

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta
dissertação disponibilizado
somente a partir de 31/07/2027.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS JABOTICABAL**

**ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA E
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE
CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM
BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ**

Edimar Gabiati

Zootecnista

**D
I
S
S.**

/

**G
A
B
I
A
T
I**

E.

**2
0
2
5**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS JABOTICABAL**

**ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA E
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE
CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM
BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ**

Edimar Gabiati

Orientador: Prof. Dr. Danísio Prado Munari

Coorientador: Prof. Dr. Salvador Boccaletti Ramos

**Dissertação de Mestrado apresentada à
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias –
UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das
exigências para obtenção do título de Mestre em
Ciência Animal.**

2025

G113e	Gabiati, Edimar Estudo de associação genômica ampla e estimação de parâmetros genéticos de características de importância econômica em bovinos da raça Guzerá / Edimar Gabiati. -- Jaboticabal, 2025 65 p. : tabs., fotos Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal Orientador: Danísio Prado Munari Coorientador: Salvador Boccaletti Ramos 1. GWAS. 2. Parâmetros genéticos. 3. Seleção. 4. Raça Guzerá. I. Título.
-------	--

POTENCIAL IMPACTO DESTA PESQUISA

Este trabalho aprimora a estimação de parâmetros genéticos da raça Guzerá por meio do uso de informações genômicas, fornecendo uma visão da magnitude da herdabilidade das características peso à desmama ajustado aos 210 dias (P210), circunferência escrotal ajustada aos 365 dias (CE365), idade ao primeiro parto (IPP) e produtividade acumulada (PAC) e, do modo que estão correlacionadas geneticamente entre si. Além disso, o estudo de associação genômica ampla (GWAS) permite identificar regiões do genoma que influenciam na expressão de tais características. A estimação de parâmetros genéticos aliada ao GWAS tem potencial impacto na seleção genética, no aumento da produtividade e na sustentabilidade da criação de bovinos de corte da raça Guzerá.

POTENTIAL IMPACT OF THIS RESEARCH

This study enhances the estimation of genetic parameters for the Guzerá breed through the use of genomic information, providing insight into the magnitude of the heritability of the traits weaning weight adjusted to 210 days (WW210), scrotal circumference adjusted to 365 days (SC365), age at first calving (AFC), and accumulated productivity (ACP), as well as how these traits are genetically correlated. In addition, genome-wide association studies (GWAS) identify genomic regions that influence the expression of these traits. Estimating genetic parameters combined with GWAS has potential impact on genetic selection, increase productivity, and promote sustainability in beef cattle production of the Guzerá breed.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ

AUTOR: EDIMAR GABIATI

ORIENTADOR: DANISIO PRADO MUNARI

COORIENTADOR: SALVADOR BOCCALETTI RAMOS

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Ciência Animal, área: Genética e Melhoramento Animal pela Comissão Examinadora:

 Documento assinado digitalmente
DANISIO PRADO MUNARI
Data: 01/08/2025 20:21:50-0300
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Prof. Dr. DANISIO PRADO MUNARI (Participação Virtual)
Departamento de Ciências Exatas / FCAV UNESP Jaboticabal

 Documento assinado digitalmente
MARCOS ELI BUZANSKAS
Data: 02/08/2025 17:56:58-0300
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Prof. Dr. MARCOS ELI BUZANSKAS (Participação Virtual)
Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal / FMVZ UNESP Botucatu

 Documento assinado digitalmente
SABRINA LUZIA CAETANO
Data: 04/08/2025 17:04:09-0300
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Profa. Dra. SABRINA LUZIA CAETANO (Participação Virtual)
Departamento de Ciências Exatas / FCAV UNESP Jaboticabal

Jaboticabal, 31 de julho de 2025

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Edimar Gabiati filho de Leni Gabiati e Mauri Gabiati, nasceu em 25 de fevereiro de 1999, em São Valentim, Rio Grande do Sul. Cresceu no interior, de pais agricultores familiares, cuja renda provinha a suinocultura, bovinocultura leiteira e de culturas agrícolas como soja e milho. Em fevereiro de 2017, iniciou o curso Técnico em Agropecuária, no Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) – Câmpus Sertão, concluindo o curso e obtendo o título de Técnico em Agropecuária em 2019. Em fevereiro de 2018, ingressou no curso de Bacharelado em Zootecnia pelo IFRS – Câmpus Sertão. Durante a graduação, realizou estágio curricular obrigatório na Associação dos Criadores de Gado Holandês do Rio Grande do Sul (GADOLANDO), em Porto Alegre – RS, obtendo o título de Bacharel em Zootecnia em março de 2023. Em agosto do mesmo ano, iniciou o curso de pós-graduação, modalidade Mestrado em Ciência Animal, pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP/FCAV), sendo aprovado em sua defesa de dissertação em 31 de julho de 2025, obtendo o título de Mestre em Ciência Animal.

EPIÍGRAFE

“Se olharmos para nossa família, para os ancestrais vindos de nosso pai e mãe, vemos que por trás de cada um está o seu destino de forma imponente.”

Bert Hellinger

"Che giova all'uomo vincere mille battaglie se poi non è capace di vincere se stesso?"

San Carlo Acutis

DEDICATÓRIA

À minha família, pelo apoio incondicional e suporte financeiro, e aos amigos, pelas constantes palavras de incentivo e motivação.

Dedico este trabalho com gratidão e carinho.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, em primeiro lugar, a Deus, cuja presença constante me fortaleceu ao longo de toda esta jornada acadêmica, servindo como fonte de coragem, inspiração e serenidade nos momentos de dificuldade para superar desafios ao longo desta trajetória e alcançar meus objetivos.

Aos meus pais, que de sol a sol trabalharam na agricultura para que eu pudesse ter uma formação, às minhas irmãs e demais familiares. A todos expresso minha mais profunda gratidão pelo amor incondicional e por sempre me ensinarem o verdadeiro significado da perseverança. Mesmo distantes fisicamente em muitos momentos, seus exemplos, conselhos e valores foram o alicerce que me impulsionaram a seguir adiante e a não desistir dos meus sonhos.

Ao meu orientador, Professor Dr. Danísio Prado Munari, agradeço pela paciência, dedicação e pelas valiosas orientações, conselhos profissionais e pessoais que tanto contribuíram para o desenvolvimento desta pesquisa e para meu amadurecimento pessoal. Seu apoio foi fundamental não apenas para o sucesso deste trabalho, mas também para meu amadurecimento pessoal e acadêmico.

Ao coorientador, Professor Dr. Salvador Boccaletti Ramos, sou grato pelo acompanhamento, pelas contribuições teóricas e pelas observações críticas que enriqueceram significativamente esta dissertação. Sua disponibilidade e comprometimento foram essenciais para a conclusão do trabalho.

Agradeço aos membros da banca, Professor Dr. Marcos Eli Buzanskas e Professora Dra. Sabrina Luiza Caetano, pelo aceite em participar da banca avaliadora, pela generosidade em compartilhar seus conhecimentos, pelas críticas construtivas e sugestões que tanto contribuíram para o aprimoramento desta pesquisa.

Ao Rev.mo Pe. Caio Veiga, pároco da Paróquia de Santa Teresa, deixo minha gratidão pela acolhida fraterna, pelas palavras de fé, pelos atendimentos espirituais, pelos momentos de partilha, homilias e reflexão. Seus conselhos espirituais foram fundamentais para manter o equilíbrio e a motivação ao longo desta etapa da minha vida.

À Universidade Estadual Paulista (UNESP), agradeço a excelência acadêmica e pelos recursos oferecidos, essenciais para a concretização deste trabalho. E à

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo indispensável apoio financeiro durante a realização desta pesquisa.

Agradeço, com especial consideração, a todos os servidores da Universidade Estadual Paulista (UNESP), de todos os setores, pelo comprometimento e dedicação que tornam possível o funcionamento e a qualidade da vida universitária. Em especial, expresso minha gratidão à equipe da Seção de Pós-Graduação, sempre solícita e eficiente, e ao Restaurante Universitário, cuja estrutura e acolhimento foram fundamentais para o meu bem-estar durante esta jornada acadêmica. Seu trabalho, muitas vezes silencioso, foi essencial para que eu pudesse me dedicar integralmente aos estudos e à pesquisa.

Ao grupo EAGMA, agradeço pelo ambiente colaborativo, pelas trocas de conhecimento e pelo constante apoio. De modo especial, expresso minha gratidão aos amigos e colegas que contribuíram diretamente para esta dissertação e pelos ensinamentos passados principalmente em relação às análises Miller, Marisol, Roney, Larissa Graciano. Estendo agradecimentos aos amigos e colegas Gabriel, Larissa Temp, Ana Carolina de Jesus Oliveira, Ana Carolina Paz, Julia Rodrigues pelas discussões construtivas e ideias compartilhadas e, às amigas Amanda e Camilla, as quais tenho muita admiração, pelo apoio emocional e pelos momentos de leveza que tornaram essa jornada mais significativa.

Ao Instituto Federal do Rio Grande do Sul (IFRS), onde iniciei minha formação acadêmica, sou grato pelas oportunidades de aprendizado e pelos valores construídos, que continuam a me orientar.

E, por fim, agradeço a todas as pessoas que, direta ou indiretamente, fizeram parte dessa trajetória. Cada gesto de apoio, cada palavra de incentivo e cada contribuição, por menor que pareça, foi essencial e será sempre lembrada com carinho e gratidão.

Este trabalho foi realizado com auxílio financeiro da UNESP do Edital 61/2023 – PROPG/COPE.

Este trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	6
2.1. Peso Corporal (PC).....	6
2.2. Circunferência Escrotal (CE).....	7
2.3. Idade ao Primeiro Parto (IPP)	8
2.4. Produtividade Acumulada (PAC)	9
2.5. Estudo De Associação Genômica Ampla (GWAS).....	10
3. MATERIAIS E MÉTODOS	12
3.1. Base de Dados	12
3.2. Controle de Qualidade dos Dados	12
3.3. Estimativa dos Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos	13
3.4. Estudo de Associação Genômica Ampla (GWAS)	14
3.5. Análise Funcional.....	15
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
4.1. Parâmetros Genéticos	15
4.2. Estudo de Associação Genômica Ampla (GWAS)	20
4.3. Genes Candidatos	25
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	34
6. REFERÊNCIAS	35

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ

RESUMO – Este trabalho apresenta abordagem sobre a utilização do estudo de associação genômica ampla (GWAS) em programas de seleção para características de crescimento e reprodução. O objetivo principal foi estimar parâmetros genéticos e GWAS multi-características, utilizando informações genotípicas, de pedigree e fenotípicas, com foco específico nas características de peso ajustado à desmama aos 210 dias de idade (P210), circunferência escrotal ajustada aos 365 dias de idade (CE365), idade ao primeiro parto (IPP) e produtividade acumulada (PAC) em bovinos de corte da raça Guzerá, para identificação de genes candidatos à seleção destas características. Os dados utilizados no presente trabalho são oriundos do Programa Guzerá Brasil, coordenado pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), contendo registros de 32.425 animais nascidos entre 1984 e 2023. A matriz de parentesco foi calculada com base no pedigree de 80.634 animais, considerando 18 gerações conhecidas e coeficiente de endogamia médio de 0,015. Um total de 1.474 animais foram genotipados pelo painel GeneSeek® Genomic Profiler™ indicus, com imputação para 54K marcadores. Os grupos de contemporâneos (GC) foram compostos por animais de mesma fazenda, ano, estação, sexo e lote de manejo, sendo removidos os GC com menos de três observações. O GWAS foi realizado pela abordagem de passo único (ssGWAS), integrando informações genotípicas, fenotípicas e pedigree no modelo misto, por meio dos programas BLUPF90+. Foram mantidas apenas as janelas que explicaram mais de 0,5% da variância genética total. A anotação de genes e identificação de processos biológicos foi realizada no RStudio, com os pacotes GALLO e WebGestaltR, utilizando informações dos bancos Ensembl, Animal Genome, Gene Ontology (GO) e KEGG. As estimativas de herdabilidade foram $0,3814 \pm 0,0001$ (P210), $0,3809 \pm 0,0003$ (CE365), $0,1022 \pm 0,0001$ (IPP) e $0,4248 \pm 0,0003$ (PAC). As correlações genéticas variaram de $-0,2059 \pm 0,0009$ (entre CE365 e IPP) a $0,9839 \pm 0,0002$ (entre P210 e PAC). Foram identificadas 165 proteínas de genes distribuídas em 19 cromossomos com variância explicada superior a 0,5%. As herdabilidades variaram de baixa a alta magnitude, demonstrando possibilidade de melhoramento por seleção. Apesar da baixa herdabilidade para IPP, a seleção de animais com maior CE365 pode reduzir seus índices. A seleção para P210 mostrou efeito positivo sobre PAC, CE365 e IPP, enquanto a seleção para CE365 e menor IPP pode melhorar os índices de PAC. Assim, características correlacionadas podem auxiliar na seleção, especialmente para IPP e PAC, que dependem da entrada das fêmeas em reprodução. Neste estudo, vinte e seis genes (*GPRING3*, *ENSBTAG00000050731*, *TIGD2*, *FAM13A*, *HERC3*, *NAP1L5*, *PPM1K*, *ABCG2*, snRNA *U6*, *PKD2*, *SPP1*, *MEPE*, *IBSP*, *LAP3*, *LCORL*, *PROK1*, *FAM174A*, *PGRMC2*, *LARP1B*, snRNA *U2*, *ABHD18*, *MFSD8*, *PLK4*, *HSPA4L*, *SLC25A31* e *INTU*) foram associados a funções ligadas a desenvolvimento muscular, biomineralização, transporte transmembrana e diferenciação celular, fornecendo potenciais regiões genômicas para futuras seleções em programas de melhoramento da raça Guzerá.

Palavras-chave: GWAS, parâmetros genéticos, seleção, raça Guzerá.

GENOMIC-WIDE ASSOCIATION STUDY AND ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF ECONOMIC IMPORTANT TRAITS IN GUZERA CATTLE

ABSTRACT – This work presents an approach to using genome-wide association studies (GWAS) in selection programs for growth and reproduction traits. The main objective was to estimate genetic parameters and multi-trait GWAS, using genotypic, pedigree, and phenotypic information, with a specific focus on the traits of adjusted weaning weight at 210 days of age (WW210), adjusted scrotal circumference at 365 days of age (SC365), age at first calving (AFC), and accumulated productivity (ACP) in Guzera beef cattle, to identify candidate genes for selection for these traits. The data used in this study come from the Guzera Brasil Program, coordinated by the National Association of Breeders and Researchers (ANCP), containing records of 32,425 animals born between 1984 and 2023. The parentage matrix was calculated from the pedigree of 80,634 animals, accounting for 18 generations and an average inbreeding coefficient of 0.015. A total of 1,474 animals were genotyped using the GeneSeek® Genomic Profiler™ indicus panel, with imputation for 54K markers. Contemporary groups (CGs) were composed of animals from the same farm, year, season, sex, and management lot, and CGs with fewer than three observations were removed. GWAS was performed using a single-step approach (ssGWAS), integrating genotypic, phenotypic, and pedigree information in a mixed model with BLUPF90+ software. Only the windows that explained more than 0.5% of the total genetic variance were retained. Gene annotation and identification of biological processes were performed in RStudio, using the GALLO and WebGestaltR packages, utilizing information from the Ensembl, Animal Genome, Gene Ontology (GO), and KEGG databases. Heritability estimates were 0.3814 ± 0.0001 (WW210), 0.3809 ± 0.0003 (SC365), 0.1022 ± 0.0001 (AFC), and 0.4248 ± 0.0003 (ACP). Genetic correlations ranged from -0.2059 ± 0.0009 (between SC365 and AFC) to 0.9839 ± 0.0002 (between WW210 and ACP). One hundred and sixty-five proteins from genes distributed across 19 chromosomes were identified with explained variance greater than 0.5%. Heritabilities ranged from low to high magnitude, demonstrating the possibility of improvement through selection. Despite the low heritability for AFC, selecting animals with higher SC365 can reduce its indices. Selection for WW210 showed a positive effect on ACP, SC365, and AFC, while selection for SC365 and lower AFC can improve ACP indices. Thus, correlated traits can aid in selection, especially for AFC and ACP, which depend on females entering reproduction. In this study, twenty-six genes (*GPRING3*, *ENSBTAG00000050731*, *TIGD2*, *FAM13A*, *HERC3*, *NAP1L5*, *PPM1K*, *ABCG2*, snRNA U6, *PKD2*, *SPP1*, *MEPE*, *IBSP*, *LAP3*, *LCORL*, *PROK1*, *FAM174A*, *PGRMC2*, *LARP1B*, snRNA U2, *ABHD18*, *MFSD8*, *PLK4*, *HSPA4L*, *SLC25A31*, and *INTU*) were associated with functions related to muscle development, biomineralization, transmembrane transport, and cell differentiation, providing potential genomic regions for future selection in Guzera breed improvement programs.

Keywords: GWAS, genetic parameters, selection, Guzera breed.

1. INTRODUÇÃO

O aumento populacional e a demanda dos consumidores por alimentos de qualidade e produzidos de forma sustentável, exigem do agropecuário o desenvolvimento de estratégias para atender o mercado consumidor. Mundialmente neste setor, o Brasil tem participação de cerca de 8% e representa 21% do PIB nacional. Apesar dos números, o potencial brasileiro pode ser melhor explorado, como no setor pecuário por exemplo, utilizando estratégias de cruzamento, manejo e seleção de animais mais produtivos (Bruneli et al., 2021).

Melhorias no setor de produção de carne e leite são indispensáveis para garantir que estes produtos cheguem ao consumidor a preços acessíveis e, além disto, são deve-se investir em pesquisas relacionadas ao manejo sustentável, otimização dos custos de produção, seleção genética para obtenção de animais mais produtivos (OECD & FAO, 2024). Em relação à seleção, os programas de melhoramento genético, especificamente da raça bovina Guzará, têm focado na avaliação de características produtivas, reprodutivas e de adaptação, tendo como objetivos estudar potenciais respostas à seleção e o desenvolvimento dos índices produtivos (Bruneli et al., 2021). Esta raça é originária da Índia e especializada na produção tanto de carne quanto de leite, sendo reconhecida como de dupla aptidão e apresenta robustez e adaptabilidade às variadas regiões em que é utilizada no Brasil. Esses atributos justificam o interesse de pecuaristas para sua criação em distintos sistemas de produção (A. Pacheco et al., 2008).

Azevedo Junior et al. (2013) também destacaram como características economicamente importantes na raça Guzará, aquelas relacionadas a precocidade sexual e de acabamento e composição de carcaça. A seleção que favoreça esses atributos possibilita melhorias na produção de carne dessa raça, a qual também foi amplamente utilizada em cruzamentos, especialmente na formação de outras raças, como a Indubrasil, fato que resultou na redução considerável da população pura do Guzará (Silva, 2004).

Independente da raça, a produtividade animal é resultado da interação de fatores genéticos e ambientais, em que altos níveis de produção só podem ser alcançados quando há aprimoramento e harmonia simultânea desses fatores. A genética é a base para a implementação de programas de melhoramento e representa o fator que limita a capacidade de resposta dos animais às pressões

seletivas (Pereira, 2008). Ou seja, aqueles animais que são eficientes em produtividade e que trazem lucratividade à fazenda em um menor período (Lira et al., 2008). Aliado a isso, aspectos reprodutivos são determinantes para o sucesso e rendimento do setor de bovinocultura de corte (Siqueira et al., 2003).

A redução no intervalo de gerações e animais mais precoces são alguns dos focos principais considerados pelo setor. A idade em que os animais atingem a puberdade, por sua relevância como indicador de precocidade sexual, desempenha papel importante nos programas de melhoramento genético de raças zebuínas. No entanto, obter dados precisos sobre essa característica é desafiador, especialmente devido às práticas de criação extensiva. Uma alternativa viável é considerar características geneticamente correlacionadas com a idade de puberdade, que também apresentem ampla variabilidade genética e sejam mais acessíveis de medir, como a idade em que ocorre o primeiro parto (Carrara et al., 2022).

A redução da idade ao primeiro parto (IPP) é vantajosa em termos econômicos, pois diminui os custos de manutenção e acelera a entrada das vacas na produção, resultando em retorno de investimento mais rápido e em maior longevidade dos animais. Isso também tem impacto direto no número de bezerros produzidos por matriz. Além disso, quanto menor for a idade ao primeiro parto, mais curto será o intervalo de gerações, o que resulta em uma maior taxa de progresso genético devido à seleção (Perotto et al., 2006; Yokoo et al., 2012). Contudo, a IPP é uma característica que apresenta herdabilidade baixa podendo variar de 0,07 à 0,20, conforme observado por estudos anteriores por Gama et al. (2021), Carrara et al. (2022) e Carrara et al. (2023), porém a seleção para peso corporal e circunferência escrotal podem proporcionar ganho genético por meio da correlação genética.

Outra característica amplamente empregada na melhoria da eficiência reprodutiva em rebanhos é a circunferência escrotal (CE), frequentemente utilizado em programas de melhoramento genético animal devido à sua associação genética favorável com o IPP (Forni & Albuquerque, 2005; Eler et al., 2010). Além disso, a CE é uma característica de fácil mensuração, de baixo custo e possui estimativas de herdabilidade de magnitude média a alta (Eler et al., 2006; Yokoo et al., 2007), como observado por Carrara et al. (2022) (Tramonte et al., 2019) em bovinos da

raça Guzerá com herdabilidade de 0,20, podendo chegar a 0,48 conforme observado por Portes et al. (2024). Usada no melhoramento genético como critério de seleção, a CE em diferentes idades pode apresentar alta repetibilidade e estreita relação com outras características reprodutivas (Buzanskas et al., 2017; Bonamy et al., 2019; Kluska et al., 2018).

Relacionada à IPP, a produtividade acumulada (PAC) consiste em um índice desenvolvido para avaliar a eficiência reprodutiva das fêmeas bovinas, considerando tanto o peso do bezerro no momento do desmame quanto o número de progênes produzidas durante sua permanência no rebanho. A PAC estabelece uma relação entre IPP e intervalo entre partos e ao tempo de permanência da fêmea no rebanho, ou seja, reflete na habilidade da fêmea reproduzir regularmente, atingindo a maturidade reprodutiva mais cedo e desmamando progênes mais pesadas (Lôbo et al., 2004).

Eler et al. (2006), VanMelis et al. (2007) e Boligon et al. (2008) afirmaram que, quando se trata de características associadas à precocidade sexual de fêmeas, a variabilidade genética é bastante ampla. Tal fator resulta na possibilidade de obter-se melhores respostas ao processo de seleção. Para Utsunomiya et al. (2019), embora características reprodutivas geralmente apresentem baixa herdabilidade, raças zebuínas ainda detém ampla diversidade fenotípica devido à menor pressão seletiva quando comparadas às raças taurinas, o que indica potencial para avanços via seleção.

Conforme as considerações feitas por Eler et al. (2010) e Lôbo et al. (2004), atributos associados à precocidade sexual em fêmeas têm sido incorporados como critério de seleção nos programas de aprimoramento genético de novilhas Nelore no Brasil. Além disso, segundo os mesmos autores, a identificação precisa dos fatores genéticos e ambientais que afetam a precocidade sexual das fêmeas zebuínas tornou-se o principal foco nos programas de melhoramento genético das raças zebuínas no Brasil. A antecipação da maturidade reprodutiva nas novilhas tem impactos econômicos significativos na pecuária de corte, pois a seleção para essas características busca aumentar tanto a vida produtiva quanto o número de progênes produzido por vaca.

Pascoa et al. (2008) apontaram que o progresso genético também está relacionado ao peso corporal ajustado aos 210 dias de idade (P210), que

corresponde ao peso à desmama. Uma característica que avalia o desempenho do bezerro nascimento à desmama, demonstrando também a habilidade materna das vacas (Silveira et al., 2024). Tal característica foi responsável pelo progresso genético nos rebanhos e tem relação com a idade da vaca ao parto (Jung et al., 2012).

Com intuito de auxiliar na seleção de animais dentro de um programa de melhoramento genético, a estimação de parâmetros genéticos é uma etapa fundamental na obtenção de informações sobre o valor genético dos animais e para criar índices de seleção. Por meio destas informações, é possível avaliar a variabilidade genética da população e prever o ganho genético esperado por meio da seleção, o qual também deve considerar o diferencial de seleção, que é a diferença entre o valor genético dos indivíduos selecionados e o valor genético da população média (Visscher et al., 2008; Lira et al., 2008).

Além dos parâmetros genéticos, também é importante estudar as associações genéticas entre características. Isso permite a criação de estratégias de seleção mais eficientes, como a seleção indireta. Na seleção indireta, um indivíduo é selecionado com base em uma característica de fácil mensuração, com o objetivo de obter ganhos em outra característica de difícil mensuração (Visscher et al., 2008).

A seleção tradicional para características quantitativas é realizada com base nos valores genéticos preditos a partir de registros fenotípicos de um indivíduo e de seus parentes. Com o desenvolvimento da genômica, a predição do valor genético para características complexas tem sido amplamente aperfeiçoada. Isso, juntamente com o desenvolvimento de ferramentas estatísticas eficientes para combinar dados fenotípicos e painéis de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP), tem permitido aprimorar a seleção genética nos rebanhos (Meuwissen et al., 2016).

Características difíceis de serem selecionadas de forma tradicional, como aquelas de difícil mensuração, expressas tardiamente ou com baixa herdabilidade, tendem a ter maior potencial de resposta à seleção por meio da seleção genômica (Meuwissen et al., 2016). Portanto, a utilização da seleção genômica pode levar a um ganho genético mais rápido do que o alcançado com métodos tradicionais de seleção (Vitezica et al., 2011).

Estudos têm demonstrado que a utilização de dados genômicos para estimativa de parâmetros genéticos pode agregar mais informação à estas estimativas. De acordo com Gordo et al. (2016) em rebanhos com altas taxas de paternidade desconhecida, a aplicação da matriz genômica juntamente com a matriz tradicional pode melhorar a estimativa das relações de parentesco entre os animais e, conseqüentemente, a acurácia das estimativas dos parâmetros genéticos. A inclusão de informações moleculares nos programas de melhoramento também possibilita uma correta avaliação do parentesco (Legarra et al., 2009) e da endogamia (VanRaden, 2008; Forutan et al., 2018)

A estimativa da matriz genômica de parentesco e seu uso nas avaliações genéticas resultam aumento na precisão das estimativas dos valores genéticos e em maior estimativa de herdabilidade em características com baixa herdabilidade ou que são de difícil mensuração (Meuwissen et al., 2001). De acordo com os autores, é possível esperar maior ganho genético anual quando a informação genômica é considerada nas avaliações, devido à redução do intervalo de geração.

Em estudo realizado com animais da raça Girolando, Oliveira et al. (2021) destacaram a importância da inclusão de informações genômicas em Programas de Melhoramento Genético, sendo o modelo genômico um método de predição de valores genéticos mais confiável. É importante ressaltar que a seleção genômica não apenas reduz o intervalo entre gerações e melhora a precisão, mas também desempenha papel relevante na avaliação e seleção de características que são observadas tardiamente no rebanho, aquelas que envolvem medições difíceis ou dispendiosas, por exemplo, animal já adulto ou realizada após o abate, bem como características que são mensuradas diretamente em apenas um dos sexos (Silva et al., 2014 e Baneh et al., 2025).

Como forma de auxiliar no processo de seleção de características de interesse, tem-se o Estudo de Associação Genômica Ampla (GWAS). A aplicação de GWAS visa identificar associações entre genótipos e fenótipos, por meio de testes comparativos que levam em conta as diferenças na frequência alélica de variantes genéticas entre indivíduos com ancestralidade semelhante, mas que demonstram diferenças fenotípicas (Uffelmann et al., 2021).

O estudo da herança de características quantitativas a nível molecular para animais de produção podem levar a um ganho genético mais rápido, já que

geralmente estas características são afetadas por muitos genes, dando foco àqueles que apresentam maior proporção da variância genética explicada pelo QTL (Meuwissen et al., 2001).

O presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e realizar análises de GWAS multicaracterísticas, integrando informações genotípicas, de pedigree e fenotípicas, com ênfase nas características peso ajustado à desmama aos 210 dias (P210), circunferência escrotal ajustada aos 365 dias (CE365), idade ao primeiro parto (IPP) e produtividade acumulada (PAC) em bovinos de corte da raça Guzerá, visando à identificação de genes candidatos associados à seleção dessas características.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

As estimativas de herdabilidades com moderadas e altas magnitudes para as características de P210, CE365 e PAC corroboram para a seleção em programas de seleção da raça Guzerá. A seleção para características geneticamente correlacionadas favoravelmente com moderadas e altas magnitudes proporcionam ganho genético para características mensuradas no mesmo animal, como é o caso de P210 e CE365, ou para animais de sexos diferentes, em que o ganho genético é indireto (CE365 e PAC).

Os resultados obtidos neste estudo demonstram que as características de crescimento e reprodução em bovinos Guzerá são influenciadas por efeitos poligênicos. Os efeitos foram mais evidentes no BTA6, seguido dos cromossomos BTA7, BTA3 e BTA17. O enriquecimento funcional revelou genes candidatos associados às características produtivas e reprodutivas, fornecendo uma visão geral do controle que exercem sobre o desempenho dos animais. Os resultados apontam a relevância de conhecer o modo com que as características produtivas e reprodutivas da raça Guzerá estão correlacionadas entre si geneticamente e dos genes que atuam sobre elas. Além disso, contribui com informações genômicas importantes para promover estratégias de seleção melhor direcionadas dentro dos programas de melhoramento da raça.

6. REFERÊNCIAS

- Abreu, L. R. A., Mota, L. F. M., Ferreira, T. A., Pereira, I. G., Pires, A. V., Villela, S. D. J., Merlo, F. A., & Martins, P. G. M. A. (2018). Genetic evaluation of bodyweight, scrotal circumference, and visual appraisal scores in *Bos indicus* cattle. **Animal Production Science**, 58(9), 1584–1594. <https://doi.org/10.1071/AN16548>
- 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. **Journal of Dairy Science**, 93(2), 743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>
- Ahmed, R. H., Schmidtman, C., Mugambe, J., & Thaller, G. (2025). Genomic-based genetic parameters and genome-wide association studies for productive and reproductive traits in Beef-on-Dairy crossbreds. **Frontiers in Genetics**, 16, 1530310. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2025.1530310/BIBTEX>
- Al-Mamun, H. A., Kwan, P., Clark, S. A., Ferdosi, M. H., Tellam, R., & Gondro, C. (2015). Genome-wide association study of body weight in Australian Merino sheep reveals an orthologous region on OAR6 to human and bovine genomic regions affecting. **Genetics Selection Evolution**, 47(1), 66. <https://doi.org/10.1186/S12711-015-0142-4>
- Alam, M. Z., Haque, M. A., Iqbal, A., Lee, Y. M., Ha, J. J., Jin, S., Park, B., Kim, N. Y., Won, J. Il, & Kim, J. J. (2023). Genome-Wide Association Study to Identify QTL for Carcass Traits in Korean Hanwoo Cattle. **Animals**, 13(17), 2737. <https://doi.org/10.3390/ANI13172737/S1>
- Alvarenga, A. B., Oliveira, H. R., Chen, S.-Y., Miller, S. P., Marchant-Forde, J. N., Grigoletto, L., Brito, L. F., Alvarenga, A. B., Oliveira, H. R., Chen, S.-Y., Miller, S. P., Marchant-Forde, J. N., Grigoletto, L., & Brito, L. F. (2021). A Systematic Review of Genomic Regions and Candidate Genes Underlying Behavioral Traits in Farmed Mammals and Their Link with Human Disorders. **Animals**, 11(3), 1–28. <https://doi.org/10.3390/ANI11030715>
- An, B., Xia, J., Chang, T., Wang, X., Xu, L., Zhang, L., Gao, X., Chen, Y., Li, J., & Gao, H. (2019). Genome-wide association study reveals candidate genes associated with body measurement traits in Chinese Wagyu beef cattle. **Animal Genetics**, 50(4), 386–390. <https://doi.org/10.1111/AGE.12805>
- An, B., Xu, L., Xia, J., Wang, X., Miao, J., Chang, T., Song, M., Ni, J., Xu, L., Zhang, L., Li, J., & Gao, H. (2020). Multiple association analysis of loci and candidate genes that regulate body size at three growth stages in Simmental beef cattle. **BMC Genetics**, 21(1), 1–11. <https://doi.org/10.1186/S12863-020-0837-6/TABLES/2>
- Azevedo Junior, J., Souza, J., Cushman, R., Bink, U., Perazza, C. A., Meirelles, S. L., & Gonçalves, T. M. (2013). Modelos Alternativos em Análises Genéticas de Características de Carcaça Medidas por Ultrassonografia em Gado Guzerá: Uma Abordagem Bayesiana. **Journal of Agricultural Science**, 5(9). <https://doi.org/10.5539/jas.v5n9p29>

- Baneh, H., Elatkin, N., & Gentzbittel, L. (2025). Genome-wide association studies and genetic architecture of carcass traits in Angus beef cattle using imputed whole-genome sequences data. **Genetics Selection Evolution**, 57(1), 1–21. <https://doi.org/10.1186/S12711-025-00970-6>
- Bernardes, P. A., Grossi, D. A., Savegnago, R. P., Buzanskas, M. E., Urbinati, I., Bezerra, L. A. F., Lôbo, R. B., & Munari, D. P. (2015). Estimates of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits and weaning weight in Tabapuã cattle. **Journal of Animal Science**, 93, 5175–5185. <https://doi.org/10.2527/jas2015-9212>
- Bessa, A. F. de O., Duarte, I. N. H., Rola, L. D., Bernardes, P. A., Neto, S. G., Lôbo, R. B., Munari, D. P., & Buzanskas, M. E. (2021). Genetic evaluation for reproductive and productive traits in Brahman cattle. **Theriogenology**, 173, 261–268. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2021.08.008>
- Boligon, A. A., Vozzi, P. A., Nomellini, J., Rorato, P. R. N., Bezerra, L. A. F., & Lôbo, R. B. (2008). Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Ciência Rural**, 38, 432–436. <https://www.scielo.br/j/cr/a/w6kdWtSqjZBdxd4sG57pfQR/>
- Bonamy, M., Kluska, S., Peripolli, E., de Lemos, M. V. A., Amorim, S. T., Vaca, R. J., Lôbo, R. B., de Castro, L. M., de Faria, C. U., Borba Ferrari, F., & Baldi, F. (2019). Genetic association between different criteria to define sexual precocious heifers with growth, carcass, reproductive and feed efficiency indicator traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 136(1), 15–22. <https://doi.org/10.1111/JBG.12366>
- Bongiorni, S., Mancini, G., Chillemi, G., Pariset, L., & Valentini, A. (2012). Identification of a Short Region on Chromosome 6 Affecting Direct Calving Ease in Piedmontese Cattle Breed. **PLOS ONE**, 7(12), e50137. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0050137>
- Borowska, A., Szwaczkowski, T., Kamiński, S., Hering, D. M., Kordan, W., & Lecewicz, M. (2018). Identification of genome regions determining semen quality in Holstein-Friesian bulls using information theory. **Animal Reproduction Science**, 192, 206–215. <https://doi.org/10.1016/J.ANIREPROSCI.2018.03.012>
- Bovo, S., Schiavo, G., Kazemi, H., Moscatelli, G., Ribani, A., Ballan, M., Bonacini, M., Prandi, M., Dall'Olio, S., & Fontanesi, L. (2021). Exploiting within-breed variability in the autochthonous Reggiana breed identified several candidate genes affecting pigmentation-related traits, stature and udder defects in cattle. **Animal Genetics**, 52(5), 579–597. <https://doi.org/10.1111/AGE.13109>;PAGEGROUP:STRING:PUBLICATION
- Brito, L. C., Peixoto, M. G. C. D., Carrara, E. R., Fonseca e Silva, F., Ventura, H. T., Bruneli, F. A. T., & Lopes, P. S. (2020). Genetic parameters for milk, growth, and reproductive traits in Guzará cattle under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, 52(5), 2251–2257. <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02255-0>

- Bruneli, F. A. T., Peixoto, M. G. C. D., Júnior, M. L. S., Pereira, R. J., Arbex, W. A., Penna, V. M., Zadra, L. E. F., Verneque, R. da S., Lôbo, R. B., & Carvalho, M. R. S. (2021). *National Breeding Program of Guzerá Cattle for Milk: Progeny Testing, National Zootechnical Archive and MOET Nucleus Results*.
- Buzanskas, M. E., Grossi, D. do A., Ventura, R. V., Schenkel, F. S., Chud, T. C. S., Stafuzza, N. B., Rola, L. D., Meirelles, S. L. C., Mokry, F. B., Mudadu, M. de A., Higa, R. H., da Silva, M. V. G. B., de Alencar, M. M., Regitano, L. C. de A., & Munari, D. P. (2017). Candidate genes for male and female reproductive traits in Canchim beef cattle. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 8(1), 67. <https://doi.org/10.1186/S40104-017-0199-8>
- Cai, Z., Wu, X., Thomsen, B., Lund, M. S., & Sahana, G. (2023). Genome-wide association study identifies functional genomic variants associated with young stock survival in Nordic Red Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 106(11), 7832–7845. <https://doi.org/10.3168/JDS.2023-23252>
- Carrara, E. R., Peixoto, M. G. C. D., da Silva, A. A., Bruneli, F. A. T., Ventura, H. T., Zadra, L. E. F., Josahkian, L. A., Veroneze, R., & Lopes, P. S. (2023). Genomic prediction in Brazilian Guzerá cattle: application of a single-step approach to productive and reproductive traits. *Tropical Animal Health and Production*, 55(1), 1–11. <https://doi.org/10.1007/S11250-023-03484-9>
- Carrara, E. R., Peixoto, M. G. C. D., Veroneze, R., Silva, F. F. e, Ramos, P. V. B., Bruneli, F. A. T., Zadra, L. E. F., Ventura, H. T., Josahkian, L. A., & Lopes, P. S. (2022). Genetic study of quantitative traits supports the use study of Guzerá as dual-purpose cattle. *Animal Bioscience*, 35(7), 955–963. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9271375/>
- Chillemi, G., Bongiorno, S., Gioiosa, S., Flati, T., Castrignanò, T., Milanese, M., Ajmone Marsan, P., & Valentini, A. (2018). Missense mutations of NCPAG gene affect calving ease in Piedmontese cattle: preliminary evidences. *Italian Journal of Animal Science*, 17(2), 301–305. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2017.1370362>;WEBSITE:WEBSITE:TFOP B;PAGEGROUP:STRING:PUBLICATION
- Chud, T., Caetano, S., Buzanskas, M., Grossi, D., Guidolin, D. G. F., Nascimento, G. B., Rosa, J. O., Lôbo, R. B., & Munari, D. P. (2014). Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Elsevier*, 170, 16–21. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.09.024>
- Costa, R. B., Camargo, G. M. F., Diaz, I. D. P. S., Irano, N., Dias, M. M., Carvalheiro, R., Boligon, A. A., Baldi, F., Oliveira, H. N., Tonhati, H., & Albuquerque, L. G. (2015). Genome-wide association study of reproductive traits in Nellore heifers using Bayesian inference. *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 67. <https://doi.org/10.1186/S12711-015-0146-0>
- Dias, J. C., Andrade, J. de, André, J., Martins, M., Emerick, L. L., Ribeiro, V., & Vale Filho, V. R. (2008). Correlações genéticas e fenotípicas entre características reprodutivas e produtivas de touros da raça Nelore. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43(1), 53–59.

- Dominguez-Castaño, P., Fortes, M., Tan, W. L. A., Toro-Ospina, A. M., & Silva, J. A. I. V. (2024). Genome-wide association study for milk yield, frame, and udder conformation traits of Gir dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 107(12), 11127–11138. <https://doi.org/10.3168/JDS.2024-24648>
- Dos Santos, F. C., Peixoto, M. G. C. D., De Souza Fonseca, P. A., De Fátima Ávila Pires, M., Ventura, R. V., Da Cruz Rosse, I., Bruneli, F. A. T., Machado, M. A., & Carvalho, M. R. S. (2017). Identification of Candidate Genes for Reactivity in Guzarat (*Bos indicus*) Cattle: A Genome-Wide Association Study. *PLOS ONE*, 12(1), e0169163. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0169163>
- Doyle, J. L., Berry, D. P., Veerkamp, R. F., Carthy, T. R., Walsh, S. W., Evans, R. D., & Purfield, D. C. (2020). Genomic Regions Associated With Skeletal Type Traits in Beef and Dairy Cattle Are Common to Regions Associated With Carcass Traits, Feed Intake and Calving Difficulty. *Frontiers in Genetics*, 11, 507745. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2020.00020/BIBTEX>
- Duchemin, S. I., Bovenhuis, H., Megens, H. J., Van Arendonk, J. A. M., & Visker, M. H. P. W. (2017). Fine-mapping of BTA17 using imputed sequences for associations with de novo synthesized fatty acids in bovine milk. *Journal of Dairy Science*, 100(11), 9125–9135. <https://doi.org/10.3168/JDS.2017-12965>
- Duitama, O., González, L., Garcia, D., Farah, M., & Fonseca, R. (2013). Productividad acumulada y su relación genética con características reproductivas en hembras Brahman. *Revista MVZ Córdoba*, 18, 3658–3664. <https://doi.org/10.21897/rmvz.132>
- Elango, K., Karuthadurai, T., Kumaresan, A., Sinha, M. K., Ebenezer Samuel King, J. P., Nag, P., Sharma, A., Raval, K., Paul, N., & Talluri, T. R. (2023). High-throughput proteomic characterization of seminal plasma from bulls with contrasting semen quality. *Biotech*, 13(2), 1–12. <https://doi.org/10.1007/S13205-023-03474-6/FIGURES/6>
- Eler, J. P., Ferraz, J. B. S., Balieiro, J. C. C., & Mattos, E. C. (2006). Genetic correlation between heifer pregnancy and scrotal circumference measured at 15 and 18 months of age in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, 5(4), 569–580.
- Eler, J. P., Ferraz, J. B. S., & Teixeira, L. A. (2010). Seleção para precocidade sexual em novilhas de corte. In FEALQ (Ed.), *Bovinocultura de corte* (Vol. 2).
- Everling, D., Ferreira, G., Rorato, P., Roso, V., Marion, A., & Fernandes, H. (2001). Heritability estimates and genetic correlation of growth characteristics in the preweaning period and scrotal circumference measurement at yearling for Angus-Nellore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 30, 2002–2008.
- Fernandes, G. M., Savegnago, R. P., El Faro, L., Roso, V. M., & Paz, C. C. P. (2018). Economic values and selection index in different Angus-Nellore cross-bred production systems. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 135(3), 208–220. <https://doi.org/10.1111/JBG.12327>
- Fonseca, P. A. S., Sú Arez-Vega, A., Marras, G., & Anovas, A. (2020). GALLO: An R package for genomic annotation and integration of multiple data sources in livestock for positional candidate loci. *Gigascience*, 9(12). <https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa149>

- Forni, S., & Albuquerque, L. G. (2005). Estimativas de correlações genéticas entre dias até o parto e características reprodutivas e de peso em bovinos Nelore. **Journal of Animal Science**, 83(7), 1511–1515.
- Forutan, M., Ansari Mahyari, S., Baes, C., Melzer, N., Schenkel, F. S., & Sargolzaei, M. (2018). Inbreeding and runs of homozygosity before and after genomic selection in North American Holstein cattle. **BMC Genomics**, 19(1). <https://doi.org/10.1186/S12864-018-4453-Z>
- Forutan, M., Ross, E. M., Chamberlain, A. J., Fordyce, G., Engle, B. N., Nguyen, L. T., & Hayes, B. J. (2025). Selective sweeps for mutations increasing height impede identification of causative mutations for fertility and other correlated traits in cattle. **Genetics Selection Evolution**, 57(1), 56. <https://doi.org/10.1186/S12711-025-01004-X>
- Gama, M. P. M. da, Paz, C. C. P. de, Santana Junior, M. L., Ventura, H. T., Bernardes, P. A., & El Faro, L. (2021). Genetic associations between growth traits and age at first calving in Guzera cattle using random regression models. **Livestock Science**, 250, 104585. <https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2021.104585>
- Gao, Y., Wu, F., Ren, Y., Zhou, Z., Chen, N., Huang, Y., Lei, C., Chen, H., Dang, R., Gao, Y., Wu, F., Ren, Y., Zhou, Z., Chen, N., Huang, Y., Lei, C., Chen, H., & Dang, R. (2020). MiRNAs Expression Profiling of Bovine (*Bos taurus*) Testes and Effect of bta-miR-146b on Proliferation and Apoptosis in Bovine Male Germline Stem Cells. **International Journal of Molecular Sciences**, 21(11), 1–13. <https://doi.org/10.3390/IJMS21113846>
- Gaspa, G., Cesarani, A., Pauciullo, A., Peana, I., & Macciotta, N. P. P. (2024). Genomic Analysis of Sarda Sheep Raised at Diverse Temperatures Highlights Several Genes Involved in Adaptations to the Environment and Heat Stress Response. **Animals**, 14(24), 3585. <https://doi.org/10.3390/ANI14243585/S1>
- Ghiassi, H., Khaldari, M., & Taherkhani, R. (2023). Identification of hub genes associated with somatic cell score in dairy cow. **Tropical Animal Health and Production**, 55(5), 1–11. <https://doi.org/10.1007/S11250-023-03766-2>
- Ghoreishifar, S. M., Eriksson, S., Johansson, A. M., Khansefid, M., Moghaddaszadeh-Ahrabi, S., Parna, N., Davoudi, P., & Javanmard, A. (2020). Signatures of selection reveal candidate genes involved in economic traits and cold acclimation in five Swedish cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, 52(1), 52-. <https://doi.org/10.1186/S12711-020-00571-5/TABLES/3>
- Gomez Proto, G., Mancin, E., Sartori, C., & Mantovani, R. (2024). Unraveling inbreeding patterns and selection signals in Alpine Grey cattle. **Animal**, 18(5), 101159. <https://doi.org/10.1016/J.ANIMAL.2024.101159>
- González-Méndez, A. S., Akbarin, M. M., Cerón-Téllez, F., Acevedo-Jiménez, G. E., Rodríguez-Murillo, C., González-Fernández, V. D., Ávila-De la Vega, L. de M., Leal-Hernández, M., & Ramírez Álvarez, H. (2025). Differential Gene Expression and Protein–Protein Interaction Networks in Bovine Leukemia Virus Infected Cattle: An RNA-Seq Study. **Pathogens**, 14(9), 887. <https://doi.org/10.3390/PATHOGENS14090887/S1>

- Gordo, D. G. M., Espigolan, R., Tonussi, R. L., Júnior, G. A. F., Bresolin, T., Magalhães, A. F. B., Feitosa, F. L., Baldi, F., Carnevalheiro, R., Tonhati, H., Oliveira, H. N., Chardulo, L. A. L., & Albuquerque, L. G. (2016). Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores including or not genomic information. *Journal of Animal Science*, 94(5), 1821–1826. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-0134>
- Grossi, D. do A., Berton, M. P., Buzanskas, M. E., Chud, T. C. S., Grupioni, N. V., Paz, C. C. P., Lôbo, R. B., & Munari, D. P. (2016). Genetic analysis on accumulated productivity and calving intervals in Nelore cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 48(1), 207–210. <https://doi.org/10.1007/S11250-015-0915-3>
- Grupioni, N., Guidolin, D., Venturini, G., Lobo, R., & Munari, D. (2015). Genetic parameters and genetic trends for testicular growth and reproductive traits in Guzera cattle. *Revista Caatinga*, 28(2), 152–160. <https://doi.org/10.5555/20153212474>
- Guidolin, D. G. F., Grupioni, N. V., Chud, T. C. S., Urbinati, I., Lôbo, R. B., & Bezerra, L. A. F. (2010). Genetic association for growth, reproductive and carcass traits in Guzera Beef Cattle. *Proceedings of 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock*.
- Guo, Y., Li, S., Na, R., Guo, L., Huo, C., Zhu, L., Shi, C., Na, R., Gu, M., & Zhang, W. (2024). Comparative Transcriptome Analysis of Bovine, Porcine, and Sheep Muscle Using Interpretable Machine Learning Models. *Animals*, 14(20). <https://doi.org/10.3390/ANI14202947/S1>
- Gutiérrez-Gil, B., Arranz, J. J., & Wiener, P. (2015). An interpretive review of selective sweep studies in Bos taurus cattle populations: Identification of unique and shared selection signals across breeds. *Frontiers in Genetics*, 6(MAY), 132662. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2015.00167>
- Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., & Goddard, M. E. (2009). Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, 92(2), 433–443. <https://doi.org/10.3168/JDS.2008-1646>,
- Hazano, K., Haneda, S., Kayano, M., & Matsui, M. (2021). Local sex steroid hormone milieu in the bovine oviduct ipsilateral and contralateral to preovulatory follicle or corpus luteum during the periovulatory phase. *Domestic Animal Endocrinology*, 74, 106515. <https://doi.org/10.1016/J.DOMANIEND.2020.106515>
- Hickey, J., Chiurugwi, T., Mackay, I., & Powell, W. (2017). Genomic prediction unifies animal and plant breeding programs to form platforms for biological discovery. *Nature Genetics*, 49(9), 1297–1303. <https://doi.org/10.1038/ng.3920>
- Jiang, J., Ma, L., Prakapenka, D., VanRaden, P. M., Cole, J. B., & Da, Y. (2019). A large-scale genome-wide association study in U.S. Holstein cattle. *Frontiers in Genetics*, 10(MAY), 442321. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2019.00412/BIBTEX>

- Jiménez, J. M., Morales, R. M., Demyda-Peyrás, S., & Molina, A. (2025). Genetic relationships between male and female reproductive traits in Retinta beef cattle. **Livestock Science**, 291, 105610. <https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2024.105610>
- Jung, L. C. S., Rezende, L. O. F., Magnabosco, C. U., Lopes, F. B., & Mamede, M. M. (2012). Efeito da idade da vaca sobre peso ao nascimento calculado aos 120 e 210 dias de idade de um rebanho de bovinos da raça Nelore. In **REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**. Sociedade Brasileira de Zootecnia.
- Kamprasert, N., Duijvesteijn, N., & Van Der Werf, J. H. J. (2019). Estimation of genetic parameters for BW and body measurements in Brahman cattle. **Animal**, 13(8), 1576–1582. <https://doi.org/10.1017/S1751731118003348>
- Kang, H. M., Sul, J. H., Service, S. K., Zaitlen, N. A., Kong, S., Freimer, N. B., Sabatti, C., & Eskin, E. (2010). Variance component model to account for sample structure in genome-wide association studies. **Nature Genetics**, 42(4), 348–354. <https://doi.org/10.1038/ng.548>
- Kealey, C., MacNeil, M., Tess, M., Geary, T., & Bellows, R. (2006). Genetic parameter estimates for scrotal circumference and semen characteristics of Line 1 Hereford bulls. **Journal of Animal Science**, 84(2), 283–290. <https://doi.org/10.2527/2006.842283x>
- Kisliouk, T., Friedman, A., Klipper, E., Zhou, Q. Y., Schams, D., Alfaidy, N., & Meidan, R. (2007). Expression pattern of prokineticin 1 and its receptors in bovine ovaries during the estrous cycle: Involvement in corpus luteum regression and follicular atresia. **Biology of Reproduction**, 76(5), 749–758. <https://doi.org/10.1095/biolreprod.106.054734>
- Kluska, S., Olivieri, B., Bonamy, M., Chiaia, H., Feitosa, F. L. B., Berton, M. P., Peripolli, E., Lemos, M. V. A., Tonussi, R. L., Lôbo, R. B., Magnabosco, C. U., Di Croce, F., Osterstock, J., Pereira, A. S. C., Munari, D. P., Bezerra, L. A. F., Lopes, F. B., & Baldi, F. (2018). Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**, 216, 203–209. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.08.015>
- Kowalik, M. K., Dobrzyn, K., Mlynarczuk, J., & Rekawiecki, R. (2022). Effect of Steroid Hormones, Prostaglandins (E2 and F2 α), Oxytocin, and Tumor Necrosis Factor Alpha on Membrane Progesterone (P4) Receptors Gene Expression in Bovine Myometrial Cells. **Animals**, 12(4). <https://doi.org/10.3390/ANI12040519/S1>
- Labrecque, R., Fournier, E., & Sirard, M. A. (2016). Transcriptome analysis of bovine oocytes from distinct follicle sizes: Insights from correlation network analysis. **Molecular Reproduction and Development**, 83(6), 558–569. <https://doi.org/10.1002/MRD.22651>

- Lai, Y. C., Lai, Y. T., Rahman, M. M., Chen, H. W., Husna, A. A., Fujikawa, T., Ando, T., Kitahara, G., Koiwa, M., Kubota, C., & Miura, N. (2020). Bovine milk transcriptome analysis reveals microRNAs and RNU2 involved in mastitis. *FEBS Journal*, 287(9), 1899–1918. <https://doi.org/10.1111/FEBS.15114>;JOURNAL:JOURNAL:14321033
- Legarra, A., Aguilar, I., & Misztal, I. (2009). A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4656–4663. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2061>
- Li, T., Xing, F., Zhang, N., Chen, J., Zhang, Y., Yang, H., Peng, S., Ma, R., Liu, Q., Gan, S., & Wang, H. (2024). Genome-Wide Association Analysis of Growth Traits in Hu Sheep. *Genes*, 15(12), 1637. <https://doi.org/10.3390/GENES15121637/S1>
- Liang, C., Li, A., Raza, S. H. A., Khan, R., Wang, X., Wang, S., Wang, G., Zhang, Y., & Zan, L. (2019). The Molecular Characteristics of the FAM13A Gene and the Role of Transcription Factors ACSL1 and ASCL2 in Its Core Promoter Region. *Genes*, 10(12), 981. <https://doi.org/10.3390/GENES10120981>
- Liang, C., Wang, G., Raza, S. H. A., Wang, X., Li, B., Zhang, W., & Zan, L. (2021). FAM13A promotes proliferation of bovine preadipocytes by targeting Hypoxia-Inducible factor-1 signaling pathway. *Adipocyte*, 10(1), 546–557. <https://doi.org/10.1080/21623945.2021.1986327>;JOURNAL:JOURNAL:KADI20;WGROU:STRING:PUBLICATION
- Liang, M., An, B., Deng, T., Du, L., Li, K., Cao, S., Du, Y., Xu, L., Zhang, L., Gao, X., Cao, Y., Zhao, Y., Li, J., & Gao, H. (2023). Incorporating genome-wide and transcriptome-wide association studies to identify genetic elements of longissimus dorsi muscle in Huaxi cattle. *Frontiers in Genetics*, 13, 982433. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.982433>
- Liang, S., Zhao, M. H., Guo, J., Choi, J. woo, Kim, N. H., & Cui, X. S. (2016). Polo-like kinase 4 regulates spindle and actin assembly in meiosis and influence of early embryonic development in bovine oocytes. *Theriogenology*, 85(4), 754–761.e1. <https://doi.org/10.1016/J.THERIOGENOLOGY.2015.10.021>
- Lim, C. H., Brower, J. V., Resnick, J. L., Oh, S. P., & Terada, N. (2015). Adenine nucleotide translocase 4 is expressed within embryonic ovaries and dispensable during oogenesis. *Reproductive Sciences*, 22(2), 250–257. <https://doi.org/10.1177/1933719114542026>
- Lira, T., Rosa, E., & Garnero, A. (2008). Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (revisão). *Ciência Animal Brasileira/Brazilian Animal Science*, 9(1), 1–22.
- Liu, Sh. H., Ma, X. Y., Yue, T. T., Wang, Z. C., Qi, K. L., Li, J. C., Lin, F., Rushdi, H. E., Gao, Y. Y., Fu, T., Li, M., Gao, T. Y., Yang, L. G., Han, X. L., & Deng, T. X. (2021). Transcriptome-Wide m6A Analysis Provides Novel Insights Into Testicular Development and Spermatogenesis in Xia-Nan Cattle. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 9, 791221. <https://doi.org/10.3389/FCELL.2021.791221>

- Lôbo, R. B., Bezerra, L. A. F., Oliveira, H. N., Magnabosco, C. U., Zambianchi, A. R., & Albuquerque, L. G. (2004). Avaliação genética de touros e matrizes da raça Nelore. In **Sumario**. ANCP.
- Lôbo, R., Bezerra, L., & Oliveira, H. (1999). *Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes*.
- Ma, L., Luo, H., Brito, L. F., Chang, Y., Chen, Z., Lou, W., Zhang, F., Wang, L., Guo, G., & Wang, Y. (2023). Estimation of genetic parameters and single-step genome-wide association studies for milk urea nitrogen in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, 106(1), 352–363. <https://doi.org/10.3168/JDS.2022-21857>
- Mamede, M. M. S., Rosa, G. J. M., Eifert, E. C., Lopes, F. B., Baldi, F., Costa, M. F., Sainz, R. D., Carmo, A. S., Mascioli, A. S., & Magnabosco, C. U. (2023). Estimating genetic parameters of reproductive, carcass, and meat quality traits in Polled Nellore cattle. **Tropical Animal Health and Production**, 55(2), 1–9. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03541-3>
- Manolio, T., Collins, F., Cox, N., Goldstein, D., Hindorff, L., Hunter, D., & McCarthy, M. (2009). Finding the missing heritability of complex diseases. **Nature**, 461(7265), 747–753. <https://doi.org/10.1038/nature08494>
- Matsumoto, H., Kohara, R., Sugi, M., Usui, A., Oyama, K., Mannen, H., & Sasazaki, S. (2019). The non-synonymous mutation in bovine SPP1 gene influences carcass weight. **Heliyon**, 5(12), e03006. <https://doi.org/10.1016/J.HELİYON.2019.E03006>
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, 157(4), 1819–1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2016). Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. **Animal Frontiers**, 6(1), 6–14. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0002>
- Miao, J., Wang, X., Bao, J., Jin, S., Chang, T., Xia, J., Yang, L., Zhu, B., Xu, L., Zhang, L., Gao, X., Chen, Y., Li, J., & Gao, H. (2018). Multimarker and rare variants genomewide association studies for bone weight in Simmental cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 135(3), 159–169. <https://doi.org/10.1111/JBG.12326>
- Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. (2009). Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, 92(9), 4648–4655. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2064>
- Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. (2014). Using recursion to compute the inverse of the genomic relationship matrix. **Journal of Dairy Science**, 97(6), 3943–3952.

- Nanaie, H. A., Tian, J., Sun, G., Wang, X., Zhao, M., Li, H., Dalai, B., Li, Y., Wang, T., Chen, L., Sai, Y., Guo, W., Wang, G., Che, L., Wu, J., & Tian, R. (2025). Decoding the beef cattle genome through whole-genome sequencing reveals the genetic basis of carcass and meat quality traits. **Scientific Reports**, 15(1), 33815-. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-04205-y>
- Naserkheil, M., Mehrban, H., Lee, D., & Park, M. N. (2021). Genome-wide Association Study for Carcass Primal Cut Yields Using Single-step Bayesian Approach in Hanwoo Cattle. **Frontiers in Genetics**, 12, 752424. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2021.752424>
- Nisa, F. un, Naqvi, R. Z., Arshad, F., Ilyas, I., Asif, M., Amin, I., Mrode, R., Mansoor, S., & Mukhtar, Z. (2024). Assessment of Genomic Diversity and Selective Pressures in Crossbred Dairy Cattle of Pakistan. **Biochemical Genetics**, 62(5), 4137–4156. <https://doi.org/10.1007/S10528-024-10809-2>
- Niu, Q., Zhang, T., Xu, L., Wang, T., Wang, Z., Zhu, B., Gao, X., Chen, Y., Zhang, L., Gao, H., Li, J., & Xu, L. (2021). Identification of Candidate Variants Associated With Bone Weight Using Whole Genome Sequence in Beef Cattle. **Frontiers in Genetics**, 12, 750746. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2021.750746>
- OECD, & FAO. (2024). *OECD-FAO AGRICULTURAL OUTLOOK 2024-2033*.
- Oliveira Júnior, G. A., Pinheiro, V. G., Fonseca, P. A. S., Costa, C. B., Pioltine, E. M., Botigelli, R. C., Razza, E. M., Ereno, R. L., Ferraz, J. B. S., Seneda, M. M., & Nogueira, M. F. G. (2021). Genomic and phenotypic analyses of antral follicle count in Aberdeen Angus cows. **Livestock Science**, 249, 104534. <https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2021.104534>
- Oliveira, L. A. S., Temp, L. B., Panetto, J. C. C., Machado, M. A., Silva, M. V. G. B., & Otto, P. I. (2021). Impacto da inclusão de informações genômicas na avaliação genética para produção de leite na raça Girolando. **SIMPÓSIO DE PRODUÇÃO ANIMAL**.
- Olsen, H. G., Meuwissen, T. H. E., Nilsen, H., Svendsen, M., & Lien, S. (2008). Fine Mapping of Quantitative Trait Loci on Bovine Chromosome 6 Affecting Calving Difficulty. **Journal of Dairy Science**, 91(11), 4312–4322. <https://doi.org/10.3168/JDS.2008-1000>
- Omonijo, F. A., Wang, M., Gagné, D., Laterrière, M., Genier, S., Zhao, X., & Ibeagha-Awemu, E. M. (2025). Small nucleolar RNA dysregulation and potential roles in bovine subclinical mastitis. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, 16(1), 124-. <https://doi.org/10.1186/S40104-025-01230-9>
- Ortega, M. S., Denicol, A. C., Cole, J. B., Null, D. J., Taylor, J. F., Schnabel, R. D., & Hansen, P. J. (2017). Association of single nucleotide polymorphisms in candidate genes previously related to genetic variation in fertility with phenotypic measurements of reproductive function in Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, 100(5), 3725–3734. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12260>
- Pacheco, A., Quirino, C., & Pinheiro O, Al. J. V. (2008). Medidas morfológicas de touros jovens e adultos da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, 2008, 9(3).

- Pacheco, H. A., Rossoni, A., Cecchinato, A., & Peñagaricano, F. (2023). Identification of runs of homozygosity associated with male fertility in Italian Brown Swiss cattle. **Frontiers in Genetics**, 14, 1227310. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2023.1227310/BIBTEX>
- Paiva, J. T., Peixoto, M. G. C. D., Bruneli, F. A. T., Alvarenga, A. B., Oliveira, H. R., Silva, A. A., Silva, D. A., Veroneze, R., Silva, F. F., & Lopes, P. S. (2020). Genetic parameters, genome-wide association and gene networks for milk and reproductive traits in Guzará cattle. **Livestock Science**, 242, 104273. <https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2020.104273>
- Pascoa, L., MAGNABOSCO, C., & TROVO, J. (2008). Ganho genético para pesos aos 210 dias em diferentes rebanhos bovinos de cria. *IX Simpósio Nacional Cerrado–Desafios e Estratégias Para o Equilíbrio Entre Sociedade, Agronegócio e Recursos Naturais*.
- Pedrosa, V. B., Schenkel, F. S., Chen, S. Y., Oliveira, H. R., Casey, T. M., Melka, M. G., & Brito, L. F. (2021). Genomewide association analyses of lactation persistency and milk production traits in holstein cattle based on imputed whole-genome sequence data. **Genes**, 12(11), 1830. <https://doi.org/10.3390/GENES12111830/S1>
- Peng, W., Zhang, Y., Gao, L., Wang, S., Liu, M., Sun, E., Lu, K., Zhang, Y., Li, B., Li, G., Cao, J., & Yang, M. (2024). Examination of homozygosity runs and selection signatures in native goat breeds of Henan, China. **BMC Genomics**, 25(1), 1184-. <https://doi.org/10.1186/S12864-024-11098-0>
- Pereira, J. C. C. (2008). *Melhoramento Genético Aplicado A Produção Animal | Reprodução seletiva* (F. B. Horizonte (ed.); 5th ed.).
- Pereira, L. S., Brunes, L. C., Baldi, F., do Carmo, A. S., Soares, B. B., Magnabosco, V., da Costa Eifert, E., & Magnabosco, C. U. (2023). Genetic association between feed efficiency, growth, scrotal circumference, and carcass traits in Guzerat cattle. **Tropical Animal Health and Production**, 55(2), 3. <https://doi.org/10.1007/S11250-023-03552-0>
- Perez-Hernandez, G., Ellett, M. D., Pokhrel, B., Parsons, C. L. M., Corl, B. A., & Daniels, K. M. (2025). Transcriptomic changes induced by controlled cyclical heat stress in the bovine mammary gland during lactation. **JDS Communications**, 6(4), 604–609. <https://doi.org/10.3168/JDSC.2025-0760>
- Peripolli, E., Temp, L. B., Fukumasu, H., Pereira, A. S. C., Fabricio, E. C., Ferraz, J. B. S., & Baldi, F. (2024). Identification of candidate genes and genomic prediction for early heifer pregnancy in Nelore beef cattle. **Livestock Science**, 289, 105582. <https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2024.105582>
- Perotto, D., Abrahão, J. J. S., & Kroetz, I. A. (2006). Intervalo de partos de fêmeas bovinas Nelore, guzerá x Nelore, Red Angus x Nelore, Marchigiana x Nelore e Simental x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 35, 733–741. <https://doi.org/10.1590/s1516-35982006000300014>

- Portes, J. V., Rodrigues, G. R. D., Silva, J. A. V., Freitas, A. P., Mercadante, M. E. Z., Bonilha, S. F. M., Canesin, R. C., Valente, J. P. S., & Cyrillo, J. N. S. G. (2024). Effects of inbreeding on production traits and genetic evaluations in Guzerá beef cattle raised under tropical conditions. *Tropical Animal Health and Production*, 56(4). <https://doi.org/10.1007/s11250-024-03987-z>
- Purfield, D. C., Evans, R. D., & Berry, D. P. (2019). Reaffirmation of known major genes and the identification of novel candidate genes associated with carcass-related metrics based on whole genome sequence within a large multi-breed cattle population. *BMC Genomics*, 20(1), 720-. <https://doi.org/10.1186/S12864-019-6071-9>
- Rafter, P., Gormley, I. C., Purfield, D., Parnell, A. C., Naderi, S., & Berry, D. P. (2021). Genome-wide association analyses of carcass traits using copy number variants and raw intensity values of single nucleotide polymorphisms in cattle. *BMC Genomics*, 22(1), 757-. <https://doi.org/10.1186/S12864-021-08075-2>
- Rahman, J. U., Kumar, D., Singh, S. P., Shahi, B. N., Ghosh, A. K., Verma, M. K., Pathak, A., Dar, A. H., Kumar, A., & Sharma, R. K. (2023). Genome-wide identification and annotation of SNPs and their mapping in candidate genes related to milk production and fertility traits in Badri cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 55(2), 1–9. <https://doi.org/10.1007/S11250-023-03535-1>
- Rezaei, S., Shadparvar, A. A., Baneh, H., & Ghovvati, S. (2025). Genome-wide scanning for candidate lethal genes associated with early embryonic mortality in Holstein dairy cattle. *Frontiers in Animal Science*, 6, 1513876. <https://doi.org/10.3389/FANIM.2025.1513876>
- Rocha, R. de F. B., Garcia, A. O., Otto, P. I., dos Santos, M. G., da Silva, M. V. B., Martins, M. F., Machado, M. A., Panetto, J. C. do C., & Guimarães, S. E. F. (2023). Single-step genome-wide association studies and post-GWAS analyses for the number of oocytes and embryos in Gir cattle. *Mammalian Genome*, 34(3), 497–508. <https://doi.org/10.1007/S00335-023-10009-0>
- Rodrigues, G. R. D., Rezende, V. T., Mercadante, M. E. Z., Bonilha, S. F. M., Canesin, R. C., Raineri, C., Valente, J. D. P. S., Ligor, V. A., & Gonçalves Cyrillo, J. N. D. S. (2024). Animal growth models as a tool to estimate resilience indicators in Bos indicus and Bos taurus heifers: Selection effects and genetics parameters. *Livestock Science*, 282. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2024.105435>
- Romaniuk, E., Vera, B., Peraza, P., Ciappesoni, G., Damián, J. P., & Van Lier, E. (2024). Identification of Candidate Genes and Pathways Linked to the Temperament Trait in Sheep. *Genes*, 15(2), 229. <https://doi.org/10.3390/GENES15020229>
- Roy, M. M., Norton, E. M., Rendahl, A. K., Schultz, N. E., McFarlane, D., Geor, R. J., Mickelson, J. R., & McCue, M. E. (2020). Assessment of the FAM174A 11G allele as a risk allele for equine metabolic syndrome. *Animal Genetics*, 51(4), 607–610. <https://doi.org/10.1111/AGE.12952>;WGROU:STRING:PUBLICATION

- Ruiz-Conca, M., Gardela, J., Olvera-Maneu, S., López-Béjar, M., & Álvarez-Rodríguez, M. (2022). NR3C1 and glucocorticoid-regulatory genes mRNA and protein expression in the endometrium and ampulla during the bovine estrous cycle. *Research in Veterinary Science*, 152, 510–523. <https://doi.org/10.1016/J.RVSC.2022.09.018>
- Sahana, G., Höglund, J. K., Guldbrandtsen, B., & Lund, M. S. (2015). Loci associated with adult stature also affect calf birth survival in cattle. *BMC Genetics*, 16(1), 47-. <https://doi.org/10.1186/S12863-015-0202-3>
- Schmidt, P., Campos, G., Roso, V., Souza, F., & Boligon, A. (2019). Genetic analysis of female reproductive efficiency, scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. *Theriogenology*, 128, 47–53. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2019.01.032>
- Schmidt, P. I., Campos, G. S., Lôbo, R. B., Souza, F. R. P., Brauner, C. C., & Boligon, A. A. (2018). Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nellore females. *Theriogenology*, 108. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2017.11.035>
- Sheehy, P. A., Riley, L. G., Raadsma, H. W., Williamson, P., & Wynn, P. C. (2009). A functional genomics approach to evaluate candidate genes located in a QTL interval for milk production traits on BTA6. *Animal Genetics*, 40(4), 492–498. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01862.x>
- Sheet, S., Jang, S. S., Kim, J. H., Park, W., & Kim, D. (2024). A transcriptomic analysis of skeletal muscle tissues reveals promising candidate genes and pathways accountable for different daily weight gain in Hanwoo cattle. *Scientific Reports*, 14(1), 1–18. <https://doi.org/10.1038/S41598-023-51037-9>
- Silva, I. (2004). Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise. *Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo, Piracicaba*.
- Silva, M., Santos, D., Boison, S., Utsunomiya, A. T. H., Carmo, A. S., Sonstegard, T. S., Cole, J. B., & Van Tassell, C. P. (2014). The development of genomics applied to dairy breeding. *Livestock Science*, 166, 66–75. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.05.017>
- Silveira, D. D., Pereira, R. J., Roso, V. M., Souza, F. R. P., & Boligon, A. A. (2024). Genetic parameters, genetic trends and correlated responses of growth traits considering maternal ability in Nelore cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 56(4), 143-. <https://doi.org/10.1007/S11250-024-03977-1>
- Siqueira, R. L. P. G., Oliveira, J. A., Lôbo, R. B., Bezerra, L. A. F., & Tonhati, H. (2003). Análise da variabilidade genética aditiva de características de crescimento na raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 32(1), 99–105. <https://doi.org/10.1590/s1516-35982003000100013>
- Smith, J. L., Wilson, M. L., Nilson, S. M., Rowan, T. N., Schnabel, R. D., Decker, J. E., & Seabury, C. M. (2022). Genome-wide association and genotype by environment interactions for growth traits in U.S. Red Angus cattle. *BMC Genomics*, 23(1), 517-. <https://doi.org/10.1186/S12864-022-08667-6>

- Souza, F., Lopes, F., Rosa, G., Fernandes, R., & Magnabosco, V.S. Magnabosco, C. (2022). Genetic selection of Nelore cattle raised in tropical areas: Economic indexes and breeding decisions risks. *Livestock Science*, 265. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2022.105098>
- Stafuzza, N. B., Costa e Silva, E. V. da, Silva, R. M. de O., Costa Filho, L. C. C. da, Barbosa, F. B., Macedo, G. G., Lobo, R. B., & Baldi, F. (2020). Genome-wide association study for age at puberty in young Nelore bulls. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 137(2), 234–244. <https://doi.org/10.1111/JBG.12438>;ISSUE:ISSUE:DOI
- Sun, Y., Wu, X., Ma, Y., Liu, D., Lu, X., Zhao, T., & Yang, Z. (2022). Molecular Marker-Assisted Selection of ABCG2, CD44, SPP1 Genes Contribute to Milk Production Traits of Chinese Holstein. *Animals*, 13(1), 89. <https://doi.org/10.3390/ANI13010089>
- Tao, L., He, X., Jiang, Y., Liu, Y., Ouyang, Y., Shen, Y., Hong, Q., & Chu, M. (2021). Genome-wide analyses reveal genetic convergence of prolificacy between goats and sheep. *Genes*, 12(4), 480. <https://doi.org/10.3390/GENES12040480/S1>
- Temp, L., Gubiani, G., Brunes, L., Magnabosco, C., Bussiman, F., Hidalgo, J., Lourenco, D., & Baldi, F. (2025). Genomic Evaluation in Nelore Cattle for Reproductive Traits: Multiple Ways to Account for Missing Pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 0, 1–11. <https://doi.org/10.1111/JBG.12947>
- Teng, J., Wang, D., Zhao, C., Zhang, X., Chen, Z., Liu, J., Sun, D., Tang, H., Wang, W., Li, J., Mei, C., Yang, Z., Ning, C., & Zhang, Q. (2023). Longitudinal genome-wide association studies of milk production traits in Holstein cattle using whole-genome sequence data imputed from medium-density chip data. *Journal of Dairy Science*, 106(4), 2535–2550. <https://doi.org/10.3168/JDS.2022-22277>
- Tramonte, N. C., Grupioni, N. V., Stafuzza, N. B., Freire Guidolin, D. G., Savegnago, R. P., Bezerra, L. A. F., Lôbo, R. B., & Munari, D. P. (2019). Genetic parameters, genetic trends, and principal component analysis for productive and reproductive traits of guzera beef cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 48. <https://doi.org/10.1590/RBZ4820180034>
- Trujano-Chavez, M. Z., Ruíz-Flores, A., López-Ordaz, R., & Pérez-Rodríguez, P. (2022). Genetic diversity in reproductive traits of Braunvieh cattle determined with SNP markers. *Veterinary Medicine and Science*, 8(4), 1709–1720. <https://doi.org/10.1002/vms3.836>
- Uffelmann, E., Huang, Q. Q., Munung, N. S., Vries, J., Okada, Y., Martin, A. R., Martin, H. C., Lappalainen, T., & Posthuma, D. (2021). Genome-wide association studies. *Nature Reviews Methods Primers*, 1(1). <https://doi.org/10.1038/s43586-021-00056-9>
- Utsunomiya, Y. T., Milanesi, M., Fortes, M. R. S., Porto-Neto, L. R., Utsunomiya, A. T. H., Silva, M. V. G. B., Garcia, J. F., & Ajmone-Marsan, P. (2019). Genomic clues of the evolutionary history of Bos indicus cattle. *Animal Genetics*, 50(6), 557–568. <https://doi.org/10.1111/AGE.12836>

- VanMelis, M., Eler, J., Oliveira, H. N., Rosa, G. J. M., Silva, J. A. I. V., Ferraz, J. B. S., & Pereira, E. (2007). Study of stayability in Nellore cows using a threshold model. **Journal of Animal Science**, 85(7), 1780–1786. <https://doi.org/10.2527/jas.2005-608>
- VanRaden, P. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, 91(11), 4414–4423. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>
- VanRaden, P., Tassell, C. Van, Wiggans, G., Sonstegard, T. S., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., & Schenkel, F. S. (2009). Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**, 92(1), 16–24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>
- Visscher, P., Hill, W., Genética, N. W.-N. analisa, & 2008, U. (2008). Hereditariedade na era da genômica – conceitos e equívocos. **Nature Reviews Genetics**, 9(4), 255–266. <https://doi.org/10.1038/nrg2322>
- Visscher, P. M., Wray, N. R., Zhang, Q., Sklar, P., McCarthy, M. I., Brown, M. A., & Yang, J. (2017). 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation. **The American Journal of Human Genetics**, 101(1), 5–22. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2017.06.005>
- Vitezica, Z., Aguilar, I., Misztal, I., & Legarra, A. (2011). Bias in genomic predictions for populations under selection. **Genetics Research**. <https://doi.org/10.1017/S001667231100022X>
- Wang, H., Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., & Muir, W. M. (2012). Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. **Genetics Research**, 94(2), 73–83. <https://doi.org/10.1017/S0016672312000274>
- Wang, J., & Liao, Y. (2017). **WebGestaltR: Gene Set Analysis Toolkit WebGestaltR**.
- Weng, Z., Su, H., Saatchi, M., Lee, J., Thomas, M. G., Dunkelberger, J. R., & Garrick, D. J. (2016). Genome-wide association study of growth and body composition traits in Brangus beef cattle. **Livestock Science**, 183, 4–11. <https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2015.11.011>
- Worku, D., Gowane, G. R., Mukherjee, A., Alex, R., Joshi, P., & Verma, A. (2022). Associations between polymorphisms of LAP3 and SIRT1 genes with clinical mastitis and milk production traits in Sahiwal and Karan Fries dairy cattle. **Veterinary Medicine and Science**, 8(6). <https://doi.org/10.1002/vms3.924>
- Worku, D., Gowane, G., & Verma, A. (2023). Genetic variation in promoter region of the bovine LAP3 gene associated with estimated breeding values of milk production traits and clinical mastitis in dairy cattle. **BMC Genetics**, 18(5 May). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0277156>
- Wray, N. R., Wijmenga, C., Sullivan, P. F., Yang, J., & Visscher, P. M. (2018). Common disease is more complex than implied by the core gene omnigenic model. **Cell**, 173(7), 1573–1580. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.05.051>

- Xia, J., Fan, H., Chang, T., Xu, L., Zhang, W., Song, Y., Zhu, B., Zhang, L., Gao, X., Chen, Y., Li, J., & Gao, H. (2017). Searching for new loci and candidate genes for economically important traits through gene-based association analysis of Simmental cattle. **Scientific Reports**, 7(1), 42048-. <https://doi.org/10.1038/srep42048>
- Xu, J., Wang, Y., Shi, F., Guo, H., Gao, B., Yang, J., Gu, L., Yang, D., Zhang, F., Gao, D., Gao, Z., Wang, S., & Wang, J. (2025). Genomic Diversity and Selection Signatures for Zaosheng Cattle. **Biology**, 14(6), 623. <https://doi.org/10.3390/BIOLOGY14060623/S1>
- Xu, L., Zhang, W. G., Shen, H. X., Zhang, Y., Zhao, Y. M., Jia, Y. T., Gao, X., Zhu, B., Xu, L. Y., Zhang, L. P., Gao, H. J., Li, J. Y., & Chen, Y. (2018). Genome-wide scanning reveals genetic diversity and signatures of selection in Chinese indigenous cattle breeds. **Livestock Science**, 216, 100–108. <https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2018.08.005>
- Yang, F., Yang, X., Zhu, H., Wang, X., Liao, X., Fu, Y., Fu, T., Chen, X., Sysa, A., Lyu, J., & Zhou, H. (2024). The essential role of adenine nucleotide translocase 4 on male reproductive function in mice. **Brazilian Journal of Medical and Biological Research**, 57, e13590. <https://doi.org/10.1590/1414-431X2024E13590>
- Yin, T., & König, S. (2018). Genetic parameters for body weight from birth to calving and associations between weights with test-day, health, and female fertility traits. **Journal of Dairy Science**, 101(3), 2158–2170. <https://doi.org/10.3168/JDS.2017-13835>
- Yokoo, M. J. I., Albuquerque, L. G., Lôbo, R. B., Sainz, R. D., Carneiro Júnior, J. M., Bezerra, L. A. F., & Araujo, F. R. C. (2007). Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 36, 1761–1768. <https://doi.org/10.1590/s1516-35982007000800008>
- Yokoo, M. J., Magnabosco, C. U., Rosa, G. J. M., Lôbo, R. B., & Albuquerque, L. G. (2012). Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 64, 91–100. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352012000100014>
- Yu, J., Pressoir, G., Briggs, W. H., Bi, I. V., Yamasaki, M., Doebley, J. F., McMullen, M. D., Gaut, B. S., Nielsen, D. M., Holland, J. B., Kresovich, S., & Buckler, E. S. (2006). A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. **Nature Genetics**, 38(2), 203–208. <https://doi.org/10.1038/ng1702>
- Yu, Y., Zhen, Z., Qi, H., Yuan, X., Gao, X., & Zhang, M. (2019). U2AF65 enhances milk synthesis and growth of bovine mammary epithelial cells by positively regulating the mTOR-SREBP-1c signalling pathway. **Cell Biochemistry and Function**, 37(2), 93–101. <https://doi.org/10.1002/CBF.3378;ISSUE:ISSUE:DOI>

- Zaitoun, I., & Khatib, H. (2006). Assessment of genomic imprinting of SLC38A4, NNAT, NAP1L5, and H19 in cattle. **BMC Genetics**, 7(1), 49-. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-7-49>
- Zhang, C., Bruce, H., Yang, T., Charagu, P., Kemp, R. A., Boddicker, N., Miar, Y., Wang, Z., & Plastow, G. (2016). Genome Wide Association Studies (GWAS) Identify QTL on SSC2 and SSC17 Affecting Loin Peak Shear Force in Crossbred Commercial Pigs. **PLOS ONE**, 11(2), 1–16. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0145082>
- Zhang, F., & Lupski, J. (2015). Non-coding genetic variants in human disease. **Human Molecular Genetics**, 24(R1), 102–110. <https://doi.org/10.1093/hmg/ddv259>
- Zhao, L., Teng, J., Ning, C., & Zhang, Q. (2024). Genome-Wide Association Study of Insertions and Deletions Identified Novel Loci Associated with Milk Production Traits in Dairy Cattle. **Animals**, 14(24), 3556. <https://doi.org/10.3390/ANI14243556/S1>
- Zheng, W., Wu, P., Zhu, M., Ullah, Y., Zhao, Z., Cao, S., Li, G., Ou, S., He, K., & Xu, Y. (2025). Establishment and Validation of a Method for the Identification of Recessive Mastitis Resistance Genes in Dairy Cows. **Genes**, Vol. 16, Page 485, 16(5), 485. <https://doi.org/10.3390/GENES16050485>
- Zhou, C., Li, C., Cai, W., Liu, S., Yin, H., Shi, S., Zhang, Q., & Zhang, S. (2019). Genome-wide association study for milk protein composition traits in a chinese holstein population using a single-step approach. **Frontiers in Genetics**, 10(FEB), 417330. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2019.00072>