

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta tese
será disponibilizado somente a partir
de 28/07/2017.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM TRÊS LINHAS DE
BOVINOS NELORE SELECIONADOS PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO

Diercles Francisco Cardoso
Zootecnista

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM TRÊS LINHAS DE
BOVINOS NELORE SELECIONADOS PARA
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO

Diercles Francisco Cardoso

Orientador: Prof. Dr. Humberto Tonhati

Coorientadores: Prof. Dr. Fernando Sebastian Baldi Rey

Dra. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante

Prof. Dr. Henner Simianer

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

2016

Cardoso, Diercles Francisco
C268a Assinaturas de seleção em três linhas de bovinos Nelore selecionados para características de crescimento / Diercles Francisco Cardoso. – – Jaboticabal, 2016
 x, 53 p. : il. ; 29 cm

 Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016
 Orientador: Humberto Tonhati
 Coorientadores: Fernando Sebastian Baldi Rey, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Henner Simianer
 Banca examinadora: Fábio Ricardo Pablos de Souza, Lúcia Galvão de Albuquerque, Joslayne Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Marcos Eli Buzanskas
 Bibliografia

 1. Bovinos de corte. 2. Estrutura de populações. 3. F_{ST} . 4. iHS. 5. Varreduras seletivas. 6. XP-EHH. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

 CDU 636.2:636.082

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

**TÍTULO: ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM TRÊS LINHAS DE BOVINOS NELORE
SELECIONADOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO**

AUTOR: DIERCLES FRANCISCO CARDOSO

ORIENTADOR: HUMBERTO TONHATI

CO-ORIENTADORA: MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE

CO-ORIENTADOR: HENNER SIMIANER

CO-ORIENTADOR: FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY

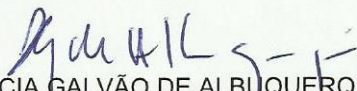
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:



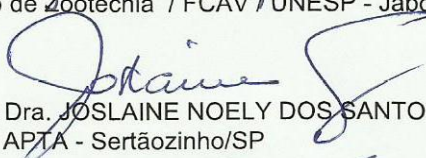
Prof. Dr. HUMBERTO TONHATI
Departamento de Zootecnia / FCAV / UNESP - Jaboticabal



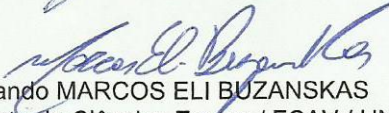
Prof. Dr. FABIO RICARDO PABLOS DE SOUZA
Departamento de Zoologia e Genética / Universidade Federal de Pelotas



Profa. Dra. LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE
Departamento de Zootecnia / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Pesquisadora Dra. JOSLAINE NOELY DOS SANTOS GONÇALVES CYRILLO
Diretoria / IZ / APTA - Sertãozinho/SP



Pós-doutorando MARCOS ELI BUZANSKAS
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 28 de julho de 2016.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

DIERCLES FRANCISCO CARDOSO – nascido na cidade de Berilo – MG na data de 04 de junho de 1988, filho de Domingos Francisco das Virgens e Valdirene Cardoso Santos. No ano de 2006 ingressou no curso de graduação em Zootecnia na Faculdade de Ciência Agrárias da Universidade de Marília (UNIMAR), obtendo o título de Zootecnista em dezembro de 2009. Em agosto de 2010, ingressou no mestrado pelo Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, sob a orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati. Foi Bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo durante o mestrado, obtendo o título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal em 27 de julho de 2012. Em agosto de 2012, ingressou no doutorado pelo mesmo programa de Pós-graduação, bolsista da mesma agência de fomento e sob mesma orientação. Realizou estágio de pesquisa na Universidade de Göttingen, na Alemanha, sob a supervisão do Prof. Dr. Henner Simianer pelo período de um ano, entre 2014 e 2015. Obteve o título de Doutor em Genética e Melhoramento Animal em 28 de Julho de 2016.

Epígrafe

“Se não houver frutos, valeu a beleza das flores; se não houver flores, valeu a sombra das folhas; se não houver folhas, valeu a intenção da semente.”

Henfil

"Não acredite no que eu digo, pois é a minha experiência e não a sua. Experimente, indague e busque."

Osho Rajneesh

AGRADECIMENTOS

Agradeço ..

Ao Prof. Dr. Humberto Tonhati, por ter sido meu orientador durante o mestrado e doutorado, pela oportunidade, pela confiança e por todos os ensinamentos realizados e também pela amizade. Devo agradecê-lo também pela paciência e principalmente pelo exemplo de profissional e Ser Humano que transmitiu a mim ao longo desses anos;

Aos meus Co-orientadores, Dra. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Dr. Fernando Baldi e Dr. Henner Simianer, por todas as colaborações com a minha formação;

Ao Centro APTA Bovinos de Corte - Instituto de Zootecnia, pela disponibilização de dados para realização das pesquisas de mestrado e doutorado;

À professora Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque, pela oportunidade de fazer parte de seu projeto de pesquisa, pelos ensinamentos e colaborações;

À minha noiva, Daiane, com muito amor, pelo seu companheirismo, pela sua compreensão e solidariedade, pela prazerosa parceria pessoal e profissional, e por todos os anos que ainda viveremos juntos;

À primeira professora que tive na vida, minha mãe Valdirene, que sem sombra de dúvidas é a inspiração para o meu ideal de um dia ser professor;

Ao meu pai, Domingos e aos meus irmãos Diêime e Beatriz, por estabelecerem de maneira sólida o pilar necessário para a sustentação de qualquer pessoa, a família;

Ao irmão que a vida me proporcionou, Dr. Guilherme Venturini, que tanto me ajuda e incentiva desde meus primeiros dias em Jaboticabal. Sem ti, nada teria sido possível;

À todos os atuais e ex-integrantes do “Team Tonhati”, Daniel Jordan, Fernanda Tanamati, Alejandro Naudin, Camila Barros, Ana Claudia, Willian Galena, Valentina Roldán, Gabriela Steffani, Gregório Camargo, Rusbel Raul, Daniele Portela, Daniele Araújo, Larissa Zetouni, Patrícia Fonseca, Camila Urbano, Julia Pierucci, entre outros. Muito agradável o ambiente de trabalho ao lado de vocês;

À todos os colegas de departamento;

Aos membros da banca examinadora da qualificação, Dr. Daniel Jordan de Abreu Santos, Dr. Danísio Prado Munari, Dr. Roberto Carvalheiro e Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque pela atenção e por todas as contribuições;

Aos membros da banca examinador da defesa, Dr. Fábio Ricardo Pablos de Souza, Dra. Joslayne Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo, Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque e Dr. Marcos Eli Buzanskas, por fazerem parte da minha história na Pós-graduação, e por colaborarem com a etapa final desta etapa;

Ao Dr. Henner Simianer e sua equipe (Christian Reimer, Malena Erbe, Saber Qanbari, Reza Sharif, Amanda Nava, Anna Holthaus, Mahmood Gholami, Johannes Martini, Guiyan Ni; Mrs. Doering), que me recebeu e me deu todo o suporte durante o doutorado sanduiche na Alemanha;

À Alemanha, que me proporcionou tantas experiências boas, aprendizado e principalmente novas amizades (Marcelo Ganzella, Alex Viana, Johannes Martini, Juan David, Helga Pinent e sua família tão acolhedora);

À Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus de Jaboticabal, pelas portas abertas;

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp) pelo apoio financeiro concedido na forma de bolsa de estudos (Processo: 2012/24600-4);

A todos os professores pelos conhecimentos transmitidos, e pela colaboração com a minha formação.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Seleção.....	3
2.2 Assinaturas de seleção.....	5
2.3 Aplicação de assinaturas de seleção em populações bovinas (<i>Bos taurus</i>).....	7
3. MATERIAL E MÉTODOS	10
3.1 Programa experimental de seleção do rebanho Nelore do Instituto de Zootecnia	10
3.2 Genotipagem e controle de qualidade dos dados genômicos	12
3.3 Análises de estrutura de populações	13
3.4 Abordagens utilizadas na identificação de assinaturas de seleção	14
3.5 Identificação de genes e QTL nas assinaturas de seleção.....	19
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	20
4.1 Estrutura de populações	20
4.2 Assinaturas de seleção.....	23
4.3 Genes e QTL detectados nas assinaturas de seleção	31
5. CONCLUSÃO.....	37
REFERÊNCIAS.....	38

ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM TRÊS LINHAS DE BOVINOS NELORE SELECIONADOS PARA CARACTERÍSTICAS CRESCIMENTO

RESUMO - Análises de assinaturas de seleção são ferramentas úteis para identificação de padrões genômicos estabelecidos devido às interações humanas com animais domésticos. Em algumas situações, a estratificação dentro de uma raça permite a comparações genômicas entre subpopulações para elucidar assinaturas de seleção. O presente estudo teve o objetivo de analisar a estratificação existente em uma população experimental de bovinos da raça Nelore com três linhas de seleção e revelar assinaturas de seleção pertinentes à seleção direcional para aumento no peso ao sobreano. Para estes fins, foram utilizados animais genotipados com o painel de alta densidade de SNPs (Illumina® BovineHD beadchip – 777K), sendo 674 animais pertencentes à duas linhas mantidas sob seleção direcional para aumento do peso ao sobreano e 89 animais pertencentes a uma linha mantida sob seleção estabilizadora, baseada na mesma característica. A estratificação populacional foi avaliada pela análise de escalonamento multidimensional da matriz de distâncias genômicas e também pela análise da ancestralidade individual estimada a partir da matriz de marcadores. As assinaturas de seleção foram avaliadas com três métodos complementares, o índice de fixação de Wright (F_{ST}), a homozigose do haplótipo estendido entre populações (XP-EHH) e o escore de integração dos haplótipos (iHS). As diferentes abordagens utilizadas na avaliação da estrutura de populações apresentaram elevada consistência, revelando separação da população em três subgrupos que caracterizam as três diferentes linhas de seleção. A linha sob seleção estabilizadora apresenta-se como um grupo isolado, enquanto as linhagens mantidas sob seleção direcional apresentam certo nível de sobreposição. Os três métodos utilizados na identificação de assinaturas de seleção não apresentaram resultados coincidentes entre si, dado que não foram observadas intersecções entre as regiões consideradas assinaturas de seleção por cada um deles. No entanto, cada método revelou assinaturas de seleção em regiões genômicas abrangendo QTL bovinos de características de crescimento, previamente relatados na literatura, assim como genes envolvidos em funções biológicas relacionada ao metabolismo do crescimento.

Palavras-chave: Bovinos de corte, estrutura de populações, F_{ST} , iHS, varreduras seletivas, XP-EHH

SELECTION SIGNATURES IN THREE LINES OF NELLORE CATTLE SELECTED FOR GROWTH TRAITS

ABSTRACT - Analyses of selection signatures are valuable tools to identify genomic patterns formed by the interaction between humans and domestic animals. In some situations, the within-breed stratification enables genomic comparisons between groups of the same breed in order to study genetic mechanisms underlying given phenotypes under selection. The current study aimed to analyze the genomic stratification in an experimental population of Nellore cattle that keeps three selection lines, and highlight selection signatures pertinent to the practiced directional selection. To this end, was used a sample of animals genotyped with high density SNPs panel (Illumina® BovineHD beadchip – 777K), being 674 animals from two lines kept under directional selection for higher yearling body weight and 89 animals from one line kept under stabilizing selection based on the same trait. The population structure was assessed with multidimensional analysis based on the genomic distances matrix and with Admixture analyses based on genotype matrix. Selection signatures scans were based on three complementary methods the Wright's fixation index (F_{ST}), Cross Population Extended Haplotype Homozygosity (XP-EHH) and the integrated Haplotype score (iHS). The different approaches used in order to assess the population structure were largely consistent, revealing the population separation in three clusters equivalent to the three selection lines. The line under stabilizing selection was represented by an isolated cluster, whilst the lines under directional selection presented some overlapping level. The three applied methods of selection signatures presented no accordance regarding found selection signatures. However, each of them highlighted selection signatures co-localized with previously known QTL affecting growth traits, as such as some genes already known as having a metabolic function important to growth metabolism.

Keywords: Beef Cattle, Population structure, F_{ST} , iHS, selective sweep, XP-EHH

1. INTRODUÇÃO

A espécie bovina é representada por diversas raças e subgrupos adaptados e/ou selecionados para diferentes propósitos produtivos (trabalho, produção de carne e leite). A diversidade fenotípica dentro desta espécie tem propiciado um modelo biológico interessante para investigação de padrões genômicos estabelecidos pela seleção, denominados como assinaturas de seleção. A análise de assinaturas de seleção é uma ferramenta promissora na identificação de vestígios de seleção artificial, estabelecidos durante a domesticação e/ou formação de raças, que pode elucidar mecanismos genéticos relacionados a características morfológicas, fisiológicas e produtivas específicas de cada raça (QANBARI; SIMIANER, 2014).

Uma estratégia eficaz para identificação de assinaturas de seleção recente é a comparação entre populações que tenham passado por diferentes processos de seleção. Em bovinos, esta estratégia é amplamente aplicada para comparação de diferentes raças (HAYES et al., 2009; MACEACHERN et al., 2009; LIM et al., 2016). No entanto, existem casos em que, é possível a comparação de rebanhos de uma mesma raça para identificar assinaturas de seleção, devido à existência de estratificação populacional e diferenças fenotípicas entre os estratos. Em estudos dedicados à comparação entre subpopulações de bovinos Holstein sob seleção divergente, foi observado o estabelecimento de assinaturas de seleção em regiões genômicas abrigando *loci* de características quantitativas (QTL, “Quantitative Trait *Loc*”) para produção de leite e constituintes (SONSTEGARD et al., 2010; KIM et al., 2013).

Uma população experimental de bovinos Nelore é mantida pelo Centro APTA Bovinos de Corte - Instituto de Zootecnia, desde 1980, com três linhas de seleção para crescimento. Duas das linhas são mantidas sob seleção direcional para aumento do peso ao sobreano e uma terceira linha, denominada controle, tem sido mantida sob seleção estabilizadora para peso ao sobreano. Após quase quarenta anos de seleção, foram observadas acentuadas diferenças entre a linha sob seleção estabilizadora e as linhas sob seleção direcional, para pesos em diferentes idades,

medidas corporais, circunferência escrotal, características de qualidade de carcaça, entre outras (CYRILLO et al., 2000; MERCADANTE et al., 2003; BONILHA et al., 2008). Estudos prévios relataram comparações entre frequências alélicas em genes candidatos, entre as linhas sob seleção direcional e a linha controle (AYRES et al., 2010; SOUZA et al., 2010; CARDOSO et al., 2014; FONSECA et al., 2015). No entanto, a análise de assinaturas de seleção, realizada por meio de painéis densos de marcadores moleculares distribuídos por todo o genoma, corresponde a uma abordagem mais adequada para a identificação de regiões genômicas sob efeito da seleção nesta população.

A identificação de genes e regiões genômicas sob efeito da seleção permitirá compreender melhor a dinâmica das características selecionadas e pode proporcionar informações para trabalhos futuros. Assim, o objetivo do presente estudo foi: (1) avaliar o efeito da seleção na estrutura da população experimental de bovinos Nelore mantida pelo IZ; e (2) identificar assinaturas de seleção pertinentes à seleção direcional.

5. CONCLUSÃO

Os resultados do presente estudo evidenciam o efeito da seleção sobre a estrutura da população Nelore experimental, mantida pelo Instituto de Zootecnia, dado que as informações genômicas possibilitaram o agrupamento dos animais de acordo com o tipo de seleção a que cada linha tem sido submetida. Adicionalmente, existem regiões genômicas mais afetadas pela seleção para crescimento, que inclusive apresentam padrões genômicos diferenciados, característicos de assinaturas de seleção. A quantidade de assinaturas de seleção sobrepondo genes envolvidos em processos biológicos relacionados ao crescimento, assim como QTL conhecidos, avigora a evidência de efeito da seleção direcional sobre essas regiões. Genes que desempenham funções metabólicas importantes para o metabolismo de crescimento foram revelados por este estudo, motivando pesquisas futuras sobre associação destes aos fenótipos diferenciados entre os rebanhos, quanto a busca por mutações causais.

REFERÊNCIAS

- AKEY, J. M.; ZHANG, G.; ZHANG, K.; JIN, L.; SHRIVER, M. D. Interrogating a high-density SNP map for signatures of natural selection. **Genome Research**, Long Island, v. 12, n. 12, p. 1805–1814, 2002.
- ALEXANDER, D. H.; NOVENBRE, J.; LANGE, K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. **Genome Research**, Long Island, v. 19, n. 9, p. 1655–1664, 2009.
- ANDRÉS, A. M.; HUBISZ, M. J.; INDAP, A.; TORGERSO, D. G.; DEGENHARDT, J. D.; BOYKO, A. R.; GUTENKUNST, R. N.; WHITE, T. J.; GREEN, E. D.; BUSTAMANTE, C. D.; CLARK, A. G.; NIELSEN, R. Targets of balancing selection in the human genome. **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 26, n. 12, p. 2755–2764, 2009.
- AYRES, D. R.; SOUZA, F. R. P.; MERCADANTE, M. E. Z.; FONSECA, L. F. S.; TONHATI, H.; CYRILLO, J. N. S. G.; BONILHA, S. F. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Evaluation of TFAM and FABP4 gene polymorphisms in three lines of Nellore cattle selected for growth. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 4, p. 2050–2059, 2010.
- BAHBAHANI, H.; CLIFFORD, H.; WRAGG, D.; MBOLE-KARIUKI, M. N.; VAN TASSELL, C.; SONSTEGARD, T.; WOOLHOUSE, M.; HANOTTE, O. Signatures of Positive Selection in East African Shorthorn Zebu: A Genome-Wide Single Nucleotide Polymorphism Analysis. **Scientific reports**, Harvard, v. 5, 2015.
- BAMSHAD, M.; WOODING, S. P. Signatures of natural selection in the human genome. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 4, n. 2, p. 99–111, 2003.
- BARENDSE, W.; HARRISON, B. E.; BUNCH, R. J.; THOMAS, M. B.; TURNER, L. B. Genome Wide Signatures of Positive Selection: The Comparison of Independent Samples and the Identification of Regions Associated to Traits. **BMC Genomics**, London, v. 10, n. 1, p. 178, 2009.
- BOHMANOVA, J.; SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F. S. Characteristics of linkage disequilibrium in North American Holsteins. **BMC Genomics**, London, v. 11, n. 1, p. 421, 2010.

BOLORMAA, S.; NETO, L. R. P.; ZHANG, Y. D.; BUNCH, R. J.; HARRISON, B. E.; GODDARD, M. E.; BARENDSE, W. A genome-wide association study of meat and carcass traits in Australian cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 89, n. 8, p. 2297–309, 2011.

BONILHA, S. F. M.; TEDESCHI, L. O.; PACKER, I. U.; RAZOOK, A. G.; ALLEONI, G. F.; NARDON, R. F.; RESENDE, F. D. Evaluation of carcass characteristics of *Bos indicus* and tropically adapted *Bos taurus* breeds selected for postweaning weight. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 86, n. 8, p. 1770–1780, 2008.

BRAVERMAN, J. M.; HUDSON, R. R.; KAPLAN, N. L.; LANGLEY, C. H.; STEPHAN, W. The hitchhiking effect on the site frequency spectrum of DNA polymorphisms. **Genetics**, Austin, v. 140, n. 2, p. 783–796, 1995.

BROWNING, S. R.; BROWNING, B. L. Rapid and accurate haplotype phasing and missing-data inference for whole-genome association studies by use of localized haplotype clustering. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 81, n. 5, p. 1084–1097, 2007.

BULMER, M. G. The effect of selection on genetic variability: a simulation study. **Genetical Research**, London, v. 28, n. 2, p. 101–117, 1976.

BURGOS, S. A.; CANT, J. P. IGF-1 stimulates protein synthesis by enhanced signaling through mTORC1 in bovine mammary epithelial cells. **Domestic animal endocrinology**, New York, v. 38, n. 4, p. 211–21, maio 2010.

CARDOSO, D. F.; DE SOUZA, F. R. P.; DE CAMARGO, G. M. F.; FONSECA, P. D. da S.; FONSECA, L. F. S.; BRAZ, C. U.; BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; DE ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Polymorphism analysis in genes of the somatotropic axis in Nellore cattle selected for growth. **Gene**, Amsterdam, v. 545, n. 2, p. 215–219, 2014.

CHADT, A.; LEICHT, K.; DESHMUKH, A.; JIANG, L. Q.; SCHERNECK, S.; BERNHARDT, U.; DREJA, T.; VOGEL, H.; SCHMOLZ, K.; KLUGE, R.; ZIERATH, J. R.; HULTSCHIG, C.; HOEBEN, R. C.; SCHÜRMANN, A.; JOOST, H.-G.; AL-HASANI, H. *Tbc1d1* mutation in lean mouse strain confers leanness and protects from diet-induced obesity. **Nature Genetics**, New York, v. 40, n. 11, p. 1354–1359, 2008.

CHEN, Y.; GONDRO, C.; QUINN, K.; HERD, R. M.; PARNELL, P. F.; VANSELOW, B. Global gene expression profiling reveals genes expressed differentially in cattle with high and low residual feed intake. **Animal Genetics**, Oxford, v. 42, n. 5, p. 475–490, 2011.

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. Genome-wide association study of reproductive traits in Nelore heifers using Bayesian inference. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 47, p. 67, 2015.

CURI, R. A.; KRAUSKOPF, M. M.; HADLICH, J. C.; FORTES, M. R. S.; VANKAN, D. M.; SILVA, J. A. I. V.; OLIVEIRA, H. N. de; MOTA, M. D. S. da. Candidate SNPs for carcass and meat traits in Nelore animals and in their crosses with *Bos taurus*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 2, p. 294–301, 2012.

CYRILLO, J. N. S. G.; RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; BONILHA NETO, L. M.; RUGGIERI, A. C.; TONHATI, H. Effects of Post-Weaning Weight Selection on Body Measurements and Scrotal Perimeter in Nelore Males of Sertãozinho (SP). **Brazilian Journal of Animal Science**, Viçosa, v. 29, n. 2, p. 403–412, 2000.

DOKAS, J.; CHADT, A.; NOLDEN, T.; HIMMELBAUER, H.; ZIERATH, J. R.; JOOST, H. G.; AL-HASANI, H. Conventional Knockout of *Tbc1d1* in Mice Impairs Insulin- and AICAR-Stimulated Glucose Uptake in Skeletal Muscle. **Endocrinology**, Baltimore, v. 154, n. 10, p. 3502–3514, 2013.

DORAN, A. G.; BERRY, D. P.; CREEVEY, C. J. Whole genome association study identifies regions of the bovine genome and biological pathways involved in carcass trait performance in Holstein-Friesian cattle. **BMC genomics**, London, v. 15, p. 837, 2014.

FARIELLO, M.-I.; SERVIN, B.; TOSSER-KLOPP, G.; RUPP, R.; MORENO, C.; International Sheep Genomics Consortium; CRISTOBAL, M. S.; BOITARD, S.; Selection Signatures in Worldwide Sheep Populations. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 9, n. 8, p. e103813, 15 ago. 2014.

FLORI, L.; FRITZ, S.; JAFFRÉZIC, F.; BOUSSAHA, M.; GUT, I.; HEATH, S.; FOULLEY, J.-L.; GAUTIER, M. The genome response to artificial selection: a case study in dairy cattle. **PloS ONE**, San Francisco, v. 4, n. 8, p. e6595, 8 jan. 2009.

FLORI, L.; GONZATTI, M. I.; THEVENON, S.; CHANTAL, I.; PINTO, J.; BERTHIER, D.; ASO, P. M.; GAUTIER, M. A quasi-exclusive European ancestry in the Senepol tropical cattle breed highlights the importance of the slick locus in tropical adaptation. **PloS ONE**, San Francisco, v. 7, n. 5, 2012.

FLORI, L.; THEVENON, S.; DAYO, G. K.; SENOU, M.; SYLLA, S.; BERTHIER, D.; MOAZAMI-GOUDARZI, K.; GAUTIER, M. Adaptive admixture in the West African bovine hybrid zone: Insight from the Borgou population. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 23, p. 3241–3257, 2014.

FONSECA, P. D. da S.; DE SOUZA, F. R. P.; DE CAMARGO, G. M. F.; GIL, F. M. M.; CARDOSO, D. F.; ZETOUNI, L.; BRAZ, C. U.; BOLIGON, A. A.; BRANCO, R. H.; DE ALBUQUERQUE, L. G.; MERCADANTE, M. E. Z.; TONHATI, H. Association of ADIPOQ, OLR1 and PPARGC1A gene polymorphisms with growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meta Gene**, v. 4, p. 1–7, 2015.

FONTANESI, L.; GALIMBERTI, G.; CALÒ, D. G.; FRONZA, R.; MARTELLI, P. L.; SCOTTI, E.; COLOMBO, M.; SCHIAVO, G.; CASADIO, R.; BUTTAZZONI, L.; RUSSO, V. Identification and Association Analysis of Several Hundred Single Nucleotide Polymorphisms within Candidate Genes for Back Fat Thickness in Italian Large White Pigs Using a Selective Genotyping Approach. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 90, n. 8, p. 2450–2464, 2012.

FORBES, D.; JACKMAN, M.; BISHOP, A.; THOMAS, M.; KAMBADUR, R.; SHARMA, M. Myostatin auto-regulates its expression by feedback loop through Smad7 dependent mechanism. **Journal of Cellular Physiology**, Philadelphia, v. 206, n. 1, p. 264–272, 2006.

FORTES, M. R. S.; KEMPER, K.; SASAZAKI, S.; REVERTER, A.; PRYCE, J. E.; BARENDSE, W.; BUNCH, R.; MCCULLOCH, R.; HARRISON, B.; BOLORMAA, S.; ZHANG, Y. D.; HAWKEN, R. J.; GODDARD, M. E.; LEHNERT, S. A. Evidence for pleiotropism and recent selection in the PLAG1 region in Australian Beef cattle. **Animal Genetics**, Oxford, v. 44, n. 6, p. 636-647, 2013.

FORTES, M. R. S.; REVERTER, A.; HAWKEN, R. J.; BOLORMAA, S.; LEHNERT, S. A. Candidate genes associated with testicular development, sperm quality, and hormone levels of inhibin, luteinizing hormone, and insulin-like growth factor 1 in Brahman bulls. **Biology of Reproduction**, New York, v. 87, n. 3, p. 58, 2012.

GAO, X. F.; CHEN, W.; KONG, X. P.; XU, A. M.; WANG, Z. G.; SWEENEY, G.; WU, D. Enhanced susceptibility of Cpt1c knockout mice to glucose intolerance induced by a high-fat diet involves elevated hepatic gluconeogenesis and decreased skeletal muscle glucose uptake. **Diabetologia**, Berlin, v. 52, n. 5, p. 912–920, 2009.

GAUTIER, M.; FLORI, L.; RIEBLER, A.; JAFFRÉZIC, F.; LALOÉ, D.; GUT, I.; MOAZAMI-GOUDARZI, K.; FOULLEY, J.-L. A whole genome Bayesian scan for adaptive genetic divergence in West African cattle. **BMC genomics**, London, v. 10, p. 550, 2009.

GHOLAMI, M.; REIMER, C.; ERBE, M.; PREISINGER, R.; WEIGEND, A.; WEIGEND, S.; SERVIN, B.; SIMIANER, H. Genome Scan for Selection in Structured Layer Chicken Populations Exploiting Linkage Disequilibrium Information. **PloS one**, San Francisco, v. 10, n. 7, p. e0130497, 2015.

GRISART, B.; COPPIETERS, W.; FARNIR, F.; KARIM, L.; FORD, C.; BERZI, P.; CAMBISANO, N.; MNI, M.; REID, S.; SIMON, P.; SPELMAN, R.; GEORGES, M.; SNELL, R. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine *DGAT1* gene with major effect on milk yield and composition. **Genome research**, Long Island, v. 12, n. 2, p. 222–231, 2002.

GRISOLIA, A. B.; D'ANGELO, G. T.; NETO, L. R. P.; SIQUEIRA, F.; GARCIA, J. F. Myostatin (GDF8) single nucleotide polymorphisms in Nellore cattle. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 8, n. 82, p. 822–830, 2009.

GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES, I.; GOYACHE, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Malden, v. 126, n. 4, p. 327–332, 2009.

HAYES, B. J.; CHAMBERLAIN, A. J.; MACEACHERN, S.; SAVIN, K.; MCPARTLAN, H.; MACLEOD, I.; SETHURAMAN, L.; GODDARD, M. E. A genome map of divergent artificial selection between *Bos taurus* dairy cattle and *Bos taurus* beef cattle. **Animal Genetics**, Oxford, v. 40, n. 2, p. 176–184, 2009.

HILL, W. G.; ROBERTSON, A. Linkage disequilibrium in finite populations. **Theoretical and applied genetics**, Berlin, v. 38, n. 6, p. 226–31, jun. 1968.

HU, Z.-L.; PARK, C. A.; REECY, J. M. Developmental progress and current status of the Animal QTLdb. **Nucleic Acids Research**, London, v. 44, n. 1, p. 827–833, 2015.

HUANG, D. W.; SHERMAN, B. T.; LEMPICKI, R. A. Systematic and integrative analysis of large gene lists using DAVID bioinformatics resources. **Nature Protocols**, London, v. 4, n. 1, p. 44–57, 2009.

KEMPER, K. E.; SAXTON, S. J.; BOLORMAA, S.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Selection for complex traits leaves little or no classic signatures of selection. **BMC genomics**, London, v. 15, p. 246, 2014.

KIM, E.-S.; COLE, J. B.; HUSON, H.; WIGGANS, G. R.; VAN TASSELL, C. P.; CROOKER, B. A.; LIU, G.; DA, Y.; SONSTEGARD, T. S. Effect of artificial selection on runs of homozygosity in U.S. Holstein cattle. **PloS ONE**, San Francisco, v. 8, n. 11, 2013.

KIM, Y.; RYU, J.; WOO, J.; KIM, J. B.; KIM, C. Y.; LEE, C. Genome-wide association study reveals five nucleotide sequence variants for carcass traits in beef cattle. **Animal Genetics**, Oxford, v. 42, n. 4, p. 361–365, 2011.

KIM, Y.; STEPHAN, W. Detecting a local signature of genetic hitchhiking along a recombining chromosome. **Genetics**, Austin, v. 160, n. 2, p. 765–777, 2002.

KIMURA, M. Evolutionary rate at the molecular level. **Nature**, London, v. 217, n. 5129, p. 624–626, 1968.

KLUNGLAND, H.; VÅGE, D. I.; GOMEZ-RAYA, L.; ADALSTEINSSON, S.; LIEN, S. The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. **Mammalian genome**, New York, v. 6, n. 9, p. 636–639, 1995.

KÜHN, C.; THALLER, G.; WINTER, A.; BININDA-EMONDS, O. R. P.; KAUPPE, B.; ERHARDT, G.; BENNEWITZ, J.; SCHWERIN, M.; FRIES, R. Evidence for multiple alleles at the DGAT1 locus better explains a quantitative trait locus with major effect on milk fat content in cattle. **Genetics**, Austin, v. 167, n. 4, p. 1873–1881, 2004.

LAPORTA, J.; ROSA, G. J. M.; NAYA, H.; CARRIQUIRY, M. Liver functional genomics in beef cows on grazing systems: novel genes and pathways revealed. **Physiological Genomics**, Bethesda, v. 46, n. 4, p. 138–147, 2014.

LIM, D.; STRUCKEN, E. M.; CHOI, B. H.; CHAI, H. H.; CHO, Y. M.; JANG, G. W.; KIM, T.H.; GONDRO, C.; LEE, S. H. Genomic Footprints in Selected and Unselected Beef Cattle Breeds in Korea. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 11, n. 3, p. e0151324, 2016.

LUSH, J. L. **Animal breeding plans**. 3. ed. Ames: Iowa State College Press, 1945, p. 10-18.

MA, Y.; DING, X.; QANBARI, S.; WEIGEND, S.; ZHANG, Q.; SIMIANER, H. Properties of different selection signature statistics and a new strategy for combining them. **Heredity**, Edinburgh, v. 115, n. 5, p. 426–436, 2015.

MACEACHERN, S.; MCEWAN, J.; MCCULLOCH, A.; MATHER, A.; SAVIN, K.; GODDARD, M. Molecular evolution of the Bovini tribe (Bovidae, Bovinae): is there evidence of rapid evolution or reduced selective constraint in Domestic cattle? **BMC genomics**, London, v. 10, n. 1, p. 179, 2009.

McCLURE, M. C.; RAMEY, H. R.; ROLF, M. M.; MCKAY, S. D.; DECKER, J. E.; CHAPPLE, R. H.; KIM, J. W.; TAXIS, T. M.; WEABER, R. L.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J. F. Genome-wide association analysis for quantitative trait loci influencing Warner-Bratzler shear force in five taurine cattle breeds. **Animal Genetics**, Oxford, v. 43, n. 6, p. 662–673, 2012.

McPHERRON, A. C.; LEE, S. J. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 94, n. 23, p. 12457–12461, 1997.

MERCADANTE, M. E. Z.; PACKER, I. U.; RAZOOK, A. G.; CYRILLO, J. N. S. G.; FIGUEIREDO, L. A. Direct and correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 81, p. 376–384, 2003.

MERCADANTE, M. E. Z.; RAZOOK, A. G. Programa de melhoramento genético do Instituto de Zootecnia. In: PIRES, A. V. (2. Ed.). **Bovinocultura de corte**. Piracicaba: Fealq, 2010. p. 847-860.

MEYRE, D.; FARGE, M.; LECOEUR, C.; PROENCA, C.; DURAND, E.; ALLEGAERT, F.; TICHET, J.; MARRE, M.; BALKAU, B.; WEILL, J.; DELPLANQUE, J.; FROGUEL, P. R125W coding variant in TBC1D1 confers risk for familial obesity and contributes to linkage on chromosome 4p14 in the French population. **Human molecular genetics**, Oxford, v. 17, n. 12, p. 1798–802, 2008.

MOISÁ, S. J.; SHIKE, D. W.; GRAUGNARD, D. E.; RODRIGUEZ-ZAS, S. L.; EVERTS, R. E.; LEWIN, H. A.; FAULKNER, D. B.; BERGER, L. L.; LOOR, J. J. Bioinformatics analysis of transcriptome dynamics during growth in angus cattle longissimus muscle. **Bioinformatics and Biology Insights**, New York, v. 7, p. 253–270, 2013.

NIELSEN, R. Molecular signatures of natural selection. **Annual review of genetics**, Palo Alto, v. 39, p. 197–218, 2005.

NIELSEN, R.; HELLMANN, I.; HUBISZ, M.; BUSTAMANTE, C.; CLARK, A. G. Recent and ongoing selection in the human genome. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 8, n. 11, p. 857–868, 2007.

NISHIMURA, S.; WATANABE, T.; MIZOSHITA, K.; TATSUDA, K.; FUJITA, T.; WATANABE, N.; SUGIMOTO, Y.; TAKASUGA, A. Genome-wide association study identified three major QTL for carcass weight including the *PLAG1-CHCHD7* QTN for stature in Japanese Black cattle. **BMC Genetics**, London, v. 13, p. 40, 2012.

ODDY, V. H.; HERD, R. M.; MCDONAGH, M. B.; WOODGATE, R.; QUINN, C. A.; ZIRKLER, K. Effect of divergent selection for yearling growth rate on protein metabolism in hind-limb muscle and whole body of Angus cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 56, n. 3, p. 225–231, 1998.

OLEKSYK, T. K.; SMITH, M. W.; O'BRIEN, S. J. Genome-wide scans for footprints of natural selection. **Philosophical transactions of the Royal Society B**, London, v. 365, n. 1537, p. 185–205, 2010.

OLIVEIRA, P. S. N.; CESAR, A. S. M.; DO NASCIMENTO, M. L.; CHAVES, A. S.; TIZIOTO, P. C.; TULLIO, R. R.; LANNA, D. P. D.; ROSA, A. N.; SONSTEGARD, T. S.; MOURAO, G. B.; REECY, J. M.; GARRICK, D. J.; MUDADU, M. A.; COUTINHO, L. L.; REGITANO, L. C. A. Identification of Genomic Regions Associated with Feed Efficiency in Nelore Cattle. **BMC Genetics**, London, v. 15, n. 1, p. 100, 2014.

OLIVIERI, B. F. **Estudo de Associação entre Polimorfismos de Base Única com Características de Eficiência de Conversão, Consumo e Desempenho em Bovinos da Raça Nelore**. 2015. 63 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2015.

PENNINGS, P. S.; HERMISSON, J. Soft Sweeps III: The Signature of Positive Selection from Recurrent Mutation. **PLoS Genetics**, London, v. 2, n. 12, p. e186, 2006.

PETERS, S. O.; KIZILKAYA, K.; GARRICK, D. J.; FERNANDO, R. L.; REECY, J. M.; WEABER, R. L.; SILVER, G. A.; THOMAS, M. G. Bayesian Genome-Wide Association Analysis of Growth and Yearling Ultrasound Measures of Carcass Traits in Brangus Heifers. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 90, n. 10, p. 3398–3409, 2012.

PINTUS, E.; SORBOLINI, S.; ALBERA, A.; GASPA, G.; DIMAURO, C.; STERI, R.; MARRAS, G.; MACCIOTTA, N. P. P. Use of locally weighted scatterplot smoothing (LOWESS) regression to study selection signatures in Piedmontese and Italian Brown cattle breeds. **Animal Genetics**, Oxford, v. 45, n. 1, 2014.

PRITCHARD, J. K.; PICKRELL, J. K.; COOP, G. The genetics of human adaptation: hard sweeps, soft sweeps, and polygenic adaptation. **Current biology**, London, v. 20, n. 4, 2010.

PURCELL, S.; NEALE, B.; TODD-BROWN, K.; THOMAS, L.; FERREIRA, M. A. R.; BENDER, D.; MALLER, J.; SKLAR, P.; DE BAKKER, P. I. W.; DALY, M. J.; SHAM, P. C. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 81, n. 3, p. 559–575, 2007.

QANBARI, S.; PAUSCH, H.; JANSEN, S.; SOMEL, M.; STROM, T. M.; FRIES, R.; NIELSEN, R.; SIMIANER, H. Classic selective sweeps revealed by massive sequencing in cattle. **PLoS Genetics**, San Francisco, v. 10, n. 2, 2014.

QANBARI, S.; PIMENTEL, E. C. G.; TETENS, J.; THALLER, G.; LICHTNER, P.; SHARIFI, A. R.; SIMIANER, H. A genome-wide scan for signatures of recent selection in Holstein cattle. **Animal Genetics**, Oxford, v. 41, n. 4, p. 377–389, 2010.

QANBARI, S.; SIMIANER, H. Mapping signatures of positive selection in the genome of livestock. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 166, p. 133–143, 2014.

QANBARI, S.; STROM, T. M.; HABERER, G.; WEIGEND, S.; GHEYAS, A. A.; TURNER, F.; BURT, D. W.; PREISINGER, R.; GIANOLA, D.; SIMIANER, H. A high resolution genome-wide scan for significant selective sweeps: an application to pooled sequence data in laying chickens. **PloS ONE**, San Francisco, v. 7, n. 11, 2012.

R CORE TEAM (2013). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing; Vienna; Austria.

RAMEY, H. R.; DECKER, J. E.; MCKAY, S. D.; ROLF, M. M.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J. F. Detection of Selective Sweeps in Cattle Using Genome-Wide SNP Data. **BMC genomics**, London, v. 14, n. 1, p. 382, 2013.

RAMÍREZ, S.; MARTINS, L.; JACAS, J.; CARRASCO, P.; POZO, M.; CLOTET, J.; SERRA, D.; HEGARDT, F. G.; DIÉGUEZ, C.; LÓPEZ, M.; CASALS, N. Hypothalamic ceramide levels regulated by CPT1C mediate the orexigenic effect of ghrelin. **Diabetes**, New York, v. 62, n. 7, p. 2329–2337, 2013.

RANDHAWA, I. A. S.; KHATKAR, M. S.; THOMSON, P. C.; RAADSMA, H. W. Composite Selection Signals Can Localize the Trait Specific Genomic Regions in Multi-Breed Populations of Cattle and Sheep. **BMC genetics**, London, v. 15, n. 1, p. 34, 2014.

RANDHAWA, I. A. S.; KHATKAR, M. S.; THOMSON, P. C.; RAADSMA, H. W. A Meta-Assembly of Selection Signatures in Cattle. **PLOS ONE**, San Francisco, v. 11, n. 4, p. e0153013, 5 abr. 2016.

ROCHA, D.; BILLEREY, C.; SAMSON, F.; BOICHARD, D.; BOUSSAHA, M. Identification of the putative ancestral allele of bovine single-nucleotide polymorphisms. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 131, n. 6, p. 483–486, 2014.

ROLF, M. M.; TAYLOR, J. F.; SCHNABEL, R. D.; MCKAY, S. D.; MCCLURE, M. C.; NORTHCUTT, S. L.; KERLEY, M. S.; WEABER, R. L. Genome-wide association analysis for feed efficiency in Angus cattle. **Animal Genetics**, Oxford, v. 43, n. 4, p. 367–374, 2012.

ROTHAMMER, S.; SEICHTER, D.; FÖRSTER, M.; MEDUGORAC, I. A genome-wide scan for signatures of differential artificial selection in ten cattle breeds. **BMC genomics**, London, v. 14, p. 908, 2013.

RUBIN, C.-J.; ZODY, M. C.; ERIKSSON, J.; MEADOWS, J. R. S.; SHERWOOD, E.; WEBSTER, M. T.; JIANG, L.; INGMAN, M.; SHARPE, T.; KA, S.; HALLBÖÖK, F.; BESNIER, F.; CARLBORG, O.; BED'HOM, B.; TIXIER-BOICHARD, M.; JENSEN, P.; SIEGEL, P.; LINDBLAD-TOH, K.; ANDERSSON, L. Whole-Genome Resequencing Reveals Loci under Selection during Chicken Domestication. **Nature**, London, v. 464, n. 7288, p. 587–591, 2010.

RUI, L. Energy metabolism in the liver. **Comprehensive Physiology**, Bethesda, v. 4, n. 1, p. 177–197, 2014.

SAATCHI, M.; BEEVER, J. E.; DECKER, J. E.; FAULKNER, D. B.; FREETLY, H. C.; HANSEN, S. L.; YAMPARA-IQUISE, H.; JOHNSON, K. A.; KACHMAN, S. D.; KERLEY, M. S.; KIM, J.; LOY, D. D.; MARQUES, E.; NEIBERGS, H. L.; POLLAK, E. J.; SCHNABEL, R. D.; SEABURY, C. M.; SHIKE, D. W.; SNELLING, W. M.; SPANGLER, M. L.; WEABER, R. L.; GARRICK, D. J.; TAYLOR, J. F. QTLs associated with dry matter intake, metabolic mid-test weight, growth and feed efficiency have little overlap across 4 beef cattle studies. **BMC Genomics**, London, v. 15, 2014a.

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

SABETI, P. C.; REICH, D. E.; HIGGINS, J. M.; LEVINE, H. Z. P.; RICHTER, D. J.; SCHAFFNER, S. F.; GABRIEL, S. B.; PLATKO, J. V.; PATTERSON, N. J.; MCDONALD, G. J.; ACKERMAN, H. C.; CAMPBELL, S. J.; ALTSHULER, D.; COOPER, R.; KWIATKOWSKI, D.; WARD, R.; LANDER, E. S. Detecting recent positive selection in the human genome from haplotype structure. **Nature**, London, v. 419, n. 6909, p. 832–837, 2002.

SABETI, P. C.; SCHAFFNER, S. F.; FRY, B.; LOHMUELLER, J.; VARILLY, P.; SHAMOVSKY, O.; PALMA, A.; MIKKELSEN, T. S.; ALTSHULER, D.; LANDER, E. S. Positive natural selection in the human lineage. **Science**, New York, v. 312, n. 5780, p. 1614–20, 16 jun. 2006.

SABETI, P. C.; VARILLY, P.; FRY, B.; LOHMUELLER, J.; HOSTETTER, E.; COTSAPAS, C.; XIE, X.; BYRNE, E. H.; MCCARROLL, S. A.; GAUDET, R.; SCHAFFNER, S. F.; LANDER, E. S.; The International HapMap Consortium. Genome-wide detection and characterization of positive selection in human populations. **Nature**, London, v. 449, n. 7164, p. 913–918, 2007.

SAHANA, G.; GULDBRANDTSEN, B.; LUND, M. S. Genome-wide association study for calving traits in Danish and Swedish Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, n. 1, p. 479-486, 2011.

SCHWARZENBACHER, H.; DOLEZAL, M.; FLISIKOWSKI, K.; SEEFRIED, F.; WURMSER, C.; SCHLÖTTERER, C.; FRIES, R. Combining evidence of selection with association analysis increases power to detect regions influencing complex traits in dairy cattle. **BMC genomics**, London, v. 13, p. 48, 2012.

SEICHTER, D.; RUSS, I.; ROTHAMMER, S.; EDER, J.; FÖRSTER, M.; MEDUGORAC, I. SNP-based association mapping of the polled gene in divergent cattle breeds. **Animal Genetics**, Oxford, v. 43, n. 5, p. 595–598, 2012.

SERVICE, S.; DEYOUNG, J.; KARAYIORGOU, M.; ROOS, J. L.; PRETORIOUS, H.; BEDOYA, G.; OSPINA, J.; RUIZ-LINARES, A.; MACEDO, A.; PALHA, J. A.; HEUTINK, P.; AULCHENKO, Y.; OOSTRA, B.; VAN DUIJN, C.; JARVELIN, M.-R.; VARILO, T.; PEDDLE, L.; RAHMAN, P.; PIRAS, G.; MONNE, M.; MURRAY, S.; GALVER, L.; PELTONEN, L.; SABATTI, C.; COLLINS, A.; FREIMER, N. Magnitude and distribution of linkage disequilibrium in population isolates and implications for genome-wide association studies. **Nature Genetics**, New York, v. 38, n. 5, p. 556–560, 2006.

SHACKELFORD, S. D.; KOOHMARAIE, M.; CUNDIFF, L. V.; GREGORY, K. E.; ROHRER, G. A.; SAVELL, J. W. Heritabilities and phenotypic and genetic correlations for bovine postrigor calpastatin activity, intramuscular fat content, Warner-Bratzler shear force, retail product yield, and growth rate. **Journal of animal science**, Champaign, v. 72, n. 4, p. 857–863, 1994.

SILVA, R. M. O.; FRAGOMENI, B. O.; LOURENCO, D. A. L.; MAGALHÃES, A. F. B.; IRANO, N.; CARVALHEIRO, R.; CANESIN, R. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; BOLIGON, A. A.; BALDI, F. S.; MISZTAL, I.; ALBUQUERQUE, L. G. Accuracies of genomic prediction of feed efficiency traits using different prediction and validation methods in an experimental Nelore cattle population. **Journal of Animal Science**, Champaign, 2016.

SMITH, J. M.; HAIGH, J. The hitch-hiking effect of a favourable gene. **Genetical Research**, London, v. 23, n. 1, p. 23–35, 1974.

SOMAVILLA, A. L.; SONSTEGARD, T. S.; HIGA, R. H.; ROSA, A. N.; SIQUEIRA, F.; SILVA, L. O. C.; TORRES JÚNIOR, R. A. A.; COUTINHO, L. L.; MUDADU, M. A.; ALENCAR, M. M.; REGITANO, L. C. A. A genome-wide scan for selection signatures in Nellore cattle. **Animal Genetics**, Oxford, v. 45, n. 6, p. 771–781, 2014.

SONSTEGARD, T. S.; MA, L.; VAN TASSELL, C. P.; KIM, E.-S.; COLE, J. B.; WIGGANS, G. R.; CROOKER, B. A.; MARIANI, B. D.; MATUKUMALLI, L. K.; GARBE, J. R.; FAHRENKRUG, S. C.; LIU, G.; DA, Y. Forty years of artificial selection in U.S. Holstein cattle had genome-wide signatures. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 9., 2010, Leipzig, Germany. **Proceedings...** 2010.

SOUZA, F. R. P.; MERCADANTE, M. E. Z.; FONSECA, L. F. S.; FERREIRA, L. M. S.; REGATIERI, I. C.; AYRES, D. R.; TONHATI, H.; SILVA, S. L.; RAZOOK, A. G.; ALBUQUERQUE, L. G. Assessment of *DGAT1* and *LEP* gene polymorphisms in three Nelore (*Bos indicus*) lines selected for growth and their relationship with growth and carcass traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, n. 2, p. 435–441, 2010.

STELLA, A.; AJMONE-MARSAN, P.; LAZZARI, B.; BOETTCHER, P. Identification of selection signatures in cattle breeds selected for dairy production. **Genetics**, Austin, v. 185, n. 4, p. 1451–1461, 2010.

STONE, S.; ABKEVICH, V.; RUSSELL, D. L.; RILEY, R.; TIMMS, K.; TRAN, T.; TREM, D.; FRANK, D.; JAMMULAPATI, S.; NEFF, C. D.; ILIEV, D.; GRESS, R.; HE, G.; FRECH, G. C.; ADAMS, T. D.; SKOLNICK, M. H.; LANCHBURY, J. S.; GUTIN, A.; HUNT, S. C.; SHATTUCK, D. TBC1D1 is a candidate for a severe obesity gene and evidence for a gene/gene interaction in obesity predisposition. **Human Molecular Genetics**, Oxford, v. 15, n. 18, p. 2709–2720, 2006.

SZPIECH, Z. A.; HERNANDEZ, R. D. selscan: an efficient multithreaded program to perform EHH-based scans for positive selection. **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 31, n. 10, p. 2824–2827, 2014.

TONO-OKA, S.; TANASE, S.; MIIKE, T.; TANAKA, H. Transient expression of collagen type XIV during muscle development and its reappearance after denervation and degeneration. **Journal of Histochemistry & Cytochemistry**, Baltimore, v. 44, n. 8, p. 907–918, 1996.

TURNER, S.; ARMSTRONG, L. L.; BRADFORD, Y.; CARLSON, C. S.; CRAWFORD, D. C.; CRENSHAW, A. T.; DE ANDRADE, M.; DOHENY, K. F.; HAINES, J. L.; HAYES, G.; JARVIK, G.; JIANG, L.; KULLO, I. J.; LI, R.; LING, H.; MANOLIO, T. A.; MATSUMOTO, M.; MCCARTY, C. A.; MCDAVID, A. N.; MIREL, D. B.; PASCHALL, J. E.; PUGH, E. W.; RASMUSSEN, L. V.; WILKE, R. A.; ZUVICH, R. L.; RITCHIE, M. D. Quality control procedures for genome-wide association studies. *Current protocols in human genetics*, Chapter 1, p. Unit1.19, 2011.

URBINATI, I.; STAFUZZA, N. B.; OLIVEIRA, M. T.; CHUD, T. C. S.; HIGA, R. H.; REGITANO, L. C. de A.; DE ALENCAR, M. M.; BUZANSKAS, M. E.; MUNARI, D. P. Selection signatures in Canchim beef cattle. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, London, v. 7, p. 29, 2016.

UTSUNOMIYA, Y. T.; PÉREZ O'BRIEN, A. M.; SONSTEGARD, T. S.; SÖLKNER, J.; GARCIA, J. F. Genomic Data as the “hitchhiker’s Guide” to Cattle Adaptation: Tracking the Milestones of Past Selection in the Bovine Genome. **Frontiers in genetics**, Lausanne, v. 6, p. 36, 2015.

UTSUNOMIYA, Y. T.; PÉREZ O'BRIEN, A. M.; SONSTEGARD, T. S.; VAN TASSELL, C. P.; DO CARMO, A. S.; MÉSZÁROS, G.; SÖLKNER, J.; GARCIA, J. F. Detecting Loci under Recent Positive Selection in Dairy and Beef Cattle by Combining Different Genome-Wide Scan Methods. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 8, n. 5, p. 1–11, 2013.

VAZQUEZ, A. I.; BATES, D. M.; ROSA, G. J. M.; GIANOLA, D.; WEIGEL, K. A. Technical note: an R package for fitting generalized linear mixed models in animal breeding. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, n. 2, p. 497–504, 2010.

VEERKAMP, R. F.; COFFEY, M. P.; BERRY, D. P.; DE HAAS, Y.; STRANDBERG, E.; BOVENHUIS, H.; CALUS, M. P. L.; WALL, E. Genome-wide associations for feed utilisation complex in primiparous Holstein-Friesian dairy cows from experimental research herds in four European countries. **Animal**, Cambridge, v. 6, n. 11, p. 1738–1749, 2012.

VENERONI-GOUVEIA, G.; MEIRELLES, S. L.; GROSSI, D. A.; SANTIAGO, A. C.; SONSTEGARD, T. S.; YAMAGISHI, M. E. B.; MATUKUMALLI, L. K.; COUTINHO, L. L.; ALENCAR, M. M.; OLIVEIRA, H. N.; REGITANO, L. C. A. Whole-genome analysis for backfat thickness in a tropically adapted, composite cattle breed from Brazil. **Animal Genetics**, Oxford, v. 43, n. 5, p. 518–524, 2012.

VITTI, J. J.; GROSSMAN, S. R.; SABETI, P. C. Detecting natural selection in genomic data. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v. 47, p. 97–120, 2013.

VOIGHT, B. F.; KUDARAVALLI, S.; WEN, X.; PRITCHARD, J. K. A map of recent positive selection in the human genome. **PLoS Biology**, San Francisco, v. 4, n. 3, 2006.

WAGH, K.; BHATIA, A.; ALEXE, G.; REDDY, A.; RAVIKUMAR, V.; SEILER, M.; BOEMO, M.; YAO, M.; CRONK, L.; NAQVI, A.; GANESAN, S.; LEVINE, A. J. Lactase Persistence and Lipid Pathway Selection in the Maasai. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 7, n. 9, 2012.

WANG, X.; WURMSER, C.; PAUSCH, H.; JUNG, S.; REINHARDT, F.; TETENS, J.; THALLER, G.; FRIES, R. Identification and dissection of four major QTL affecting milk fat content in the German Holstein-Friesian population. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 7, n. 7, 2012.

WANG, Y.; XU, H.-Y.; GILBERT, E. R.; PENG, X.; ZHAO, X.-L.; LIU, Y.-P.; ZHU, Q. Detection of SNPs in the TBC1D1 gene and their association with carcass traits in chicken. **Gene**, Amsterdam, v. 547, n. 2, p. 288–294, 2014.

WEIR, B. S. **Genetic data analysis ii : methods for discrete population genetic data**. Sunderland Mass.: Sinauer Associates, 1996.

WIENER, P.; BURTON, D.; AJMONE-MARSAN, P.; DUNNER, S.; MOMMENS, G.; NIJMAN, I. J.; RODELLAR, C.; VALENTINI, A.; WILLIAMS, J. L. Signatures of selection? Patterns of microsatellite diversity on a chromosome containing a selected locus. **Heredity**, Edinburgh, v. 90, n. 5, p. 350–358, 2003.

WIZA, C.; CHADT, A.; BLUMENSATT, M.; KANZLEITER, T.; HERZFELD DE WIZA, D.; HORRIGHS, A.; MUELLER, H.; NASCIMENTO, E. B. M.; SCHÜRMANN, A.; AL-HASANI, H.; OUWENS, D. M. Over-expression of PRAS40 enhances insulin sensitivity in skeletal muscle. **Archives of Physiology and Biochemistry**, Lisse, v. 120, n. 2, p. 64–72, 2014.

WOLFGANG, M. J.; KURAMA, T.; DAI, Y.; SUWA, A.; ASAUMI, M.; MATSUMOTO, S.-I.; CHA, S. H.; SHIMOKAWA, T.; LANE, M. D. The brain-specific carnitine palmitoyltransferase-1c regulates energy homeostasis. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 103, n. 19, p. 7282–7287, 2006.

WRIGHT, S. THE GENETICAL STRUCTURE OF POPULATIONS. **Annals of Eugenics**, v. 15, n. 1, p. 323–354, 1949.

YATES, A.; AKANNI, W.; AMODE, M. R.; BARRELL, D.; BILLIS, K.; CARVALHO-SILVA, D.; CUMMINS, C.; CLAPHAM, P.; FITZGERALD, S.; GIL, L.; GIRÓN, C. G.; GORDON, L.; HOURLIER, T.; HUNT, S. E.; JANACEK, S. H.; JOHNSON, N.; JUETTEMANN, T.; KEENAN, S.; LAVIDAS, I.; MARTIN, F. J.; MAUREL, T.; MCLAREN, W.; MURPHY, D. N.; NAG, R.; NUHN, M.; PARKER, A.; PATRICIO, M.; PIGNATELLI, M.; RAHTZ, M.; RIAT, H. S.; SHEPPARD, D.; TAYLOR, K.; THORMANN, A.; VULLO, A.; WILDER, S. P.; ZADISSA, A.; BIRNEY, E.; HARROW, J.; MUFFATO, M.; PERRY, E.; RUFFIER, M.; SPUDICH, G.; TREVANION, S. J.; CUNNINGHAM, F.; AKEN, B. L.; ZERBINO, D. R.; FLICEK, P. Ensembl 2016. **Nucleic Acids Research**, 2015. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1093/nar/gkv1157>>.

ZHAO, F.; MCPARLAND, S.; KEARNEY, F.; DU, L.; BERRY, D. P. Detection of Selection Signatures in Dairy and Beef Cattle Using High-Density Genomic Information. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 47, n. 1, p. 49, 2015.