; OLIVEIRA, H. N.; CARVALHEIRO, R.; BALDI, F.; DE ALBUQUERQUE, L. G. 2017. Genome-wide association study for growth traits in Nelore cattle. *animal*, (), 1–5. doi:10.1017/S1751731117003068

TONUSSI, R. L. 2013. Associação genética entre características da carcaça e carne com características de crescimento em bovinos Nelore. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

TORAL, F. L. B.; SILVA, L. O. C.; MARTINS, E. N.; GONDO, A.; SIMONELLI, S. M. 2004. Interação genótipo ambiente x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, n. 6, p.1445-1455.

THOMPSON, J. M. 2004. The effects of marbling on flavour and juiciness scores of cooked beef, after adjusting to a constant tenderness. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, Collingwood, v.44, p.645-652.

UTSUNOMIYA, Y. T.; DO CARMO A. S.; CARVALHEIRO, R.; NEVES, H. H.; MATOS, M. C.; ZAVAREZ, L. B.; et al. 2013. Genomewide association study for birth weight in Nelore cattle points to previously described orthologous genes affecting human and bovine height. *BMC Genet.*;14: 52 10.1186/1471-2156-14-52

VAN DEN BERG, I.; BOICHARD, D.; GULDBRANDTSEN, B.; LUND, M. S. 2016. Using sequence variants in linkage disequilibrium with causative mutations to improve across-breed prediction in dairy cattle: a simulation study. *G3 (Bethesda)*; 6:2553–2561. doi:10.1534/g3.116.027730

VAN DYCK, F.; BRAEM, C. V.; CHEN, Z.; DECLERCQ, J.; DECKERS, R.; KIM, B. M.; et al. 2007. Loss of the PlagL2 transcription factor affects lacteal uptake of chylomicrons. *Cell Met.* 6, 406–413. doi: 10.1016/j.cmet.2007.09.010

VAN RADEN, P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91:4414-4423.

VANRADEN, P. M.; VAN TASSELL, C. P.; WIGGANS, G. R.; SONSTEGARD, T. S.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J. F.; SCHENKEL, F. S. 2009. Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *J. Dairy Sci.* 92:16–24. doi:10.3168/jds.2008-1514.

VANRADEN, P. M.; NULL, D. J.; SARGOLZAEI, M.; WIGGANS, G. R.; TOOKER, M. E.; COLE, J. B. 2013. Genomic imputation and evaluation using high-density Holstein genotypes. *J Dairy Sci.*; 96:668–78.

VANRADEN, P. M.; TOOKER, M. E.; O'CONNELL, J. R.; COLE, J. B.; BICKHART, D. M. 2017. Selecting sequence variants to improve genomic predictions for dairy cattle. *Genet Sel Evol.*49:32.

VON DER HEYDE, S.; FROMM-DORNIEDEN, C.; SALINAS-RIESTER, G.; BEISSBARTH, T.; BAUMGARTNER, B. G. 2014. Dynamics of mRNA and polysomal abundance in early 3T3-L1 adipogenesis. *BMC Genomics.*; 15:381. pmid:24886538

WANG, Y., ZHANG, F., MUKILBI, R. *et al.* 2020. Arquitetura genética de traços quantitativos em bovinos de corte revelada por estudos de associação de genomas de variantes de sequência de genomas imputados: II: traços de mérito da carcaça. *BMC Genomics* 21, 38. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6273-1>

WATENABE, R. N. 2018. Incorporação de informação genômica para estimação de parâmetros genéticos de peso corporal e escores visuais na raça Nelore. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

WEIKARD, R.; ALTMAIER, E.; SUHRE, K.; WEINBERGER, K. M.; HAMMON, H. M.; ALBRECHT, E.; SETOGUCHI, K.; TAKASUGA, A.; KUHN, C. 2010. *Metabolomic profiles indicate distinct physiological pathways affected by two loci with major divergent effect on Bos taurus growth and lipid deposition. Physiological Genomics*, 42A(2), 79 88. doi:10.1152/physiolgenomics.00120.2010

WENNEMANN, D. O.; SCHMITZ, J.; WEHR, M. C.; KRAHN, M. P.; KOSCHMAL, N.; GROMNITZA, S.; SCHULZE, U.; WEIDE, T.; CHEKURI, A.; SKRYABIN, B. V.; GERKE, V.; PAVENSTADT, H.; DUNING, K.; KREMERSKOTHEN, J. 2014. *Evolutionary and Molecular Facts Link the WWC Protein Family to Hippo Signaling. Molecular Biology and Evolution*, 31(7), 1710–1723. doi:10.1093/molbev/msu115

WIDMANN, P. *et al.* 2015. Systems Biology Analysis Merging Phenotype, Metabolomic and genomic Data Identifies Non –SMC Condensin I Complex Subunit G (NCAPG) and Cellular Maintenance Processes as Major Contributors to Genetic Variability in Bovine Feed Efficiency. *PLOS ONE*, v. 10, n. 4, p. e0124574.

WILLIAMS, J. L. 2008. Genetic Control of Meat Quality Traits. Em: Toldrá F. (eds) *Meat Biotechnology*. Springer, New York, NY. [https://doi.org/10.1007/978-0-387-79382-5\\_2](https://doi.org/10.1007/978-0-387-79382-5_2)

YABUUCHI, M.; BANDO, K.; HIRAMATSU, M.; TAKAHASHI, S.; TAKEUSHI, S. 2010. Local agouti signaling protein/melanocortin signaling system that possibly regulates lipid metabolism in adipose tissues of chickens. *Jpn. Poult. Sci.* 47:176–182.

YOKOO, M. J. I.; WERNECK, J. N.; PEREIRA, M. C.; ALBUQUERQUE, G. A.; KOURY FILHO, W.; SAINZ, R. D.; LOBO, R. B.; ARAUJO, F. R. C. 2009. Correlações

genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.44, n.2, p.197-202.

YOKOO, M. J.; LOBO, R. B.; ARAUJO, F. R. C.; BEZERRA, L. A. F.; SAINZ, R. D.; ALBUQUERQUE, L. G. 2010. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. *Journal of Animal Science* 88:52-58.

ZUIN, R. G.; BUZANKAS, M. E.; CAETANO, S. L.; VENTURINI, G. C.; GUIDOLIN, D. G. F.; GROSSI, D. A.; CHUD, T. C. S.; PAZ, C. C. P.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. 2012. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. *Meat Science* 91:352-357.

ZHANG, Z.; ZHANG, Q.; DING, X. D. 2011. Advances in genomic selection in domestic animals. *Chinese Sci Bull*, 56: 2655–2663, doi: 10.1007/s11434-011-4632-7

ZHANG, W.; XU, L.; GAO, H.; WU, Y.; GAO, X.; ZHANG, L.; ZHU, B.; SONG, Y.; BAO, J.; LI, J.; CHEN, Y. 2018. Detection of candidate genes for growth and carcass traits using genome-wide association strategy in Chinese Simmental beef cattle. *Anim. Prod. Sci.* 58, 224–233. <https://doi.org/10.1071/AN16165>

ZHOU, Y.; UTSUNOMIYA, Y. T.; XU, L.; HAY, E. H.; BICKHART, D. M.; ALEXANDRE, P. A.; ROSEN, B. D.; SCHROEDER, S. G.; CARVALHEIRO, R.; DE REZENDE NEVES, H. H.; SONSTEGARD, T. S.; VAN TASSELL, C. P.; FERRAZ, J. B. S.; FUKUMASU, H.; GARCIA, J. F.; LIU, G. E. 2016. Genome-wide CNV analysis reveals variants associated with growth traits in *Bos indicus*. *BMC Genomics* 17, 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-2461-4>