

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta tese
será disponibilizado somente a partir
de 08/08/2026.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**IMPACTO GENÉTICO DA SELEÇÃO DE LONGO PRAZO
PARA PESO CORPORAL E CONTROLE GENÔMICO DE
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM
BOVINOS CARACU**

Viviane Andrade Ligori

Zootecnista

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**IMPACTO GENÉTICO DA SELEÇÃO DE LONGO PRAZO
PARA PESO CORPORAL E CONTROLE GENÔMICO DE
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM
BOVINOS CARACU**

Discente: Viviane Andrade Ligorí

Orientadora: Profa. Dra. Lenira El Faro Zadra

Coorientadora: Profa. Dra. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante

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

L726i

Ligori, Viviane Andrade

Impacto genético da seleção de longo prazo para peso corporal e controle genômico de características de crescimento e carcaça em bovinos
Caracu/ Viviane Andrade Ligori. -- Jaboticabal, 2025

87 p. : il., tabs.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientadora: Lenira El Faro Zadra

Coorientadora: Maria Eugênia Zerlotti Mercadante

1. Bovinos de corte. 2. Seleção genômica. 3. Genética quantitativa. 4. Genômica integrada. 5. Carcaça. I. Título.

Registro de Impacto

O presente estudo amplia o conhecimento sobre a base genética da raça Caracu e oferece ferramentas para programas de melhoramento que conciliem crescimento, qualidade da carne e adaptação ao clima tropical. Os resultados contribuem para produção pecuária mais eficiente, sustentável e alinhada a desafios globais de segurança alimentar e conservação ambiental.

Impact Statement

This study expands knowledge about the genetic basis of the Caracu breed and provides tools for breeding programs that balance growth, meat quality, and adaptation to the tropical climate. The results contribute to more efficient and sustainable livestock production, aligned with global food security and environmental conservation challenges.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: IMPACTO GENÉTICO DA SELEÇÃO DE LONGO PRAZO PARA PESO CORPORAL E CONTROLE GENÔMICO DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM BOVINOS CARACU

AUTORA: VIVIANE ANDRADE LIGORI

ORIENTADOR: LENIRA EL FARO ZADRA

COORIENTADORA: MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE

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



Documento assinado digitalmente

LENIRA EL FARO ZADRA

Data: 15/08/2025 14:01:34-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Pesquisadora Dra. LENIRA EL FARO ZADRA (Participação Virtual)
Instituto de Zootecnia IZ / Sertãozinho/SP

Wellison J.S. Diniz

Digitally signed by Wellison J.S.

Diniz

Date: 2025.08.15 10:00:42 -05'00'

Prof. Dr. WELLISON JARLES DA SILVA DINIZ (Participação Virtual)
Department of Animal Science / Auburn University - Auburn/LA/EUA



Documento assinado digitalmente

DANISIO PRADO MUNARI

Data: 20/08/2025 09:46:16-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

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



Documento assinado digitalmente

EULA REGINA CARRARA

Data: 15/08/2025 16:14:35-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Pós-doutoranda EULA REGINA CARRARA (Participação Virtual)
Department of Animal and Dairy Science / University of Georgia (UGA) - Athens/GA/EUA



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



Documento assinado digitalmente

HUMBERTO TONHATI

Data: 08/09/2025 11:11:01-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. HUMBERTO TONHATI (Participação Virtual)
Departamento de Zootecnia / FCAV UNESP Jaboticabal

Jaboticabal, 08 de agosto de 2025

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Viviane Andrade Ligori, filha de Carlos Alberto Ligor*i* e Susana Marques de Andrade Ligor*i*. Nascida em 08 de maio de 1994 na cidade de São Paulo, estado de São Paulo, Brasil. Concluiu juntamente com o ensino médio o curso técnico em Análises Químicas, pelo SENAI Fundação Zerenner. Iniciou o curso de Bacharelado em Zootecnia no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia (IFSULDEMINAS), *Campus* Machado *campus* em março de 2015, obtendo o título de Bacharel em Zootecnia em julho de 2019, sob orientação da Profa. Dra. Daiane Moreira Silva. Durante a graduação, foi bolsista de iniciação científica (FAPEMIG), sob orientação da Profa. Dra. Lêda Gonçalves Fernandes. Em agosto de 2019, iniciou o curso de Mestrado em Produção Animal Sustentável pelo Programa de Pós-Graduação do Instituto de Zootecnia (IZ), sob orientação da Profa. Dra. Lenira El Faro Zadra, e coorientação da Dra. Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto, obtendo título de Mestre em Produção Animal Sustentável em julho de 2021. Em agosto de 2021, iniciou o curso de Doutorado no Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), *campus* Jaboticabal, sob orientação da Profa. Dra. Lenira El Faro Zadra, e coorientação da Profa. Dra. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante. Fez o doutorado sanduíche na “Auburn University”, em Auburn-AL, nos Estados Unidos da América, de outubro de 2024 à março de 2025, sob orientação do Prof. Dr. Wellison Jarles da Silva Diniz. Foi bolsista CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) durante a realização dos cursos de Mestrado, Doutorado e período sanduíche.

EPÍGRAFE

“Lembre-se de quem você é.”

(Mufasa, O Rei Leão)

“Aventure-se no desconhecido.”

(Frozen II)

“A flor que desabrocha na adversidade é a mais rara e bela de todas.”

(Imperador da China, Mulan)

“Se você pode sonhar, você pode fazer.”

(Walt Disney)

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho primeiramente aos meus pais, Susana e Carlos, pelo amor e apoio incondicional.

Ao meu namorado, Walter, pelo apoio, amor e compreensão.

Aos meus avós, Geraldo, Herminia e José (in memoriam), e à minha avó Lourdes, que, com seus valores, histórias e afeto, moldaram a pessoa que sou.

A vocês, meu amor e gratidão! ♥

AGRADECIMENTOS

À Deus por ser a luz que me guia e me dá forças para jamais desistir.

Aos meus pais por todo amor, apoio, atenção e incentivo. Vocês são a razão de tudo! A vocês, todo o meu amor e gratidão sempre!

Ao meu namorado, pelo amor, apoio, companheirismo, compreensão e ajuda. Obrigada por conferir referências, montar planilhas e ouvir minhas lamentações quando as coisas não saíam como o esperado.

A minha família e aos meus avós pelo amor, carinho e apoio, que sempre me deram forças para continuar.

À minha família de coração, Erasmo, Karina, Daniel e vovó Ana Elisa (in memoriam), pelo carinho, apoio e momentos felizes. Obrigado por terem participado de mais um ciclo da minha vida, por sempre torcerem por mim e sempre estarem presentes mesmo longe.

À minha amiga, companheira de trabalho e agora mamãe do Bruno, Jessica, pela amizade, ensinamentos, carinho, apoio, paciência e incentivo. Com você essa jornada foi muito mais leve e feliz! Obrigada!

À minha orientadora Profa. Dra. Lenira, pela orientação, paciência, confiança, ensinamentos e amizade.

À minha coorientadora Profa. Dra. Maria Eugênia pelos ensinamentos, apoio, paciência e carinho.

Ao Prof. Dr. Wellison por me aceitar, receber e orientar na “Auburn University”. Sou muito grata, a ele e à Priyanka, pela atenção, carinho, cuidado e amizade, principalmente durante a minha estadia no doutorado sanduíche. Estendo minha gratidão a Latchmi Baba e família, Edvaldo, Gabriela e Thaís por tornarem essa experiência tão especial.

Ao Prof. Dr. Josineudson Augusto pelos ensinamentos, paciência e carinho.

Ao Prof. Dr. Fernando Baldi, Dra. Eula Carrara e os professores doutores presentes na minha banca de defesa pelo apoio, atenção, ajuda e sugestões para o enriquecimento deste trabalho.

Ao Instituto de Zootecnia, ao Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, ao MethaLab e a todos meus colegas e amigos de profissão, por me ensinarem, apoiarem e acolherem com tanto afeto.

À Universidade Estadual Paulista – UNESP e ao Programa de Pós-graduação em Ciência Animal pela oportunidade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES, Código de Financiamento 001) pela bolsa nacional e internacional concedida. Ao suporte financeiro concedido pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processo 402491/2023–8), para o aprimoramento dos meus conhecimentos.

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

A vocês, muito obrigada! ♥

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVO	2
2.1 Objetivo geral.....	2
2.2 Objetivos específicos	2
3. REVISÃO DE LITERATURA	3
3.1 Importância econômica e desafios da pecuária brasileira	3
3.2 Origem, evolução e importância da raça Caracu	4
3.3 Seleção de longo prazo para peso corporal: fundamentos e impactos.....	6
3.4 Arquitetura genética das características de crescimento e carcaça em bovinos ..	7
3.5 Melhoria genética e integração de ferramentas genômicas.....	9
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	13
CHAPTER 2 – IS IT POSSIBLE TO SELECT BODY WEIGHT WITHOUT COMPROMISING CARCASS TRAITS AND REPRODUCTIVE EFFICIENCY IN CARACU CATTLE?	21
1. INTRODUCTION.....	22
2. MATERIAL AND METHODS.....	24
2.1 Animals and data collection	24
2.2 Statistical analysis.....	27
3. RESULTS	28
4. DISCUSSION	37
5. CONCLUSION	43
6. REFERENCES.....	43
CHAPTER 3– INTEGRATIVE GENOMIC ANALYSIS OF GROWTH AND CARCASS TRAITS IN CARACU CATTLE USING AWM-WSSGBLUP AND GENE NETWORK APPROACHES	51
1. INTRODUCTION	52
2. MATERIAL AND METHODS.....	54
2.1 Animals and data collection	54

2.2. Genotypic data.....	55
2.3. Genome-wide association analysis.....	55
2.4. The Association Weight Matrix (AWM)	57
2.5. Partial Correlation and Information Theory (PCIT).....	58
3. RESULTS	59
5. CONCLUSION	69
6.REFERENCE	69

IMPACTO GENÉTICO DA SELEÇÃO DE LONGO PRAZO PARA PESO CORPORAL E CONTROLE GENÔMICO DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARÇA EM BOVINOS CARACU

RESUMO – O Caracu é uma raça taurina adaptada ao Brasil, com mais de 40 anos de seleção para peso corporal (BW) e registros de desempenho ao longo de várias gerações. O objetivo desta tese foi avaliar o impacto genético da seleção de longo prazo para BW e investigar, por meio de abordagens quantitativas e genômicas integradas, o controle genético e regulatório de características de crescimento e carcaça. No primeiro estudo, foram estimados parâmetros genéticos de crescimento, carcaça e reprodução em 4.783 animais, incluindo 829 genotipados com o painel GGP Bovine 100K. Correlações genéticas favoráveis foram observadas entre BW e área de olho de lombo (REA; $0,51 \pm 0,11$), relação altura/largura do Longissimus (HWR; $0,45 \pm 0,17$) e perímetro escrotal (SC; $0,24 \pm 0,13$), indicando ganhos indiretos em carcaça e fertilidade masculina. BW apresentou correlação desfavorável com dias ao parto (DC; $0,48 \pm 0,15$), mostrando a necessidade de seleção equilibrada para preservar a eficiência reprodutiva feminina. No segundo estudo, investigou-se a base genômica de BW e características de carcaça em 862 animais usando WssGBLUP e AWM-PCIT. As dez janelas genômicas de maior efeito explicaram 21,36% a 31,74% da variância genética, destacando BTA18 (BW), BTA2 (REA), BTA21 (HWR), BTA1 (BFT) e BTA11 (RFT). Análises funcionais indicaram processos de desenvolvimento tecidual, metabolismo lipídico e remodelamento, e a análise de redes gênicas identificou quatro genes centrais (ZEB2, LTF, IRX3 e LHX1), evidenciando a regulação complexa do crescimento e composição de carcaça. Estes resultados fornecem subsídios para programas de melhoramento genético sustentáveis em Caracu, permitindo otimizar simultaneamente crescimento, qualidade de carcaça e eficiência reprodutiva.

Palavras-chave: AWM, parâmetros genéticos, rede gênica, seleção indireta, WssGBLUP.

GENETIC IMPACT OF LONG-TERM SELECTION FOR BODY WEIGHT AND GENOMIC CONTROL OF GROWTH AND CARCASS TRAITS IN CARACU CATTLE

ABSTRACT- The Caracu is a taurine breed adapted to Brazil, with over 40 years of selection for body weight (BW) and performance records spanning several generations. The objective of this thesis was to evaluate the genetic impact of long-term selection for BW and to investigate, through integrated quantitative and genomic approaches, the genetic and regulatory control of growth and carcass traits. In the first study, genetic parameters of growth, carcass, and reproduction were estimated in 4,783 animals, including 829 genotyped with the GGP Bovine 100K panel. Favorable genetic correlations were observed between BW and rib eye area (REA; 0.51 ± 0.11), longissimus height-to-width ratio (HWR; 0.45 ± 0.17), and scrotal circumference (SC; 0.24 ± 0.13), indicating indirect gains in carcass and male fertility. BW showed an unfavorable correlation with days to calving (DC; 0.48 ± 0.15), demonstrating the need for balanced selection to preserve female reproductive efficiency. In the second study, the genomic basis of BW and carcass traits was investigated in 862 animals using WssGBLUP and AWM-PCIT. The ten genomic windows with the greatest effect explained 21.36% to 31.74% of the genetic variance, highlighting BTA18 (BW), BTA2 (REA), BTA21 (HWR), BTA1 (BFT), and BTA11 (RFT). Functional analyses indicated processes of tissue development, lipid metabolism, and remodeling, and gene network analysis identified four central genes (ZEB2, LTF, IRX3, and LHX1), evidencing the complex regulation of growth and carcass composition. These results provide support for sustainable genetic improvement programs in Caracu, allowing for the simultaneous optimization of growth, carcass quality and reproductive efficiency.

Keywords: AWM, gene network, genetic parameters, indirect selection, WssGBLUP.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

A pecuária desempenha papel de relevância para a segurança alimentar e economia brasileira (MAPA, 2020). A crescente demanda global por proteína de origem animal, aliada à pressão por práticas mais eficientes e sustentáveis, tem impulsionado o aprimoramento genético de rebanhos para maximizar a produtividade, qualidade da carne e adaptação ao clima tropical (Lancaster et al., 2009).

O peso corporal foi o principal critério de seleção nos rebanhos de corte, por apresentar herdabilidade moderada a alta e forte correlação com características de desempenho e rendimento de carcaça (Ferreira e Borjas, 2008). Porém, a seleção intensiva e de longo prazo para peso corporal pode afetar negativamente outras características de interesse econômico, como a qualidade da carne, eficiência reprodutiva e a adaptabilidade, exigindo estratégias de seleção mais equilibradas.

A raça Caracu (*Bos taurus taurus*) destaca-se como um recurso genético valioso no contexto da bovinocultura nacional. Diferentemente dos demais taurinos, é uma raça adaptada ao clima tropical, a qual apresenta características desejáveis de rusticidade, produtividade e qualidade de carne (Lima et al., 1992). Com o intuito da conservação da raça, desde 1976, o Instituto de Zootecnia conduz um programa de seleção para peso corporal, proporcionando uma base sólida para investigar os efeitos da seleção de longo prazo nessa população (Lima et al., 1992; Pereira et al., 2005). Apesar da relevância dessa raça, ainda são escassos os estudos que avaliam os impactos genéticos da seleção para peso corporal sobre outras características economicamente importantes. Além disso, poucos estudos integram abordagens genômicas avançadas para explorar os mecanismos moleculares subjacentes a essas características, especialmente em raças adaptadas ao trópico.

Essa tese foi estruturada em dois estudos complementares sobre a raça Caracu. O primeiro investigou os parâmetros genéticos para peso corporal, características de carcaça e eficiência reprodutiva, com o objetivo de avaliar os efeitos diretos e indiretos

da seleção para crescimento. O segundo estudo aplicou metodologias de genômica integrativa, como WssGBLUP e AWM-PCIT, para identificar regiões genômicas e redes regulatórias associadas ao controle poligênico de características produtivas, revelando potenciais genes com efeitos pleiotrópicos.

5. CONCLUSION

We characterized the polygenic architecture underlying growth (BW, REA, HWR) and carcass (BFT and RFT) traits in Caracu cattle. These traits are controlled by multiple small-effect loci distributed across specific chromosomal regions, involving key genes associated with energy metabolism, muscle development, and adipogenesis. Our integrative analyses revealed pleiotropic patterns, with positive correlations between BW and muscle traits and antagonistic relationships with fat deposition, while regulatory interactions highlighted shared cell signaling and tissue differentiation pathways. Notably, four hub genes, *ZEB2*, *LTF*, *IRX3*, and *LHX1*, were shown to be central regulators connecting growth and carcass phenotypes, suggesting that they play a key role in coordinating muscle accretion, fat deposition, and adaptive responses. Together, these results provide a molecular framework to support balanced genomic selection strategies in Caracu, demonstrating that simultaneously improving growth and carcass quality requires approaches that take into account the individual effects of SNPs and their coordinated regulatory networks.

6. REFERENCE

- Abduch NG, Pires BV, Souza LL, Vicentini RR, Zadra LEF, Fragomeni BO, et al. (2022) Effect of thermal stress on thermoregulation, hematological and hormonal characteristics of Caracu beef cattle. **Animals** 12:3473.
- Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, Tsuruta S, Lawlor TJ (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** 93:743–752.
- Aguilar J, Marin G (2014) Preface. Electronic Notes in **Theoretical Computer Science** 302:1–3.
- Arikawa LM, Mota LFM, Schmidt PI, Frezarim GB, Fonseca LFS, Magalhães AFB, et al. (2024) Genome-wide scans identify biological and metabolic pathways regulating carcass and meat quality traits in beef cattle. **Meat Science** 209:109402.

Associação Brasileira de Criadores de Caracu (s.d.) **História da raça Caracu**. Disponível em: <https://www.abccaracu.com.br/historia-da-raca-caracu>. Acesso em: 19 ago. 2025.

Barbosa BL, Silva APS, Castro DP, Castro GC, Silva TS, Vieira RB, et al. (2023) Overview of the use of genomic data in animal breeding. **Ciência Rural** 53:e20220350.

Botelho ME, Lopes MS, Mathur PK, Knol EF, Guimarães SEF, Marques DBD, Lopes PS, Silva FF, Veroneze R (2021) Applying an association weight matrix in weighted genomic prediction of boar taint compounds. **Journal of Animal Breeding and Genetics** 138:442–453.

Ceacero TM, Mercadante MEZ, Cyrillo JNDSG, Canesin RC, Bonilha SFM, De Albuquerque LG (2016) Phenotypic and genetic correlations of feed efficiency traits with growth and carcass traits in Nellore cattle selected for postweaning weight. **PLOS ONE** 11:e0161366.

Cooke RF, Daigle CL, Moriel P, Smith SB, Tedeschi LO, Vendramini JMB (2020) Cattle adapted to tropical and subtropical environments: Social, nutritional, and carcass quality considerations. **Journal of Animal Science** 98:1–20.

Corva P, et al. (2007) Association of CAPN1 and CAST gene polymorphisms with meat tenderness in Bos taurus beef cattle from Argentina. **Genetics and Molecular Biology** 30:1064–1069.

Doyle JL, Berry DP, Veerkamp RF, Carthy TR, Evans RD, Walsh SW, Purfield DC (2020) Genomic regions associated with muscularity in beef cattle differ in five contrasting cattle breeds. **Genetics Selection Evolution** 52:2.

Doyle JL, et al. (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** 11:20.

El Hamidi H, Roberts A (2018) Genome-wide association study for carcass traits in a composite beef cattle breed. **Livestock Science** 213:35–43.

Enns RM, Nicoll GB (2008) Genetic change results from selection on an economic breeding objective in beef cattle. **Journal of Animal Science** 86:3348–3357.

Fortes MRS, Reverter A, Zhang Y, Collis E, Nagaraj SH, Jonsson NN et al. (2010) Association weight matrix for the genetic dissection of puberty in beef cattle. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** 107(31):13642–13647.

Fortes MRS, Reverter A, Nagaraj SH, Zhang Y, Jonsson NN, Barris W, Lehnert S, Boe-Hansen GB, Hawken RJ (2011) A single nucleotide polymorphism-derived regulatory

gene network underlying puberty in 2 tropical breeds of beef cattle. **Journal of Animal Science** 89:1669–1683.

Gesualdi Júnior A, Queiroz AC, Resende FD, Alleoni GF, Razook AG, Figueiredo LA, Gesualdi ACLS, Detmann E (2006) Características de carcaça de bovinos Nelore e Caracu selecionados para peso aos 378 dias de idade recebendo alimentação restrita ou à vontade. **Revista Brasileira de Zootecnia** 35:131–138.

Greiner SP, Rouse GH, Wilson DE, Cundiff LV, Wheeler TL (2003) The relationship between ultrasound measurements and carcass fat thickness and longissimus muscle area in beef cattle. **Journal of Animal Science** 81:676–682.

Hay EH, Roberts A (2018) Genome-wide association study for carcass traits in a composite beef cattle breed. **Livestock Science** 213:35–43.

Hopkins DL, Roberts AHK (1995) The value of carcass weight, fat depth measures and eye muscle area for predicting the percentage yield of saleable meat in Australian grass-fed beef carcasses for Japan. **Meat Science** 41:137–145.

Huuskonen A, Pesonen M (2017) Production, carcass characteristics and valuable cuts of purebred Simmental and Simmental × beef breed crossbred bulls in Finnish beef cattle population. **Annals of Animal Science** 17:413–422.

Kolde R (2019) **pheatmap: Pretty Heatmaps**. R package version 1.0.12. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=pheatmap>. Acesso em: 10 de novembro de 2024.

Kruzel ML, Zimecki M, Actor JK (2017) Lactoferrin in a context of inflammation-induced pathology. **Frontiers in Immunology** 8:1438.

Leal-Gutiérrez JD, et al. (2018) Association of μ -Calpain and Calpastatin polymorphisms with meat tenderness in a Brahman–Angus population. **Frontiers in Genetics** 9:56.

Lee HJ, et al. (2019) Validation study of SNPs in CAPN1-CAST genes on the tenderness of muscles (Longissimus thoracis and Semimembranosus) in Hanwoo (Korean cattle). **Animals** 9:691.

Ligori VA, Malheiros JM, Carrara ER, Dominguez-Castaño P, Da Silva Neto JB, Dos Santos Gonçalves Cyrillo JN, Mercadante MEZ, Zadra LEF (2025) Is it possible to select body weight without compromising carcass traits and reproductive efficiency in Caracu cattle? **Journal of Applied Genetics** (no prelo).

Lima SBGP, Stafuzza NB, Pires BV, Bonilha SFM, Cyrillo JNSG, Negrão JA, Paz CCP (2020) Effect of high temperature on physiological parameters of Nelore (*Bos taurus indicus*) and Caracu (*Bos taurus taurus*) cattle breeds. **Tropical Animal Health and Production** 52:2233–2241.

Liu L, Amorín R, Moriel P, DiLorenzo N, Lancaster PA, Peñagaricano F (2020) Differential network analysis of bovine muscle reveals changes in gene coexpression patterns in response to changes in maternal nutrition. **BMC Genomics** 21:684.

Lopes FB, et al. (2021) Genome-enabled prediction of meat and carcass traits using Bayesian regression, single-step genomic best linear unbiased prediction and blending methods in Nelore cattle. **Animal** 15:100006.

Lopez BI, Lee SH, Park JE, Shin DH, Oh JD, De Las Heras-Saldana S, Van der Werf J, Chai HH, Park W, Lim D (2019) Weighted genomic best linear unbiased prediction for carcass traits in Hanwoo cattle. **Genes** 10:1019.

Marcelo DB, Leme PR, Silva SL (2013) Razão entre altura e largura do músculo longissimus como indicador de rendimento de cortes em bovinos. **Boletim de Indústria Animal** 70:205–212.

Mehrban H, Naserkheil M, Lee DH, Cho C, Choi T, Park M, Ibáñez-Escriche N (2021) Genomic prediction using alternative strategies of weighted single-step genomic BLUP for yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle. **Genes** 12:266.

Mizell S, et al. (2017) Single nucleotide polymorphisms associated with growth and carcass traits located on QTL regions previously associated with bovine respiratory disease. **Genetics and Molecular Research** 16:gmr16039843.

Mudadu MA, Porto-Neto LR, Mokry FB, Tizioto PC, Oliveira PSN, Tullio RR, Nassu RT, Niciura SCM, Tholon P, Alencar MM, Higa RH, Rosa AN, Feijó GLD, Ferraz ALJ, Silva LOC, Medeiros SR, Lanna DP, Nascimento ML, Chaves AS, Regitano LCA (2016) Genomic structure and marker-derived gene networks for growth and meat quality traits of Brazilian Nelore beef cattle. **BMC Genomics** 17:235.

Niu X, Ding Y, Chen S, Gooneratne R, Ju X (2022) Effect of immune stress on growth performance and immune functions of livestock: mechanisms and prevention. **Animals** 12:909.

Pereira MC, Mercadante MEZ, Razook AG, Figueiredo LA, Albuquerque LG (2008) Results of 23 years of selection for post-weaning weight in a Caracu beef herd. **South African Journal of Animal Science** 38:65–73.

Pires BV, Reolon HG, Abduch NG, Souza LL, Sakamoto LS, Mercadante MEZ, Silva RMO, Fragomeni BO, Baldi F, Paz CCP (2022) Effects of feeding and drinking behavior on performance and carcass traits in beef cattle. **Animals** 12:3196.

Pires BV, Stafuzza NB, de Freitas LA, Mercadante MEZ, Ramos ES, Paz CCP (2021) Expression of candidate genes for residual feed intake in tropically adapted *Bos taurus* and *Bos indicus* bulls under thermoneutral and heat stress environmental conditions. **Journal of Thermal Biology** 99:102998.

Quinlan AR, Hall IM (2010) BEDTools: A flexible suite of utilities for comparing genomic features. **Bioinformatics** 26:841-842.

Ramayo-Caldas Y, Fortes MRS, Hudson NJ, Porto-Neto LR, Bolormaa S, Barendse W, Kelly M, Moore SS, Goddard ME, Lehnert SA, Reverter A (2014) A marker-derived gene network reveals the regulatory role of PPARGC1A, HNF4G, and FOXP3 in intramuscular fat deposition of beef cattle. **Journal of Animal Science** 92:2832-2845.

Reis HBD, et al. (2024) Genome-wide association (GWAS) applied to carcass and meat traits of Nellore cattle. **Metabolites** 14:6.

Reverter A, Chan EKF (2008) Combining partial correlation and an information theory approach to the reversed engineering of gene co-expression networks. **Bioinformatics** 24:2491-2497.

Reverter A, Fortes MRS (2013) Breeding and Genetics Symposium: Building single nucleotide polymorphism-derived gene regulatory networks: Towards functional genome-wide association studies. **Journal of Animal Science** 91:530-536.

Rosa L, Cutone A, Lepanto M, Paesano R, Valenti P (2017) Lactoferrin: A natural glycoprotein involved in iron and inflammatory homeostasis. **International Journal of Molecular Sciences** 18:1985.

Sanchez MP, Tribout T, Kadri NK, Chitneedi PK, Maak S, Hozé C, Boussaha M, Croiseau P, Philippe R, Spengeler M, Kühn C, Wang Y, Li C, Plastow G, Pausch H, Boichard D (2023) Sequence-based GWAS meta-analyses for beef production traits. **Genetics Selection Evolution** 55:70.

Shannon P, Markiel A, Ozier O, Baliga NS, Wang JT, Ramage D, Amin N, Schwikowski B, Ideker T (2003) Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. **Genome Research** 13:2498–2504.

Shen WK, Chen SY, Gan ZQ, Zhang YZ, Yue T, Chen MM, et al. (2023) AnimalTFDB 4.0: um banco de dados abrangente de fatores de transcrição animal atualizado com anotações de variação e expressão. **Nucleic Acids Research** 51:D39–D45.

Silva DBS, Fonseca LFS, Magalhães AFB, Muniz MMM, Baldi F, Ferro JA, Chardulo LAL, Pinheiro DG, de Albuquerque LG (2020) Transcriptome profiling of muscle in Nelore cattle phenotypically divergent for the ribeye muscle area. **Genomics** 112:1257–1263.

Silva-Vignato B, et al. (2022) Integrative analysis between genome-wide association study and expression quantitative trait loci reveals bovine muscle gene expression regulatory polymorphisms associated with intramuscular fat and backfat thickness. **Frontiers in Genetics** 13:935238.

Siqueiros-Cendón T, Arévalo-Gallegos S, Iglesias-Figueroa BF, García-Montoya IA, Salazar-Martínez J, Rascón-Cruz Q (2014) Immunomodulatory effects of lactoferrin. **Acta Pharmacologica Sinica** 35:557-566.

Sun X, et al. (2018) Effects of polymorphisms in CAPN1 and CAST genes on meat tenderness of Chinese Simmental cattle. **Archives Animal Breeding** 61:433–439.

Takasuga A, et al. (2007) Identification of bovine QTL for growth and carcass traits in Japanese Black cattle by replication and identical-by-descent mapping. **Mammalian Genome** 18:125–136.

Tian Y, Wen F, Wang S, Lv N (2022) LHX1 as a potential biomarker regulates EMT induction and cellular behaviors in uterine corpus endometrial carcinoma. **Clinics** 77:100103.

Tizioto PC, et al. (2013) Genome scan for meat quality traits in Nelore beef cattle. **Physiological Genomics** 45:1012–1020.

Van der Most PJ, De Jong B, Parmentier HK, Verhulst S (2011) Trade-off between growth and immune function: a meta-analysis of selection experiments. **Functional Ecology** 25:74–80.

VanRaden, P. M. (2008). Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. *Journal of Dairy Science*, 91, 4414-4423.

Verardo LL, E Silva FF, Machado MA, Do Carmo Panetto JC, De Lima Reis Faza DR, Otto PI, De Almeida Regitano LC, Da Silva LOC, Do Egito AA, Do Socorro Maués Albuquerque M, Zanella R, Da Silva MVGB (2021) Genome-wide analyses reveal the genetic architecture and candidate genes of indicine, taurine, synthetic crossbreds, and locally adapted cattle in Brazil. **Frontiers in Genetics** 12:702822.

Visscher PM, Wray NR, Zhang Q, Sklar P, McCarthy MI, Brown MA, Yang J (2017) 10 years of GWAS discovery: Biology, function, and translation. **The American Journal of Human Genetics** 101:5-22.

Wang H, Misztal I, Aguilar I, Legarra A, Fernando RL, Vitezica Z, et al. (2014) Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens. *Frontiers in Genetics* 5:134.

Wang H, Misztal I, Aguilar I, Legarra A, Muir WM (2012) Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. **Genetics Research** 94:73-83.

Węglarz A, et al. (2020) Associations of CAST, CAPN1 and MSTN gene polymorphism with slaughter value and beef quality – A review. **Annals of Animal Science** 20:757–774.

Widmann P, Reverter A, Weikard R, Suhre K, Hammon HM, Albrecht E, Kuehn C (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** 10:e0124574.

Xu J, Lamouille S, Derynck R (2009) TGF- β -induced epithelial to mesenchymal transition. **Cell Research** 19:156-172.

Yan S, Pei F, Si J, Khan MYA, Ou S, Yang Y, Zhao Z, Pauciullo A, Zhang Y (2024) Gene co-expression network and differential expression analyses reveal key genes for weaning weight in Simmental-Holstein crossbred cattle. **Animal Biotechnology** 35:2404042.

Yao J, Bottema CDK, Khatkar MS (2024) Meta-assembly of genomic associations to identify cattle fat depot candidate genes and pleiotropic effects. **BMC Genomics** 25:1242.

Yin L, Zhang H, Tang Z, Xu J, Yin D, Zhang Z, Liu X (2021) rMVP: A memory-efficient, visualization-enhanced, and parallel-accelerated tool for genome-wide association study. **Genomics, Proteomics & Bioinformatics** 19:619-628.

Zalewska M, Puppel K, Sakowski T (2021) Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle — A review. **Animal Bioscience** 34:1425–1438.

Zhang J, Sheng H, Pan C, Wang S, Yang M, Hu C, Wei D, Wang Y, Ma Y (2023) Identification of key genes in bovine muscle development by co-expression analysis. **PeerJ** 11:e15093.

Zou Y, Lu P, Shi J, Liu W, Yang M, Zhao S, Chen N, Chen M, Sun Y, Gao A, Chen Q, Zhang Z, Ma Q, Ning T, Ying X, Jin J, Deng X, Shen B, Zhang Y, Wang J (2017) IRX3 promotes the browning of white adipocytes and its rare variants are associated with human obesity risk. **EBioMedicine** 24:64-75.

Zhou Z, Xu Y, Li J, Gao F, Yang Z, Meng Q, Zhou Z (2022) Effects of dietary rumen-protected methionine supplementation on growth performance, carcass traits, and meat quality in Holstein bulls. **Tropical Animal Health and Production** 54:375.