

ACCEPTED MANUSCRIPT

Desmistificando a avaliação genética animal

José Lindenberg Rocha Sarmento; Ana Paula Soares e Silva Matias; Bruna Lima Barbosa; Dayane Pereira de Castro



Referência: v.25, n.1-2, p.26-35, 2023.

A ser publicado em: Revista Científica de Produção Animal

Favor citar este artigo como: Sarmento, J. L. R., Matias, A. P. S. S., Barbosa, B. L., Castro, D. P., Desmistificando a avaliação genética animal. Revista Científica de Produção Animal, v.25, n.1-2, p.26-35, 2023.

Este é um arquivo PDF de um manuscrito não editado que foi aceito para publicação. Como um serviço aos nossos clientes, estamos fornecendo esta versão preliminar do manuscrito. O manuscrito passará por edição, composição e revisão antes de ser publicado em sua forma final. Observe que, durante o processo de produção, podem ser encontrados erros que podem afetar o conteúdo, e todas as isenções de responsabilidade legais aplicáveis à revista são válidas.

Desmistificando a avaliação genética animal

José Lindenberg Rocha Sarmento^{1*}
Ana Paula Soares e Silva Matias¹
Bruna Lima Barbosa¹
Dayane Pereira de Castro¹

¹Universidade Federal do Piauí

RESUMO

A avaliação genética animal é uma prática antiga, mas que foi se aprimorando ao longo dos anos. Inicialmente, o uso de fenótipos e pedigree trouxe importantes resultados produtivos e foram a base do melhoramento genético clássico. Contudo, o acesso às informações genômicas revolucionou a produção animal quando possibilitou avanços nas avaliações genéticas, especialmente para características de difícil mensuração. Assim, embora os princípios da avaliação animal continuem a considerar a escrituração zootécnica como ferramenta essencial, a genômica ampliou o progresso genético e potencializou a produção animal para as principais espécies de interesse econômico, assim como trouxe novos desafios, considerando que sua implementação nos programas de melhoramento genético não é uma realidade para todos os países e espécies animais. Apesar disso, o desenvolvimento de novas pesquisas e metodologias trouxe novas perspectivas no sentido de aumentar o ganho genético ao tempo em que reduz os custos de execução da avaliação genética dentro dos programas de melhoramento.

Palavras-chave: melhoramento genético, acurácia, genômica, produção animal, pecuária

Demystifying animal genetic evaluation

ABSTRACT

Animal genetic evaluation is an ancient practice, but it has improved over the years. Initially, the use of phenotypes and pedigree brought important productive results and formed the basis of classical genetic improvement. However, access to genomic information revolutionized animal production when it enabled advances in genetic evaluations, especially for traits that are difficult to measure. Thus, although the principles of animal evaluation continue to consider zootechnical bookkeeping as an essential tool, genomics has expanded genetic progress and boosted animal production for the main species of economic interest, as well as brought new challenges, considering that its implementation in genetic improvement programs is not a reality for all countries and species. Despite this, the development of new research and methodologies has brought new perspectives in terms of increasing the genetic gain while reducing the costs of performing genetic evaluation within breeding programs.

Key words: genetic improvement, accuracy, genomics, animal production, livestock

INTRODUÇÃO

A seleção de animais para fins de produção não é uma prática recente. Alguns marcos importantes nesse processo foram as descobertas de Gregor Mendel, em 1866, sobre os princípios da herança genética (Tsairidou et al., 2020) e o advento da Metodologia de Modelos Mistos proposta por Charles Henderson (1976) para a obtenção do BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), cujos resultados contribuíram significativamente para os ganhos genéticos em características de interesse animal.



Inicialmente, o uso da metodologia BLUP foi amplamente aplicada para a predição de valores genéticos baseados em fenótipos e pedigree. No entanto, com os avanços na genética molecular, a seleção genômica passou a ser utilizada de maneira mais eficiente para características de difícil mensuração, baixa herdabilidade ou que se manifestam tardiamente na vida do indivíduo (Ibtisham et al., 2017).

Alguns dos avanços mais importantes para o uso generalizado de informações provenientes do material genético foram a metodologia de Seleção genômica (GS) (Meuwissen et al., 2001), a identificação de milhares de marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) ou polimorfismo de base única, e da tecnologia de genotipagem SNP-chip, que tornou a genotipagem em larga escala viável (Meuwissen et al., 2016), bem como os avanços na área de estatística e bioinformática (Tsairidou et al., 2020), que possibilitaram a descoberta de genes associados a características de interesse, desde 2001 (Meuwissen et al., 2016).

O aumento da produção em termo de quantidade e qualidade é uma realidade para muitos rebanhos. Estes resultados estão fortemente atrelados ao uso de novas tecnologias através do estabelecimento de programas de melhoramento animal (Obsteter et al., 2019). Ademais, ao se considerar a expansão da população humana e o aumento da demanda por proteína de origem animal, a utilização de animais mais eficientes é cada vez mais necessária por contribuir diretamente para a sustentabilidade econômica e ambiental, visto que reduz o uso de insumos e recursos naturais, sem comprometer o desempenho animal (Dilorenzo e Lamb, 2012; Grion et al., 2014).

Neste trabalho, discutiremos os aspectos relacionados a avaliação genética e seleção de animais para fins reprodutivos, as principais metodologias que foram surgindo, os ganhos genéticos obtidos para espécies de interesse econômico, assim como os desafios e perspectivas associados ao uso da genômica e o desenvolvimento de programas de melhoramento genético.

AValiação Genética na Pecuária

Breve histórico sobre a avaliação animal

A avaliação genética animal é uma das etapas mais importantes em programas de melhoramento genético por permitir a identificação de animais melhoradores que serão utilizados como pais numa próxima geração. Visa assessorar produtores com o objetivo de aumentar e otimizar a produção em termos de quantidade e qualidade (Yokoo et al., 2019). Para isso, se faz necessário utilizar metodologias para acessar a informação genética dos animais e facilitar a seleção genética. Nesse contexto, não existe uma metodologia boa ou ruim, mas aquela que melhor se encaixa aos objetivos e condições do produtor.

De acordo com Kinghorn et al. (2006), qualquer programa de melhoramento genético animal tem que responder a questões como: para onde ir? e como chegar lá? Segundo esses autores, a resposta para estas questões envolve a definição dos objetivos do programa, das características a serem melhoradas, assim como a importância econômica destas, o que medir, o método a ser empregado para predizer o valor genético dos animais, a seleção e o sistema de acasalamento a ser implementado, no qual pode-se adotar diferentes técnicas reprodutivas.

Um aspecto a ser destacado na evolução do melhoramento genético animal é a separação dos componentes genético e ambiental, visto que tanto a genética como o ambiente contribuem na expressão de fenótipos de interesse, ainda mais quando a interação genótipo-ambiente causa variações genéticas e fenotípicas, ocasionando mudanças nos critérios de seleção, a depender do ambiente em que o animal está inserido (Carneiro et al., 2006; Faria et al., 2011). Por esse motivo, a correspondência perfeita entre fenótipo e genética para características de importância econômica não existe, principalmente, quando o ambiente de seleção é diferente do ambiente de criação, como ocorre em feiras e exposições agropecuárias e criação a pasto. Na verdade, não existe um padrão visual que ateste a qualidade genética de um animal, pois genótipos superiores em um dado ambiente pode não ser em outro, principalmente quando diferem em condições climáticas, alimentação, sanidade e manejo.

O grande problema inerente a predição de valores genéticos a partir do fenótipo é que as informações são coletadas em animais submetidos a diferentes condições ambientais (também chamados de efeitos fixos), como ano de nascimento, rebanhos, grupos de manejo, sexo e tipos de parto, como por exemplo, animais nascidos de partos simples e duplos (como ocorre em caprinos e ovinos). Assim, como proceder para comparar o mérito genético de animais criados em ambientes distintos? Esta situação requer que, antes do emprego de qualquer método para predizer valores genéticos, os fenótipos sejam corrigidos para os efeitos a fim de se obter uma predição acurada dos valores genéticos dos animais. Entretanto, de acordo com Kinghorn et al. (2006), a correção para efeitos fixos pode levar a erros na predição dos valores genéticos, o que não é desejável, pois o objetivo principal é predizer os valores genéticos sem a influência de efeitos fixos.

Para contornar a problemática da correção dos efeitos fixos, deve-se empregar metodologias que considerem os efeitos fixos que influenciaram os animais para os quais os valores genéticos serão preditos. Para isso, pode-se fazer uso da metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP (Henderson, 1973), que representa o valor genético dos animais. Este método permite que os valores genéticos sejam preditos de forma não-viesada, por considerar, simultaneamente, a correção para os efeitos fixos e a predição dos valores genéticos de cada animal. Para empregar esta metodologia pressupõe-se o conhecimento dos componentes de variâncias e covariâncias para as características de interesse. Entretanto, em geral, esses componentes têm sido estimados a partir dos próprios fenótipos e das relações de parentesco, por meio de diferentes metodologias de estimação de componentes de variância e covariância, como a Máxima Verossimilhança Restrita e os métodos baseados em inferência Bayesiana.

O advento da metodologia de modelos Mistos, proposta por Henderson (1973), foi uma grande revolução na área de melhoramento genético animal e veio para facilitar o processo de avaliação genética, para predição de valores genéticos aditivos (EBVs). Os EBVs são, normalmente, expressos em forma de DEP (Diferença Esperada na Progênie) ou PTA (Habilidade de Transmissão Predita), cujos resultados podem ser

interpretados e aplicados para a melhoria de diversas características de interesse econômico (Pereira, 2004).

Segundo Bergmann (1995) existem vários tipos de modelos que podem ser empregados na metodologia de modelos mistos. O mais comum e utilizado nos últimos anos, é o modelo animal, que é um modelo misto no qual é incluso, além dos efeitos fixos, o efeito do próprio animal, ou seja, a equação para uma observação contém um termo referente ao valor genético do animal que produziu a observação (Martins et al., 1997), o que permite prever o valor genético do animal.

A metodologia de modelos mistos, associada ao modelo animal, apresenta importantes qualidades para o incremento do melhoramento genético animal (Adaptado de Gama et al., 2004): ao utilizar a matriz de parentesco completa (da geração base até a geração atual), o valor genético de um indivíduo é predito com base na informação de todos os seus parentes, o que não acontece nos índices de seleção tradicionais, dado que apenas as informações de alguns parentes eram levadas em consideração; o valor genético predito de um animal leva em consideração o mérito genético dos indivíduos com quem é acasalado, por exemplo, o valor genético para um reprodutor, predito a partir das produções das filhas não é beneficiado ou prejudicado se for acasalado com fêmeas superiores ou inferiores à média do rebanho; os valores genéticos são preditos levando em conta os efeitos fixos, ou seja, as predições de valores genéticos são corretamente ajustadas para os efeitos fixos que afetam a produção (fenótipo); a base genética de comparação é a mesma para todos os animais, com o modelo animal estabelece-se uma base à qual todos os valores de acurácia preditos são expressos como desvios; as alterações na variabilidade genética da população (devida à consanguinidade e seleção) são consideradas ao ser incluída a matriz de parentesco completa entre os animais na análise.

Os avanços nos métodos e modelos estatísticos foram imprescindíveis para o aprimoramento da seleção genética animal, pois permitiu uma avaliação genética mais assertiva.

Avaliar geneticamente por quê?

A avaliação genética é o início para o processo da seleção genética. É através desse procedimento que o produtor poderá tomar decisões visando o progresso genético contínuo e aumento da produtividade de seu rebanho. É uma medida que diz respeito ao que será transmitido dos pais para os filhos (Yokoo et al., 2019), de maneira que também influencia na interação genótipo e fenótipo, ou seja, quanto maior for a herdabilidade, maior será essa interação.

Para isso, faz-se necessário utilizar um conjunto de dados, que submetido a sofisticados métodos genético-estatísticos, resulta em respostas. Essas respostas são os valores gerados pelas avaliações genéticas dos animais que, retornando aos produtores, permite que eles façam a seleção e o descarte adequado do seu rebanho, bem como a definição dos acasalamentos (Yokoo et al., 2019). A confiança nas DEPs estimadas é medida pela acurácia de predição, a qual depende da quantidade de informações disponíveis para a predição.

De posse das DEPs, os criadores, empresas prestadoras de serviços e técnicos podem proceder à identificação dos melhores animais, conforme os

objetivos previamente determinados. Dessa forma, a cada ano, a fazenda conseguirá reter sua melhor genética, gerando incremento aditivo em seu rebanho. A consequência disso é a obtenção, a cada ano, de animais cada vez mais precoces, com eficiência produtiva e reprodutiva, em função do aumento crescente da qualidade genética. Essas mensurações devem ser realizadas continuamente (Yokoo et al., 2019).

Contudo, cabe destacar que uma avaliação genética eficiente está intimamente relacionada a uma boa escrituração zootécnica, para que os resultados esperados em relação às estimativas genéticas gerem valores genéticos confiáveis, o que confere maior rentabilidade financeira para o produtor (Yokoo et al., 2019). Esses registros envolvem dados de fenótipos, pedigree e, se possível, genótipos, agrupados em um conjunto de informações sobre um rebanho de uma fazenda ou de várias fazendas (Schmidek et al., 2009). Além de viabilizar a avaliação genética, os dados organizados permitirão melhor gestão dos animais (Yokoo et al., 2019), bem como do meio externo a eles, auxiliando na detecção de problemas e orientando as possíveis soluções (Schmidek et al., 2009).

Dessa forma, a implementação de um programa de melhoramento genético em que se alia uma boa estruturação zootécnica por meio de anotações, em planilhas ou softwares, a exemplo do CAPRIOVI (Borges et al., 2017), ou pela utilização de sistemas computacionais inteligentes para a predição automatizada de características, pode contribuir para aumentar a precisão e a agilidade na mensuração dos fenótipos, o que é importante quando se considera a relevância do fenótipo para o entendimento da base genética de um rebanho (Mrode et al., 2018).

Condições ambientais adequadas, objetivos e critérios de seleção bem definidos, avaliação genética apropriada, fundamentada na junção do máximo de informações de fenótipos, pedigree e de genótipos, e um bom sistema de acasalamento são pontos cruciais que contribuem para o sucesso de um programa de melhoramento e garantam a obtenção de maiores ganhos genéticos para características de interesse econômico e maiores avanços nos sistemas produtivos.

Avaliação genética animal na era genômica

Até o início do século XXI, grande parte das avaliações genéticas em diferentes programas de melhoramento genético animal tinha como base o uso de fenótipos e pedigree como fontes de informação, o que passou a ser chamada de avaliação genética tradicional. Porém, ao se considerar fenótipos para características de difícil mensuração ou de baixa herdabilidade, bem como as que se manifestam tardiamente na vida dos animais, a eficiência desse método diminuiu (Eggen, 2012), principalmente se o rebanho analisado apresentar um número pequeno de informações. Outro problema associado é que para avaliações genéticas mais acuradas são necessários a coleta de fenótipos nos filhos, o que torna o processo mais lento (Ibtisham et al., 2017). Uma possibilidade de melhorar as avaliações genéticas seria pela adição de outra fonte de informação que suprisse essa dificuldade. Assim, o uso de marcadores moleculares,

para acessar informações contidas no DNA, possibilitou incorporá-las nos modelos de avaliação, de modo a incorporar as avaliações genéticas.

As metodologias de predição genética avançaram, todavia, as avaliações tradicionais têm seu mérito e continuam sendo utilizadas de maneira eficiente na avaliação genética animal para muitas características de importância econômica em diferentes espécies. No entanto, com a facilidade de acesso às informações presentes no DNA houve a necessidade de ajuste nos modelos de avaliação genética, a fim de considerar diferentes fontes de informações que influenciam nas predições genéticas dos rebanhos (Akanno et al., 2017; Tsairidou et al., 2018), o que foi possível graças aos avanços nas pesquisas da área, a partir de meados dos anos 2000, conforme observa-se na Figura 1 (Önder e Tirink, 2022), que promoveu uma rápida produção de conhecimentos nesta temática. Desta maneira, o acréscimo da informação contida no DNA abriu espaço para o que foi chamado de “era genômica”, que veio a somar com os modelos tradicionais, onde o fenótipo e o pedigree são igualmente importantes para avaliação genética.

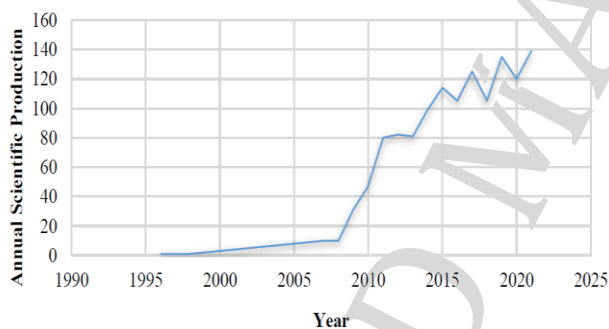


Figura 1. Produção científica anual sobre seleção genômica em ciência animal (Önder e Tirink, 2022).

Nesse contexto, foram desenvolvidos métodos de predição genômica, a exemplo dos métodos em múltiplos passos (*multi-step*), com destaque para os métodos Bayesianos e BLUP genômico (GBLUP) (Legarra et al., 2014), que possibilitaram a predição genômica para animais genotipados para vários polimorfismos de base única (Pértile et al., 2016), chamados de SNPs. Posteriormente, o método *single-step* GBLUP (ssGBLUP), que pode ser traduzido como BLUP genômico em passo único, foi amplamente estudado pelos pesquisadores e adotado nas avaliações recentes, por ser menos laborioso e, principalmente, pela possibilidade de prever o mérito genômico também de animais não-genotipados (Aguilar et al., 2010; Christensen e Lund, 2010; Legarra et al., 2009; Misztal et al., 2009).

O uso do método ssGBLUP é uma alternativa ao BLUP tradicional, de modo que utiliza informações de parentesco baseado em genealogia (Matriz A) e parentesco genômico (matriz G) para formação de uma matriz de parentesco conjugada (chamada de matriz H), que junto com as informações de registros produtivos é capaz de prever o valor genômico dos animais (Gama, 2023). É um dos métodos mais utilizados no mundo e que apresenta melhor acurácia preditiva em casos em que não se tem informações genômicas de todos os animais (Legarra et al., 2014; Pértile et al., 2016), como

acontece na maioria dos rebanhos em países subdesenvolvidos, como o Brasil.

A eficiência do uso desse método vem sendo demonstrada em pesquisas pelo aumento da acurácia de predição e do valor genético dos animais em características de difícil mensuração ou que se expressam tardiamente na vida dos animais, se comparado aos métodos tradicionais (Meuwissen et al., 2016). Campos et al. (2022), por meio de informações de bovinos Angus do programa de melhoramento Promebo®, observaram que a predição de acurácias com a utilização do ssGBLUP superaram as do BLUP tradicional para todas as características de crescimento avaliadas, com superioridade média de 16%. Melhorias na predição de acurácias com o ssGBLUP também foram observadas em estudos para características corporais lineares em bovinos de corte Hanwoo, com valores que variaram de 0,36 a 0,55, superando métodos como o GBLUP em 45% (Naserkheil et al., 2020).

Dessa forma, sabendo que a avaliação genética dentro de um programa de melhoramento é uma etapa anterior a seleção, torna-se importante definir quais metodologias e modelos se encaixam dentro de um contexto de produção, a fim de minimizar possíveis erros de predição e obter valores genéticos mais acurados, além de considerar que os resultados para esse feito são alcançados a longo prazo.

Potencialidades e desafios com o uso da genômica na pecuária

O entendimento de que as características de interesse econômico são determinadas por milhares de genes com pequenos efeitos sobre o fenótipo trouxe importantes mudanças na forma como a identificação do potencial genético de animais tem ocorrido. Nesse cenário, a genômica ganhou papel de destaque e impactou positivamente a avaliação genética, graças ao desenvolvimento da metodologia de seleção genômica, do acesso aos marcadores genéticos, especialmente os SNPs e da tecnologia de genotipagem para milhares de desses marcadores, de maneira mais econômica, por meio dos SNP-Chips (Meuwissen et al., 2016).

Com a evolução da genética molecular na década de 90, houve aprimoramento de estudos genéticos, se comparado ao uso apenas de informações fenotípicas, em virtude da descoberta de marcadores moleculares. Essa disponibilidade de marcadores resultou em pesquisas mais refinadas no mapeamento de características quantitativas, levando a identificação de QTLs (*loci* de características quantitativas) (Ferreira e Grattapaglia, 1998). Com isso, surgiram os estudos de Seleção Assistida por Marcadores (MAS), em que os genes subjacentes às características de interesse são mapeados, ou seja, os QTLs, e essas informações são posteriormente incluídas no BLUP (Fernando e Grossman, 1989).

No entanto, devido à complexidade das características de interesse na produção animal, a MAS não resultou em um uso generalizado de informações de DNA por só utilizar SNPs significativos em um estudo de GWAS (Meuwissen et al., 2016). Diferentemente, a GS utiliza milhares de marcadores SNPs dispostos por todo genoma, de modo que todos os QTLs deverão estar em desequilíbrio de ligação (LD) com pelo menos um marcador (Hayes e Goddard, 2010).

Desde a descoberta dos marcadores genéticos, muitos métodos foram utilizados na tentativa de estimar o efeito desses marcadores, com o objetivo de identificar aqueles que mais impactavam no fenótipo avaliado, contudo, não existe unanimidade, de modo que o método a ser utilizado dependerá do objetivo e da característica avaliada. Porém, é sabido que a predição do efeito dos marcadores é influenciada pela distribuição dos efeitos dos QTLs, da quantidade de informações fenotípicas disponíveis na população de referência (população com fenótipos e genótipos), da densidade e do tipo de marcador utilizado e da herdabilidade da característica (Meuwissen et al., 2001, 2013, 2016; Vanraden, 2008).

A GS, atualmente, é uma metodologia muito utilizada nos programas de melhoramento que utiliza SNPs amplamente distribuídos em todos os cromossomos para predição simultânea (sem uso de testes de significância para marcas individuais) dos efeitos genéticos dos marcadores, de pequenos e grandes efeitos, para explicar a variação genética de um caráter quantitativo (Meuwissen et al., 2001, 2016). Posteriormente, após a obtenção desses marcadores, seus efeitos são estimados e testados em uma população de validação, em que poderão ser selecionados os marcadores mais expressivos para o caráter em estudo e essa informação poderá contribuir para a etapa de seleção dentro de um programa de melhoramento (Resende et al., 2010).

A tecnologia de sequenciamento do DNA também foi um divisor de águas, pois possibilitou conhecer a sequência do genoma de diversas espécies e a identificação de milhares de marcadores SNPs (Meuwissen et al., 2016), ocasionando o desenvolvimento dos SNP-Chips, fundamental para a rápida evolução da GS, assim como possibilitou a realização do que foi chamado de estudos com GWAS (Dekkers, 2012).

A GS e a GWAS são hoje duas importantes ferramentas utilizadas, respectivamente, na avaliação genômica animal e no estudo da arquitetura genética de características de interesse econômico, cuja aplicação possibilitou a predição de valores genéticos genômicos (GEBV) e a identificação de marcadores com efeito significativo sobre a característica objeto de estudo, o que culminou com a busca e compreensão da arquitetura genética e identificação de regiões genômicas associadas a fenótipos de interesse (Bonnafous et al., 2018; Hayes, 2013).

A combinação de informações genômicas, fenotípicas e de pedigree aumentou a acurácia na avaliação animal, especialmente, para fenótipos que se expressam tardiamente ou em um único sexo, também para aquelas características de difícil mensuração (alto custo) ou que apresentam baixa herdabilidade, além de otimizar a seleção de animais jovens e diminuir o intervalo de gerações, aumentando o ganho genético (Carvalho et al., 2014; Ibtisham et al., 2017; Meuwissen et al., 2001; 2013; Vanraden, 2008).

A seleção genômica iniciou de maneira mais efetiva em países desenvolvidos (Rupp et al., 2016), embora sua utilização tenha crescido nos últimos anos, principalmente com a diminuição dos custos de genotipagem, o que pode ser percebido com o aumento da quantidade de animais genotipados na bovinocultura leiteira americana (Figura 2). Mesmo

assim, dentre os principais desafios para sua implementação, ainda podemos citar os custos com genotipagem e a formação de uma população de referência e validação, pois grande parte dos rebanhos possuem um número pequeno de animais genotipados (Meuwissen et al., 2016; Tsairidou et al., 2020). Todavia, se considerarmos que a maioria dos países subdesenvolvidos apresentam escassez de registros fenotípicos e de pedigree (Zvinorova et al., 2016), a seleção genômica continua sendo a melhor opção para acelerar o progresso genético dos rebanhos para características produtivas (Mrode et al., 2016).

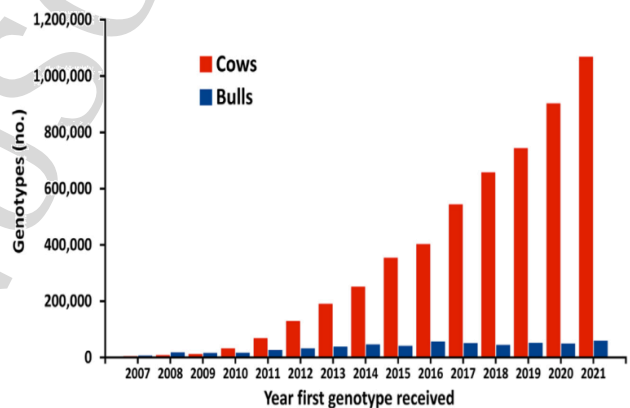


Figura 2. Número de genótipos de gado leiteiro enviados aos Estados Unidos por ano desde que o primeiro genótipo foi recebido (Wiggans e Carrillo, 2022).

A imputação de genótipos é uma técnica que tem sido utilizada para superar a barreira do custo sobre a genotipagem, em que são explorados haplótipos compartilhados entre indivíduos relacionados (Li et al., 2009), com isso, a partir do uso de genótipos imputados é possível construir painéis de alta densidade por meio de um painel SNP de baixa densidade, de menor custo, o que pode contribuir na implantação da seleção genômica, especialmente em espécies em que o custo com a genotipagem ainda é maior do que o valor econômico dos animais (Sena et al., 2020).

Dessa forma, apesar dos avanços alcançados ao longo de décadas, a seleção genômica ainda não é uma realidade para todas as espécies e países, principalmente pela falta de investimentos nessa área. Contudo, é inegável que ela otimizou o processo de seleção e garantiu importantes melhorias na produção animal, cujo desenvolvimento desses sistemas produtivos está atrelado especialmente ao investimento em melhoramento genético, pois as cadeias que mais investem são as que apresentam maior retorno econômico atualmente.

Contribuições do melhoramento genético na pecuária

As técnicas de melhoramento genético têm sido aplicadas há décadas de forma bem-sucedida na pecuária, visto que beneficiam a produção de diferentes espécies de interesse econômico, com destaque para os sistemas produtivos de bovinos, aves, ovinos, caprinos e suínos. Com relação aos bovinos, hoje, o Brasil é um dos principais produtores desse tipo de carne, devido aos investimentos tecnológicos que aumentaram a sua

produtividade e a qualidade dos produtos, o que permitiu a entrada no mercado competitivo, alcançando mais de 150 países importadores (EMBRAPA, 2017).

Ao comparar dados produtivos dos anos 90 com os atuais é notável o salto em termos de produção e produtividade quando analisamos características de interesse econômico. O progresso é oriundo do ganho genético promovido pela eficiência da seleção genética aplicada aos rebanhos, pois além de possibilitar maior ganho durante o ciclo produtivo, a genética é o único componente do fenótipo que pode ser transmitido por todos os demais ciclos produtivos de uma fazenda, de maneira cumulativa, aumentando a frequência de genes favoráveis (Koury Filho et al., 2010).

Em bovinos de corte, a produtividade de carne que anteriormente era de 1,6 arrobas/ha/ano, passou para 3,8 arrobas/ha/ano, indicando incrementos de 137,5%, ou seja, maior produção de carne por hectare. Esse aumento é resultado do uso de animais geneticamente superiores que conseguem converter pastagem em quilos de carne em menor período, resultando numa maior rentabilidade por área (Magnabosco et al., 2020). Weller et al. (2017) ressaltam que, em países desenvolvidos, como Alemanha, Canadá, Austrália e Estados Unidos, a seleção genômica impactou positivamente o melhoramento de bovinos leiteiros. Segundo os autores, a adoção dessa tecnologia nos principais países produtores de leite provocou mudanças significativas nas indústrias leiteiras, como maior ganho genético anual e menor intervalo de gerações.

Na Figura 3, que mostra a evolução e tendência do peso médio de carcaça e abate de bovinos no Brasil de 1997 a 2021, é notável o retorno dos investimentos em genética superior quando, em 2021, foram abatidos 8,37% de animais a menos em relação ao ano de 2020. No entanto, em volume de carne produzida, a redução foi de apenas 5,32%. Situação semelhante aconteceu em relação aos anos de 2019 e 2020, o que significa o aumento da eficiência produtiva devido aos investimentos em melhoramento genético.

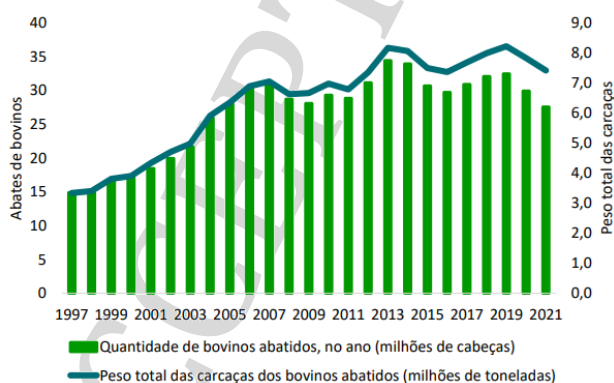


Figura 3. Evolução e tendência do peso médio carcaça de bovinos (IBGE/Elaboração: CNA – Comunicado Técnico, edição 10/2022.)

Na avicultura de corte, o melhoramento genético de frangos possibilitou grandes avanços produtivos. Segundo a Associação Brasileira de Proteína Animal (ABPA, 2021), a avicultura representa cerca de 1,5% do PIB nacional, gera quase 5 milhões de empregos e mais de \$6 bilhões em impostos. Esses resultados têm influência direta da introdução de novas tecnologias no

processo de produção com destaque para área da genética (Tavárez e de los Santos, 2016).

A genotipagem de candidatos a seleção sempre foi um desafio na espécie, devido à alta prolificidade, com isso, métodos de imputação foram cruciais para aliviar esse custo (Hickey et al., 2013), pois mesmo com razoável número de marcadores utilizados nos candidatos a seleção e imputados até 42K (42 mil marcadores SNPs), foi possível obter uma acurácia de predição de genótipos imputados de até 97% (Wang et al., 2013). A Figura 4 mostra a evolução no número de aves abatidas e a produção de carne no Brasil de 1997 a 2021, cujo último ano foi o maior da história, em que o peso médio foi de 2,366 quilos por ave abatida, valor esse superior a 30% do peso médio dos animais em 1997, resultado do manejo alimentar, sanidade e melhoramento genético.

Em suínos, no ano de 1990, o toucinho tinha uma espessura média de 20mm nos animais puros (núcleo), alguns anos mais tarde, os programas de melhoramento genético desses animais passaram a dar maior ênfase para essa característica, o que resultou em diminuição de 10mm de espessura para algumas raças/linhagens (Lopes, 2010). Lillehammer et al. (2011), mostraram que o uso da seleção genômica aumentou o ganho genético e diminuiu a endogamia em suínos, em que o aumento do ganho genético foi de 23 a 91%, a depender de quantos e quais animais foram genotipados.

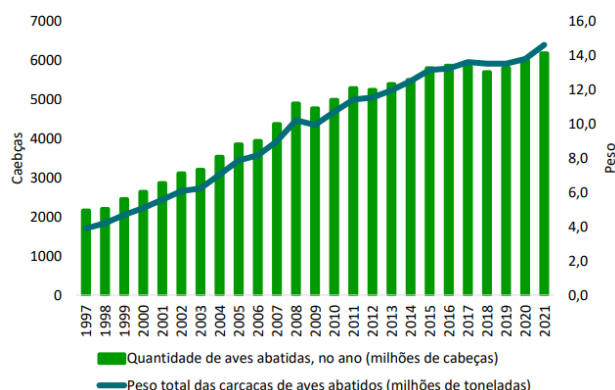


Figura 4. Evolução no número de aves abatidas e produção de carne de frango (IBGE/Elaboração: CNA – Comunicado Técnico, edição 10/2022)

Para este estudo, assumiu-se que a seleção foi feita com base em uma característica que pudesse ser mensurada em fêmeas após o primeiro parto, com herdabilidade de 0,1. Em outro estudo de tendência genética em suínos da raça Landrace, Abdollahi-artanahi et al. (2021) evidenciaram que, para as características peso ao nascer, ganho médio diário e consumo de ração houve tendência genética positiva, com melhoria mais efetiva nos últimos anos (2018 a 2020), o que se deve principalmente a eficiência da seleção genômica. Os investimentos nessa área possibilitaram, em 2019, aumento de 14,3% nos abates e 18,5% de crescimento na produção de carne suína no Brasil (Figura 5).

De acordo com as projeções do agronegócio do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2021), a expectativa para o aumento da produção de carne bovina, suína e de frango no Brasil, no período de 2020/21 a 2030/2031, é de 2,3%, 3% e 2,6%, respectivamente.

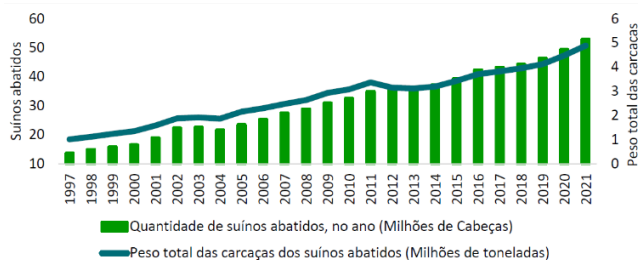


Figura 5. Evolução nos abates e produção de carne de suína (IBGE/Elaboração: CNA – Comunicado Técnico, edição 10/2022)

A produção total de carne em 2020/21 está estimada em 27,4 milhões de toneladas e, para a próxima década, estima-se uma produção de 34 milhões de toneladas de carne de bovina, suína e de frango. Essa variação do período inicial ao período final resulta em um aumento de produção de 24%, o que equivale a 6,6 milhões de toneladas a mais de carne. Parte desse resultado está fortemente atrelado ao uso das técnicas de melhoramento genético na seleção de animais superiores.

A respeito dos pequenos ruminantes, estudos demonstraram ganhos genéticos em acurácia com o uso da seleção genômica para características de interesse econômico (Baloche et al., 2014; Daetwyler et al., 2012; Rupp et al., 2016). Na Noruega, Lillehammer et al. (2020) mostraram que a implementação da seleção genômica pode aumentar significativamente o ganho genético para características maternas em 65-77% por ano. A nível mundial, o segmento da ovinocultura da Nova Zelândia é um dos exemplos mais bem-sucedidos com relação a dados produtivos resultantes de programas de melhoramento genético, visto que de 1990 a 2012 houve aumento de 83% no kg de cordeiro produzido por ovelha e até 28% do total em peso de carcaça (Mrode et al., 2018).

No Brasil, existe carência de investimentos provenientes de empresas e indústrias para o melhoramento de caprinos e ovinos, isso porque a ideia de que o melhoramento pode ser feito pela simples distribuição de animais e/ou sêmen de raças exóticas ainda é muito prevalente, portanto, não existe uma prática de seleção de animais com base nos EBVs (Lobo, 2019). Apesar disso, Castro et al. (2022) ao estimarem tendências genéticas para características de carcaça e peso vivo em ovinos da raça Santa Inês, relataram ganhos genéticos anuais de 0,31 kg/ano para peso corporal e 0,22 cm²/ano para área de olho de lombo (AOL), ou seja, embora esses resultados tenham sido obtidos de forma indireta, pois os rebanhos analisados realizam seleção fenotípica com base em conformação corporal, houve melhoria, o que sugere que o uso da seleção genética com base em EBVs e/ou GEBVs poderá resultar em ganhos ainda mais interessantes para características de carcaça.

Dessa maneira, é evidente que o melhoramento genético propiciou novas expectativas e impactou de forma positiva a produção animal, cujos resultados são provenientes principalmente do esforço conjunto entre produtores, pesquisadores e principalmente pela criação de programas de melhoramento genético que visam aprimorar o crescimento dos animais, melhorar características reprodutivas, adaptação, qualidade de

carne, e eficiência alimentar por meio do aumento da frequência alélica de genes favoráveis.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As contribuições trazidas pelo melhoramento genético para a produção animal são inquestionáveis. Independente da metodologia aplicada, desde o princípio, a avaliação genética dentro dos programas de melhoramento otimizou a seleção de animais superiores e contribuiu para a melhoria de características produtivas. Hoje, apesar da eficiência do método genômico, sua implementação ainda enfrenta desafios, como o custo da genotipagem e a formação de grandes populações de referências, sem contar o baixo investimento em algumas espécies, como no caso dos caprinos e ovinos.

Para o futuro, espera-se que as novas metodologias que tem surgido nos últimos anos, como a imputação de genótipos, facilite o uso da informação do DNA na avaliação genética de cadeias produtivas onde a seleção genômica ainda não é uma realidade, a fim de oferecer condições para que, apesar dos baixos investimentos, outras espécies importantes possam avançar, no que se refere a programas de melhoramento animal bem estabelecidos.

REFERÊNCIAS

- ABPA - Associação Brasileira de proteína Animal. Mercados – Aves. Disponível em: [https:// abpa-br.org/mercados/](https://abpa-br.org/mercados/). Acesso em: 10 fev. 2021.
- Abdollahi Arpanahi, R.; Lourenco, D.; Legarra, A.; et al. Dissecting genetic trends to understand breeding practices in livestock: a maternal pig line example. *Genetics Selection Evolution*, v. 53, n. 89, 2021. Doi:10.1186/s12711-021-00683-6. <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-021-00683-6>.
- Aguilar, I.; Misztal, I.; Johnson, D. L.; et al. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*, v. 93, n. 2, p. 743-752, 2010. Doi:10.3168/jds.2009-2730. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030210715174>.
- Akanno, E. C.; Chen, L.; Abo-Ismael, M. K.; et al. Genomic prediction of breed composition and heterosis effects in Angus, Charolais, and Hereford crosses using 50K genotypes. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 97, n. 3, p. 431-438, 2017. Doi: 10.1139/cjas-2016-0124. <https://cdnsiencepub.com/doi/full/10.1139/cjas-2016-0124>.
- Baloche, G.; Legarra, A.; Sallé, G.; et al. Assessment of accuracy of genomic prediction for French Lacaune dairy sheep. *Journal of Dairy Science*, v. 97, n. 2, p. 1107-1116, 2014. Doi: 10.3168/jds.2013-7135. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24315320/>.
- Bergmann, J. A. G. Modelo animal, DEP e acurácia. In: I CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA EM BOVINOS DE CORTE. I, 1995, Ribeirão Preto. Anais [...]. Ribeirão Preto: USP, 1995, p. 65 – 81.
- Bonnafous, F.; Fievet, G.; Blanchet, N.; et al. Comparison of GWAS models to identify non-additive genetic control of flowering time in sunflower hybrids. *Theoretical and Rev. Cient. Prod. Anim.*, v.25, n.1-2, p.26-35, 2023

- applied genetics, v. 131, n. 2, p. 319-332, 2018. Doi: 10.1007/s00122-017-3003-4. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29098310/>.
- Borges, L. S. et al. CAPRIOVI. Programa de Computador, número de registro BR517000024-7, Instituto Nacional de Propriedade Industrial, 2017. Disponível em: <<https://easii.ufpi.br/capriovi>>. Acesso em: 09 jun. 2022.
- Campos, G. S.; Cardoso, F. F.; Gomes, C. C. G.; et al. Development of genomic predictions for Angus cattle in Brazil incorporating genotypes from related American sires. *Journal of Animal Science*, v. 100, n. 2, 2022. Doi: 10.1093/jas/skac009. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35031806/>.
- Carneiro, A. P. S. et al. Erros na classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente superiores avaliados na presença de heterogeneidade. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 35, n. 5, p. 1907-1914, 2006. Doi: 10.1590/S1516-35982006000700005. <https://www.scielo.br/j/rbz/a/S8gQy9FGZ6qw95J6rs6nZXL/>.
- Carvalho, R.; Boison, S. A.; Neves, H. H. R.; et al. Accuracy of genotype imputation in Nelore cattle. *Genetics Selection Evolution*, v. 46, n. 1, p. 69, 2014. Doi: 10.1186/s12711-014-0069-1. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25927950/>.
- Castro, D. P.; Santos, A. K. de S.; Silva, A. P. S.; et al. Inclusion of covariates in the animal model for the genetic evaluation of sheep for ultrasound measurement of the Longissimus thoracis et lumborum muscle area. *Small Ruminant Research*, v. 209, p. 106655, 2022. Doi: 10.1016/j.smallrumres.2022.106655. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S092144882200044X>.
- Christensen, O. F.; Lund, M. S. Genomic prediction when some animals are not genotyped. *Genetics Selection Evolution*, v. 42, n. 2, p. 1-8, 2010. Doi: 10.1186/1297-9686-42-2. <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/1297-9686-42-2>.
- Daetwyler, H. D.; Kemper, K. E.; Van der Werf, J. H.; et al. Components of the accuracy of genomic prediction in a multi-breed sheep population. *Journal of animal science*, v. 90, n. 10, p. 3375-3384, 2012. Doi: 10.2527/jas.2011-4557. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23038744/>.
- Dekkers, J. C. M. Application of Genomics Tools to Animal Breeding. *Current Genomics*, v. 13, n. 3, p. 207-212, 2012. Doi: 10.2174/138920212800543057. <https://europepmc.org/article/PMC/3382275>.
- Dilorenzo, N.; Lamb, G. C. Environmental and Economic Benefits of Selecting Beef Cattle for Feed Efficiency. *Gainesville: UF/IFAS Extension*, v. 2012, n. 3, 2012. doi: 10.32473/edis-an276-2012. <https://www.semanticscholar.org/paper/Environmental-and-Economic-Benefits-of-Selecting-Dilorenzo-Lamb/b78547b6693c7cbe7ee2e0a2d8250dc9304f7eb3>
- Eggen, A. The development and application of genomic selection as a new breeding paradigm. *Animal Frontiers*, v. 2, n. 1, p. 10-15, 2012. Doi: 10.2527/af.2011-0027. <https://academic.oup.com/af/article/2/1/10/4638585>.
- EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. *Qualidade da carne bovina: do campo à mesa*. 2017. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/qualidade-da-carne-bovina>>. Acesso em: 09 jun. 2022.
- Faria, C. U.; Terra, J. P.; Yokoo, M. J. I.; et al. Interação genótipo-ambiente na análise genética do peso ao desmame de bovinos Nelore sob enfoque bayesiano. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, v.33, n.2, p.213-218, 2011. Doi: 10.4025/actascianimsci.v33i2.8469. <https://www.scielo.br/j/asas/a/ZL8WC5mjFPXVtk4hCD9J5Vm/>.
- Fernando, R. L.; Grossman, M. Marker assisted selection using best linear unbiased prediction. *Genetics Selection Evolution*, v. 21, n. 4, p. 467-477, 1989. Doi: 10.1186/1297-9686-21-4-467. <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/1297-9686-21-4-467>.
- Ferreira, M. E.; Grattapaglia, D. *Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética*. 3. ed. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEM, 1998. 220p.
- Gama, L. T.; Matos, C. P.; Carolino, N. *Modelos mistos em melhoramento animal*. Lisboa: DGV, 2004. 281p.
- Gama, L. T. da. *Melhoramento genético animal*. Ribeirão Preto, SP: Funpec Editora, 2023. 621p.
- Grion, A. L.; Mercadante, M. E.; Cyrillo, J. N.; et al. Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, v. 92, n. 3, p. 955-965, 2014. Doi: 10.2527/jas.2013-6682. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24492579/>.
- Hayes, B. Overview of statistical methods for genome-wide association studies (GWAS). *Genome-wide association studies and genomic prediction*, v. 1019, p. 149-169, 2013. Doi: 10.1007/978-1-62703-447-0_6. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23756890/>.
- Hayes, B.; Goddard, M. Genome-wide association and genomic selection in animal breeding. *Genome*, v. 53, n. 11, p. 876-883, 2010. Doi: 10.1139/g10-076. <https://europepmc.org/article/MED/21076503>.
- Henderson, C. R. Sire evaluation and genetic trends. *Journal of Animal Science*, v. 1973, p. 10-41, 1973. Doi: 10.1093/ansci/1973.Symposium.10. <https://academic.oup.com/jas/article-abstract/1973/Symposium/10/4697208>.
- Henderson, C. R.; Quaas, R.L. Multiple trait evaluation using relatives records. *Journal of Animal Science*, v. 43, p. 1188-1197, 1976. Doi: 10.2527/jas1976.4361188x. <https://academic.oup.com/jas/article-abstract/43/6/1188/4700387>.
- Hickey, J., M. A.; Cleveland, M. A.; Maltecca, C.; et al. Genotype imputation to increase sample size in pedigreed populations. *Methods in Molecular Biology*, v. 1019, p. 395-410, 2013. Doi: 10.1007/978-1-62703-447-0_17. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23756901/>.
- Ibtisham, F.; Zhang, L.; Xiao, M.; et al. Genomic selection and its application in animal breeding. *The Thai Journal of Veterinary Medicine*, v. 47, n. 3, p. 301, 2017. <https://www.semanticscholar.org/paper/Genomic-selection-and-its-application-in-animal-Ibtisham-Zhang/65706e549b4180b05d026b2cff5139265e05200c>.

- Kinghorn, B.; Van der Werf, J.; Ryan, M. Melhoria Animal: uso de novas tecnologias. Tradução de Vânia Cardoso e Roberto Carvalheiro. Piracicaba: FEALQ, 367 p. il., 2006.
- Koury Filho, W.; Albuquerque, L. G.; Forni, S.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 39, n. 5, p. 1015-1022, 2010. Doi: 10.1590/S1516-35982010000500011. <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/856454/estimativas-de-parametros-geneticos-para-os-escores-visuais-e-suas-associacoes-com-peso-corporal-em-bovinos-de-corte>.
- Legarra, A.; Aguilar, I.; Misztal, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *Journal of Dairy Science*, v. 92, n. 9, p. 4656-4663, 2009. Doi: 10.3168/jds.2009-2061. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19700729/>.
- Legarra, A.; Christensen, O. F.; Aguilar, I.; et al. Single step, a general approach for genomic selection. *Livestock Science*, v. 166, p. 54-65, 2014. Doi: 10.1016/j.livsci.2014.04.029. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1871141314002303>.
- Li, Y.; Willer, C.; Sanna, S.; et al. Genotype imputation. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, v. 10, p. 387-406, 2009. Doi: 10.1146/annurev.genom.9.081307.164242. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19715440/>.
- Lillehammer, M.; Meuwissen, T. H. E.; Sonesson, A. K. Genomic selection for maternal traits in pigs. *Journal of animal science*, v. 89, n. 12, p. 3908-3916, 2011. Doi: doi.org/10.2527/jas.2011-4044. <https://academic.oup.com/jas/article-abstract/89/12/3908/4772003>.
- Lillehammer, M.; Sonesson, A. K.; Klemetsdal, G.; et al. Genomic selection strategies to improve maternal traits in Norwegian White Sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 137, n. 4, p. 384-394, 2020. Doi: 10.1111/jbg.12475. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32236991/>.
- Lobo, R.N.B. Opportunities for investment into small ruminant breeding programs in Brazil. *Journal of Animal Breeding and Genetic*, Oxford, v.136, n.1, p. 1-6, 2019. Doi: 10.1111/jbg.12396. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jbg.12396>.
- Lopes, P. S. VIII simpósio brasileiro de melhoramento animal – palestras, 2010. Melhoria genética de suínos. Anais eletrônicos [...]. Disponível em: <http://sbmaonline.org.br/anais/viii/palestras/>. Acesso em: 25 jul. 2022.
- Magnabosco, C. D. U.; Rey, F.; Lopes, F.; et al. Ferramentas genéticas e genômicas na avaliação da eficiência alimentar de bovinos de corte. *Embrapa Cerrados- Documentos (INFOTECAE)*, 2020. <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1131773/ferramentas-geneticas-e-genomicas-na-avaliacao-da-eficiencia-alimentar-de-bovinos-de-corte>.
- MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. PROJEÇÕES DO AGRONEGÓCIO – Projeções de longo prazo Brasil 2020-21 a 2030-31. Disponível em: <https://www.gov.br/pt-br/noticias/agricultura-e-pecuaria/2021/07/producao-de-graos-crescera-27-nos-proximos-dez-anos>. Acesso em: 08 fev. 2023.
- Martins, E. N. Uso de modelos mistos na avaliação genética animal. Viçosa: UFV Imprensa Universitária, 1997. 120 p.
- Meuwissen, T. H. E.; Hayes, B. J.; Goddard, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, v. 157, n. 4, p.1819-1829, 2001. Doi: 10.1093/genetics/157.4.1819. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11290733/>.
- Meuwissen, T.; Hayes, B.; Goddard, M. Accelerating improvement of livestock with genomic selection. *Annual Review of Animal Biosciences*, v. 1, n. 1, p. 221-237, 2013. Doi:10.1146/annurev-animal-031412-103705. <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-animal-031412-103705>.
- Meuwissen, T.; Hayes, B. J.; Goddard, M. E. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers*, v.6, n.1, p. 6-14, 2016. Doi: 10.2527/af.2016-0002. <https://academic.oup.com/af/article/6/1/6/4638797>.
- Misztal, I.; Legarra, A.; Aguilar, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, v. 92, n. 9, p. 4648-4655, 2009. Doi: 10.3168/jds.2009-2064. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19700728/>.
- Mrode, R.; Jianlin, H.; Mwacharo, J. M.; et al. Novel tools to inform animal breeding programs. *Livestock and Fish Brief* 14. Nairobi: ILRI, 2016. <https://www.ilri.org/news/novel-tools-inform-animal-breeding-programs>.
- Mrode, R.; Tarekegn, G. M.; Mwacharo, J. M.; et al. Invited review: Genomic selection for small ruminants in developed countries: how applicable for the rest of the world? *Animal*, v.12, n. 7, p.1333-1340, 2018. Doi: 10.1017/S1751731117003688. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29343308/>.
- Naserkheil, M.; Lee, D.H.; Mehrban, H. Improving the accuracy of genomic evaluation for linear body measurement traits using single-step genomic best linear unbiased prediction in Hanwoo beef cattle. *BMC Genetics*, v. 21, n. 144, 2020. Doi: 10.1186/s12863-020-00928-1. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33267771/>.
- Obšteter, J.; Jenko, J.; Hickey, J. M.; et al. Efficient use of genomic information for sustainable genetic improvement in small cattle populations. *Journal of dairy Science*, v. 102, n. 11, p. 9971-9982, 2019. Doi 10.3168/jds.2019-16853. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31477287/>.
- Önder, H.; Tirink, C. Bibliometric Analysis for Genomic Selection Studies in Animal Science. *Journal of the Institute of Science and Technology*, v. 12, n. 3, p. 1849 – 1856, 2022. Doi: 10.21597/jist.1133397. <https://dergipark.org.tr/tr/download/article-file/2497387>.
- Pereira, J.C.C. Melhoria Genética Aplicado à Produção Animal. FEPMVZ-Editora, Belo Horizonte, 2004. 609p.

- Pértile, S. F. N.; Silva, F. F.; Salvian, M.; et al. Seleção e associação genômica ampla para o melhoramento genético animal com uso do método ssGBLUP. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.51, n.10, p.1729-736, 2016. Doi: 10.1590/S0100-204X2016001000004. <https://www.scielo.br/j/pab/a/tSrmQnJ44P79Prz9cBDHjtP/>.
- Resende, M. D. V.; Resende Junior, M. F. R.; Aguiar, A. M.; et al. *Computação da Seleção Genômica Ampla (GS)*, Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2010. 79 p.
- Rupp, R.; Mucha, S.; Larroque, H.; et al. Genomic application in sheep and goat breeding. *Animal Frontiers*, v. 6, n. 1, p. 39-44, 2016. Doi: 10.2527/af.2016-0006. <https://academic.oup.com/af/article/6/1/39/4638792>.
- Schmidek, A.; Durán, H.; Costa, M.J.R.P. *Boas Práticas de Manejo*. Jaboticabal: Funep, 2009. 39 p.
- Sena, L. S.; Borges, L. S.; Rocha, A. O.; et al. Avanços no melhoramento genético de ovinos da raça Santa Inês. *Revista Científica De Produção Animal*, v. 23, n. 1, p. 37-45, 2020. Doi: 10.5935/2176-4158/rcpa.v23n1p37-4. https://www.researchgate.net/publication/350824429_Avancos_no_melhoramento_genetico_de_ovinos_da_raca_Santa_Ines.
- Tavárez, M.; De Los Santos, F. S. Impact of genetics and breeding on broiler production performance: a look into the past, present, and future of the industry. *Animal Frontiers*, v. 6, n. 4, p. 37-41, 2016. Doi: 10.2527/af.2016-0042. <https://academic.oup.com/af/article/6/4/37/4638813>.
- Tsairidou, S. et al. Can we breed cattle for lower bovine TB infectivity? *Frontiers in Veterinary Science*, v. 5, n. 310, 2018. Doi: 10.3389/fvets.2018.00310. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2018.00310/full>.
- Tsairidou, S.; Allen, A.; Banos, G.; et al. Optimizing low-cost genotyping and imputation strategies for genomic selection in Atlantic salmon. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, v. 10, n. 2, p. 581-590, 2020. Doi: 10.1534/g3.119.400800. <https://academic.oup.com/g3journal/article/10/2/581/6026251>.
- Vanraden, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of dairy science*, v. 91, n. 11, p. 4414-4423, 2008. Doi: 10.3168/jds.2007-0980. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18946147/>.
- Wang, C.; Habier, D.; Peiris, B. L.; et al. Accuracy of genomic prediction using an evenly spaced, low-density single nucleotide polymorphism panel in broiler chickens. *Poultry science*, v. 92, n. 7, p. 1712-1723, 2013. Doi: 10.3382/ps.2012-02941. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23776257/>.
- Weller, J. I.; Ezra, E.; Ron, M. Invited review: A perspective on the future of genomic selection in dairy cattle. *Journal of dairy science*, v. 100, n. 11, p. 8633-8644, 2017. Doi: 10.3168/jds.2017-12879. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030217307865>.
- Wiggans, G. R.; Carrillo, J. A. Genomic selection in United States dairy cattle. *Frontiers in Genetics*, v. 13, 2022. Doi: 10.3389/fgene.2022.994466. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36159997/>.
- Yokoo, M.; Marcondes, C.; Cardoso, et al. *Boas práticas em melhoramento genético de gado de corte*. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2019. 62 p. (Embrapa Pecuária Sul. Documentos, 162). <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1117240>.
- Zvinorova, P. I.; Halimani, T. E.; Muchadeyi, F. C.; et al. Breeding for resistance to gastrointestinal nematodes—the potential in low-input/output small ruminant production systems. *Veterinary Parasitology*, v. 225, p. 19-28, 2016. Doi: 10.1016/j.vetpar.2016.05.015. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27369571/>.