



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ - UFPI**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS - CCA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM TECNOLOGIAS**  
**APLICADAS A ANIMAIS DE INTERESSE REGIONAL - PPGTAIR**  
**DOUTORADO EM CIÊNCIAS**

**MÉRIK ROCHA SILVA**

**BOVINOS DA RAÇA CURRALEIRO PÉ-DURO: CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA,  
PREDIÇÃO DE PESO A PARTIR DE MEDIDAS CORPORAIS E AVALIAÇÃO DE  
CARÇA**

**Teresina**

**2023**

MÉRIK ROCHA SILVA

**BOVINOS DA RAÇA CURRALEIRO PÉ-DURO: CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA,  
PREDIÇÃO DE PESO A PARTIR DE MEDIDAS CORPORAIS E AVALIAÇÃO DE  
CARCAÇA**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ciências.

Área de concentração: **Diagnósticos Avançados em Medicina Veterinária**

Linha de Pesquisa: **Reprodução e Genética Animal**

Orientador: **Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento**

Co-Orientador: **Prof. Dr. Fábio Barros Britto**

**Teresina**

**2023**

FICHA CATALOGRÁFICA  
Universidade Federal do Piauí  
Biblioteca Setorial CCA  
Serviço de Representação da Informação

S586b Silva, Mérik Rocha.

Bovinos da raça Curraleiro Pé-duro: caracterização genética, predição de peso a partir de medidas corporais e avaliação de carcaça. / Mérik Rocha Silva. -- 2023.

124 f.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional, Teresina, 2023.

“Orientador: Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento.”

1. AOL100. 2. Distância genética de Slatiki. 3. *Longissimus Thoracis*. 4. Microssatélites. 5. Modelos lineares generalizados. 6. Stepwise. I. Sarmiento, José Lindenberg Rocha. II. Título.

CDD 636.28

Bibliotecário: Rafael Gomes de Sousa - CRB3/1163

BOVINOS DA RAÇA CURRALEIRO PÉ-DURO: CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA,  
PREDIÇÃO DE PESO A PARTIR DE MEDIDAS CORPORAIS E AVALIAÇÃO DE  
CARCAÇA

MÉRIK ROCHA SILVA


Tese apresentada e aprovada em 3 de agosto de 2023.

Banca examinadora:


Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento (Presidente) - DZO / CCA / UFPI

Documento assinado digitalmente  
 MICHELLE DE OLIVEIRA MAIA PARENTE  
Data: 04/08/2023 11:57:06-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Michelle de Oliveira Maia Parente (Examinadora Interna) - DZO / CCA / UFPI

Documento assinado digitalmente  
 NATANAEL PEREIRA DA SILVA SANTOS  
Data: 04/08/2023 11:38:40-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


Prof. Dr. Natanael Pereira da Silva Santos (Examinador Interno) - DZO / CCA / UFPI

Documento assinado digitalmente  
 GERALDO MAGELA CORTES CARVALHO  
Data: 07/08/2023 12:35:51-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Geraldo Magela Côrtes Carvalho (Examinador Externo) - Embrapa Meio-Norte

Documento assinado digitalmente  
 CLAUDIO VIEIRA DE ARAUJO  
Data: 04/08/2023 11:20:41-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Cláudio Vieira de Araújo (Examinador Externo) – UFMT – Sinop

Documento assinado digitalmente  
 GEOVERGUE RODRIGUES DE MEDEIROS  
Data: 04/08/2023 12:01:42-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Geovergue Rodrigues de Medeiros (Examinador Externo) –  
Núcleo de Produção Animal – INSA - Campina Grande

Em 1984 uma jovem de 19 anos engravidou, muitas coisas lhe passaram pela cabeça, todas amorosamente convergiram para ser mãe, ainda solteira, encarou os desafios da vida, e me deu a luz, cuidou de mim, educou-me; à minha mãe, **Maria de Jesus Rocha Silva**, dedico.

## AGRADECIMENTOS

À vida, linda e brutal, complexa e simples, expressão do amor do Criador; cuja essência grita no silêncio do amor observador de quem ensino pelo exemplo, Jesus Cristo.

Agradeço à minha família, primeiramente à minha metade, minha esposa Camila Rocha que me apoia e faz meus dias mais felizes; e à meus filhos, por ordem de agradecimento... Luiz Guilherme, Pedro e a doce Mariana que enchem meus dias de alegria.

Meu irmão Luiz Marcos, primos, todos, especialmente Wend e Geon; tios e tias, especialmente Honório, Gedeon e Sebastiana.

*In memoria* ao meu pai, Sr. Luis Abrantes Sarmento que conseguiu me ensinar o que não pode ser ensinado, integridade e caráter

Aos amigos, de infância, Fernando, Eli, Alan, da igreja Toninho, Solânio, Mateus, Juninho, amigos e mestres da graduação e amigos da UNEMAT Claudeir, Éder, Claudiney, Simone, Rafael, Erika, Alderice, Rose, Teresa, Eurico, Vinicius, Gabrielzão, Luiz Juliano, Edson Eguchi, Cristiano, Edson Junior, Uanderson(Sorriso), Thiago (Terra Nova), Tatiane, Karina, Diogo, Jocilaine, e do dia a dia, Dinnara, Dimas, Samira, Maurílio, Firmino Barbosa, Alam, Junior, Marcelo; à todos sou grato.

Nesta trajetória que segue para 4 anos, sou grato pela orientação, mas muito mais pela amizade do Prof. Lindenberg, arrojado, dedicado, que inspira pela simplicidade engajamento científico.

Ao co-orientador Prof. Fábio pela cooperação, instruções e amizade.

Aos produtores rurais, Cumpadi Luzardo, Neto Soares, José Dantas, Marcos Medeiros, Reginaldo Cavalcante e demais, aos quais esse trabalho foi apoiado.

Ao amigo Dr. Geraldo Magela, pelo seu papel singular como curador da raça e apoio à este trabalho.

Ao Prof. Claudio Araújo, colega de longa data, que foi muito importante em algumas conquistas, como a aprovação no concurso público para professor universitário e a minha

primeira pós-graduação *Stricto Sensu*. Feliz de estamos novamente trabalhando em pesquisas acadêmicas.

Aos acadêmicos da UESPI e da UFPI que contribuíram nas coletas: Maria Lira, Weelington Fernando, José Victor, Ana Paula, Ayrlane, Luana, José Weyner, Andressa, Vitória, Italo, e ao pós-graduando Prof. Alan do Ó, e todos demais membros do GEMA-UFPI e do GOPAS-UESPI.

Ao Dr. Geovergue do Instituto Nacional do Semiárido pelas contribuições e parceria.

Aos membros da banca Prof. Dr. Natanael e Dra. Michele que aceitaram participar.

À Alexandra Elbakyan.

À CAPES e CNPq.

À Universidade Federal do Piauí.

À Coordenação do PPGTAIR, Profa. Socorro por sempre apoiar nossa ideia incondicionalmente.

À todos pesquisadores e pesquisadoras que utilizam dos métodos científicos para melhorar a vida da população, cuja publicações em livros e periódicos, bem como os softwares distribuídos como R, *Structure*, *GenePop* e outros que tornaram esse trabalho possível.

À Universidade Estadual do Piauí por apoiar a qualificação de seus docentes.

A todos vocês, meus SINCEROS AGRADECIMENTOS!

Essentially, all models are wrong,  
but some are useful.

**George E.P. Cox**



**LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS**

$\mu\text{m}$	Micrometros
ABCPD	Associação Brasileira de Criadores de Curraleiro Pé-duro
AC	Altura de cernelha
AIC	Critério de inferência de Aikake
AMOVA	Análise de variância molecular
An	Alelos nulos
AOL	Área de olho de lombo
Backward	Reduzindo termos
BIC	Critério de inferência bayesiana
C	Comprimento
cm	Centímetro
$\text{cm}^2$	Centímetros quadrados
CPD	Raça Curraleiro Pé-duro
Dr	Doutor
Dstr	Família da distribuição de probabilidade
E	Escore corporal
EGS	Espessura de gordura subcutânea
E-HW	Equilíbrio de Hard-Weiberg
FL	Fator de ligação em modelos lineares generalizados
Gam	Gamma
Gas	Gausseana
GLM	Modelos lineares generalizados
He	Heterozigosidade esperada
Ho	Heterozigosidade observada
iGas	Inversa gausseana
Kg	Quilograma
MA	Maranhão
MAPA	Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
MHz	Megahertz

mm	Milímetros
NA	Número de alelos diferentes
NE	Número de alelos efetivos
NS	Não significativo
PE	Perímetro escrotal
PI	Piauí
PIC	Conteúdo de informação polimórfica
Prof.	Professor
PT	Perímetro torácico
PVC	Policloreto de vinila
$r$	Correlação linear de Pearson
RMSE	Raiz do erro quadrático médio, <i>root mean squared error</i>
RN	Recém-nascido
S	Sexo
UFPI	Universidade Federal do Piauí

## RESUMO GERAL

No melhoramento genético de raças nativas como os bovinos Curraleiros Pé-duro (CPD), as intervenções devem ser promovidas com prudência, além do foco nas características produtivas, deve-se considerar o aspecto conservacionista. O objetivo nesta pesquisa foi a partir dos genótipos, elucidar a estrutura e diversidade genética, e a partir dos fenótipos estabelecer equações preditivas de peso baseadas em medidas morfométricas e caracterizar as medidas de carcaça destes. Quatro capítulos, o primeiro uma revisão bibliográfica sistemática e outros três cuja quais foram amostrados folículos pilosos de 474 indivíduos, dados morfométricos de 1023 e medidas de carcaça de 222 animais de diferentes fazendas distribuídas na região Meio-Norte. As amostras biológicas foram submetidas à genotipagem com 17 marcadores microssatélites; em outra investigação os dados morfométricos de altura de cernelha, comprimento corporal, escore corporal, perímetro escrotal, perímetro torácico, sexo e peso vivo compuseram modelos de regressão linear generalizados (GLM) sob três diferentes distribuições combinados à diferentes funções de ligação, submetidos ao *StepWise*, e a terceira investigação utilizou-se das informações de peso e de carcaça obtidas por ultrassom para obtenção da área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) na construção das variáveis submetidas a análise de variância em função do sexo dos animais jovens ( $p$ -valor  $<0,05$ ), e o detalhamento por testes de *poshoc* e modelo de regressão lineares generalizados entre as variáveis peso e AOL. Com relação aos genótipos dos animais amostrados, constatou-se que os marcadores utilizados foram adequados com PIC (Conteúdo de Informação Polimórfica) médio de 0,62; os alelos efetivos foram 4,25 por marcador, com média de heterozigosidades de 0,74 (observado e esperado), sendo menor em um dos rebanhos (0,70) em relação aos demais (0,77 e 0,74). A Análise de Variância Molecular revelou maior taxa de variação dentro dos rebanhos (98,5%) e menor entre os rebanhos (1,5%). Sem diferenças significativas entre os rebanhos, tem-se dois grupos genéticos principais ( $K=2$ ). As investigações baseadas nos fenótipos possibilitaram a estimação do peso a partir de medidas morfométricas, havendo diferenças no poder de estimação em função das categorias animais. Os resíduos dos modelos não apresentaram distribuição normal ( $p$ -valor  $> 0,05$ ), recorreu-se aos GLM, cuja distribuições mais adequadas por categoria foram: Gamma, Gamma, Inversa Gauseana, Gauseana e Inversa Gauseana, respectivamente para recém-nascidos, crias, recrias, vacas e touros, com RMSE (Raiz do desvio quadrático médio) de 1,22 11,02, 12,25, 22,45 e 19,89 Kg. Os fenótipos obtidos por ultrassom

indicam que existem diferenças estatisticamente significativas entre as categorias e fazendas amostradas ( $p$ -valor  $< 0,01$ ), cuja teste SNK indica que peso são diferentes entre todas as categorias ( $p < 0,05$ ), em que a AOL100 dos CPD ao sobreano é minimamente adequada, em média 19,6 e 17,9 cm<sup>2</sup>/ 100 Kg, respectivamente para garrotas e garrotes. As investigações promovidas indicam que os Curraleiro Pé-duro apresentam alta diversidade e pouca estrutura genética, não sendo influenciada pela distância geográfica ( $\alpha=0,05$ ); os modelos GLM são adequados para estimar o peso dos bovinos nas diferentes categorias; e de forma geral os bovinos CPD apresentaram diminuta EGS, mas satisfatória AOL, compatível com raças especializadas em produção de carne.

**Palavras-chave:** AOL100, distância genética de Slatikin, *Longissimus thoracis*, microssatélites, modelos lineares generalizados, *Stepwise*

## ABSTRACT

When it comes to the genetic improvement of native breeds such as Curraleiro Pé-duro (CPD) cattle, interventions must be carefully promoted, in addition to focusing on productive traits, and considering the conservationist aspects. The objective of this research was to elucidate the structure and genetic diversity of the genotypes, and from the phenotypes, establish predictive weight equations based on morphometric measurements, and lastly to characterize their carcass measurements. This work is divided into four chapters. The first consists in a systematic literature review and the other three shows hair follicles from 474 individuals that were sampled, morphometric data from 1023 and carcass measurements from 222 animals from different farms distributed in the Mid-North region. Biological samples were submitted to genotyping with 17 microsatellite markers; in another investigation, the morphometric data of withers height, body length, body score, scrotal perimeter, thoracic perimeter, sex and weight composed generalized linear regression models (GLM) under three different distributions. They were combined with different linkage functions and submitted to StepWise. The third investigation used the information on weight and carcass obtained by ultrasound to get the rib eye area (AOL) and subcutaneous fat thickness (EGS) in the construction of variables submitted to analysis of variance depending on the sex of the animals. young animals ( $p$ -value  $< 0.05$ ), and detailing by post hoc tests and generalized linear regression model between the variables weight and AOL. In relation to the genotypes of the sampled animals, it was found that the markers used were adequate with an average PIC (Polymorphic Information Content) of 0.62; the effective alleles were 4.25 per marker, with a mean heterozygosity of 0.74 (observed and expected), being lower in one of the herds (0.70) compared to the others (0.77 and 0.74). Molecular Variance Analysis revealed a higher rate of variation within herds (98.5%) and lower between herds (1.5%). Without significant differences between herds, there are two main genetic groups ( $K=2$ ). Investigations based on phenotypes made it possible to estimate weight from morphometric measurements, with differences in estimation power depending on animal categories. The residuals of the models did not present a normal distribution ( $p$ -value  $> 0.05$ ), so the research resorted to GLM, whose most appropriate distributions per category were: Gamma, Gamma, Inverse Gausean, Gauseana and Inverse Gauseana, respectively for newborns, offspring, cows and bulls, with RMSE (Root Mean

Square Deviation) of 1.22, 11.02, 12.25, 22.45 and 19.89 Kg. The phenotypes obtained by ultrasound indicate that there are statistically significant differences between the sampled categories and farms ( $p$ -value  $< 0.01$ ), whose SNK test indicates that weight are different between all categories ( $p < 0.05$ ). The AOL100 of yearling CPD is minimally adequate, on average 19.6 and 17.9 cm<sup>2</sup>/100 kg, respectively for withers and withers. The investigation indicate that Curraleiro Pé-duro has high diversity and little genetic structure, not being influenced by geographic distance ( $\alpha=0.05$ ); GLM models are suitable for estimating the weight of cattle in different categories; and in general, the CPD cattle showed a small EGS, but a satisfactory AOL, compatible with breeds specialized in meat production.

**Key-words:** AOL100, Slatikin genetic distance, Longissimus thoracis, microsatellites, generalized linear models, Stepwise.

## SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL .....	17
2 JUSTIFICATIVA .....	19
3 OBJETIVO GERAL .....	21
4 REFERENCIAL TEORICO .....	22
4.1 Importância social da bovinocultura.....	22
4.2 Raça Curraleiro Pé-duro .....	23
4.3 Marcadores microssatélites.....	25
4.4 Tecnologias para a escrituração zootécnica.....	26
4.5 Transmissibilidade das características de carcaça em bovinos.....	27
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	28
CAPÍTULO I –ADVANCES IN THE IDENTIFICATION OF CANDIDATE GENES FOR SELECTION OF CATTLE FOR LOIN EYE : A SYSTEMATIC REVIEW* .....	33
ABSTRACT .....	35
RESUMO:.....	35
INTRODUCTION .....	36
METHODOLOGY .....	37
Systematic review .....	37
Defining the database.....	37
Literature search strategy .....	38
RESULTS AND DISCUSSION.....	38
Selection .....	43
CONCLUSION.....	44
ACKNOWLEDGEMENTS.....	44
REFERENCES .....	44

CAPÍTULO II –THE FIRST BRAZILIAN BOVINE BREED: STRUCTURE AND GENETIC DIVERSITY OF THE CURRALEIRO PÉ-DURO* .....	50
Abstract.....	52
Introduction.....	52
Materials & Methods .....	53
Sampling and collection of biological material .....	53
Genotyping with microsatellite markers .....	54
Data analysis .....	56
Results.....	57
Analysis of STR usability and data integrity .....	57
Genetic variation of subpopulations .....	58
Genetic differentiation among animals of the Curraleiro Pé-duro breed.....	59
Genetic structure of the sampled population.....	60
Genetic differences among individuals.....	61
Discussion.....	65
Conclusions.....	67
Acknowledgments .....	67
References.....	67
CAPÍTULO III – PREDICTION OF BODY WEIGHT OF CURRALEIRO PÉ-DURO CATTLE BASED ON MORPHOMETRIC MEASUREMENTS* .....	72
ABSTRACT .....	73
INTRODUCTION .....	73
MATERIALS AND METHODS .....	75
Morphometric Measurements .....	75
Regression models .....	76
Criteria for the selection of linear models.....	78



RESULTS .....	78
Newborn Category .....	81
Calves category .....	82
Pos weaned Category .....	83
Cow category .....	86
Bull Category .....	89
DISCUSSION.....	90
REFERENCES .....	94
CAPÍTULO IV – CARACTERIZAÇÃO DE MEDIDAS DE CARÇA EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO OBTIDAS POR ULTRASSONOGRÁFIA * .....	100
RESUMO:.....	101
1. Introdução .....	102
2. Material e Métodos .....	104
3. Resultados .....	108
4. Discussão .....	112
5. Conclusões .....	112
Agradecimentos .....	117
Referências .....	117
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	122
Anexo .....	124

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

Existem regiões do interior do Brasil que foram desbravadas pelos criadores de ruminantes desde pelo menos 1600, associando o povoamento de todo Centro-Oeste e o interior do Nordeste, à bovinocultura (SILVA et al., 2012). Os recursos genéticos advindos destes primeiros animais e dos demais sucessivamente aportados no país, geraram grupos de indivíduos que atualmente representam raças nativas brasileiras, entre essas o Curraleiro Pé-duro (CPD), cuja qual são escassos os dados fenotípicos e genotípicos.

Mesmo com o protagonismo brasileiro na produção mundial de carne bovina, ainda existem áreas destinadas à pecuária que são subaproveitadas, algumas destas estão no Piauí e Maranhão, no caso do primeiro um estado historicamente conhecido por ser fornecedor de carne à outras unidades da federação, e que demandam da criação de bovinos em outras regiões para ter suas demandas suprimidas (VIANNA, 1927). Uma causa provável está relacionada aos recursos genéticos envolvidos, importados à região Meio-Norte, em que os animais nativos substituídos sem a devida ponderação entre genótipos e às condições edafoclimáticas e sistemas de produção regionais.

Os animais que historicamente ocuparam grande parte do Brasil somente há pouco mais de uma década foram reconhecidos como raça pela Portaria n.1150 do MAPA (BRASIL, 2012). Segundo Carvalho (2015) é um recurso genético ainda pouco conhecido, cujo processo de formação ocorreu em amplas regiões, e atualmente são poucos animais dispersos principalmente em dois biomas nacionais, o que projeta hipóteses ainda não esclarecidas acerca de sua composição genética, agrupamentos dentro da população, bem como também com relação à diversidade, homozigose, entre outros.

Parte da limitação de seu uso na produção de alimentos nas regiões de sua ocorrência se dá pelo desconhecimento de seu potencial produtivo (SILVA et al., 2012), fazendo-se necessário elucidar as capacidades produtivas do CPD. E à qualidade do produto final. Neste contexto, o CPD apresenta-se competitivo em alguns aspectos para fazer frente aos ótimos recursos genéticos de outras raças para compor os rebanhos comerciais, o que contribui para produção de alimento e conservação da raça. Indubitavelmente são animais com características de interesse, além da adaptabilidade as condições tropicais que possibilita ocupar todo o Brasil central e Nordeste, dessa forma a qualidade dos produtos advindos do CPD devem ser melhores conhecidas.

O principal item de avaliação de bovinos para produção de carne é o peso corporal nas diferentes fases da criação, e na atual conjuntura do mercado busca-se animais que também apresente satisfatórias características de carcaça, como área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) das quais há poucos trabalhos e com diminutos CPD amostrados.

Sendo dispendiosa a aquisição de tronco e balança, um dos itens necessários à escrituração zootécnica, tem-se limites a avaliação animal, entre outros. Assim, há demandas para elucidar sobre a genética dos CPD, como também em desenvolvimento de recurso que contribuam com o criador no processo de avaliação e registro das informações fenotípicas dos animais.

A partir desta conjuntura, alguns desafios tornam-se evidentes: conhecer a genética dos rebanhos de CPD, instrumentalizar os criadores para aperfeiçoamento da produção com a devida escrituração zootecnia e avaliar a carcaça dos animais nas fazendas para selecionar reprodutores e reprodutoras que potencializem a disseminação da raça, o incrementando na qualidade ao produto final, contribuindo para produção de alimentos e para conservação.

## 2 JUSTIFICATIVA

A região Meio-Norte do Brasil, compreendida por todo o Maranhão e o oeste e sul do Piauí apresenta predominante mata de cocais. Diferencia-se do sertão nordestino a leste em função dos solos e por apresentar clima úmido, mantendo taxas de horas e energia solar equivalentes. Contempla os biomas Amazônico, Caatinga e Cerrado, com o maior rio do Nordeste: Parnaíba. As atividades econômicas desta região são associadas à produção de alimentos, grãos, tubérculos, pescados, extrativismo e a produção animal, entre eles a bovinocultura.

Apesar de ser explorada comercialmente há séculos, os bovinos Curraleiro Pé-duro foram agrupados e padronizados recentemente como raça. Ainda não são plenamente conhecidos com relação aos desempenhos, composição genéticas dos rebanhos ou características de carcaça.

Trabalhos importantes como de Serrano et al. (2004), Egito et al. (2005), Carvalho et al. (2022), entre outros, têm associados as distâncias genéticas do CPD em relação à outras raças, como também alguns indicativos da composição genética destes animais, no entanto, os animais criados na Região Meio-Norte (Piauí e Maranhão), ainda não foram dispostos em estudo com amostragem representativa, avaliando prováveis efeitos da distância geográfica e agrupamentos entre estes. Há registros de que o Núcleo de Conservação *in situ* da EMBRAPA foi o fornecedor de animais comum para os criadores desta região, gerando a hipótese de que haja efeitos sob a diversidade genética da população de animais desta raça que ainda é pouco numerosa.

Investigações com um rebanho CPD criados na Paraíba têm indicado o uso de instrumentos simples como fita métrica para estimar o peso corporal (NASCIMENTO et al., 2019), induzindo à hipótese de que possa se obter modelos preditivos de peso eficientes e adequados à toda população de CPD. A hipótese advinda desta análise induz a investigação dedutiva que inclua outros métodos estatísticos em dados obtidos em multirebanhos, consequentemente maior amostra e a inclusão de métodos estatísticos mais robustos para construir modelos preditivos de peso a partir de medidas morfométricas eficientemente.

Por fim, trabalhos (AFONSO et al., 2020 e CARVALHO et al., 2017) têm indicado particularidades do CPD, entre outros de menor porte corporal e promissoras medidas de carcaças em relação à outras raças e cruzamentos com CPD ao abate. Esses resultados

promissores em lotes preparados para o abate induz à formulação da hipótese de que os animais desta raça dispostos em rebanhos comerciais apresentem também medidas de carcaça, como AOL e EGS satisfatórias, provavelmente com diferenças substanciais em função dos rebanhos e idades.

### **3 OBJETIVO GERAL**

Elucidar a estrutura e diversidade genética a partir dos genótipos e a partir dos fenótipos estabelecer equações preditivas de peso corporal com base em medidas morfométricas e, ainda, caracterizar as medidas de carcaça dos bovinos da raça Curraleiro Pé-duro criados em propriedades localizadas na região Meio-Norte do Brasil.

## 4 REFERENCIAL TEORICO

### 4.1 Importância social da bovinocultura

A produção de alimentos por meio da bovinocultura está consolidada como uma das principais atividades econômicas globais, que ocorre em diversos biomas, sob variadas condições edafoclimáticas, especialmente tropicais. Existem 1.200 raças de bovinos, que perfazem aproximadamente 1 bilhão de animais, dentre esses as raças nativas (FAO, 2022).

A variabilidade genética dos indivíduos da espécie *Bos taurus* spp. incide também quanto a habilidade de cada animal em sobreviver e produzir proteína de alto valor biológico para a humanidade. No mundo as áreas de exploração pecuária estão limitadas, e as condições de produção vêm se ajustando, restando à pecuária áreas mais desafiadoras, e mesmo as regiões consolidadas pela atividade pecuária têm sofrido dificuldades em manter a produção de carne bovina de forma competitiva, o que tem voltado a atenção dos pecuaristas para animais mais rústicos e funcionais, que consigam produzir nas condições disponíveis (FAO. 2010).

No Texas (EUA) os animais menores, de manejo fácil e mais adaptados têm tomado a frente como mais eficientes (HAMMACK, 2008), na Nova Zelândia foi desenvolvida a linhagem de *Friesian* neozelandesa, especializada em alimentação por pastejo, de menor porte, menos produtiva, no entanto mais resistentes as doenças e com melhor eficiência reprodutiva (MADALENA, 2007). Além de que, o uso descontrolado de raças exóticas tem provocado perdas à atividade pecuária local em diferentes partes do mundo. Na Índia, um dos países de origem do zebu, há indícios de fragilização da pecuária pela inserção desreguladas de animais exóticos, onde, linhagens históricas de zebus, puras, têm sofrido cruzamentos descontrolados, repercutindo em declínio de suas raças de bovinos nativas (SRIVASTAVA et al., 2019).

Estando evidente ser prejudicial à bovinocultura mundial, o uso de apenas algumas raças, passa-se a conceber para a bovinocultura a estratégia de não estar restrita ao uso dos grandes animais de raças continentais, britânicas, tão pouco pode-se arriscar limitando a produção de carne ao uso de apenas algumas raças.

Gandini et al. (2007) indicaram que animais da raça Holandesa, que é a principal raça comercial do mundo, foram menos eficientes que uma raça local do norte da Itália: *Reggiana*. Animais desta raça ameaçada de extinção, mostraram-se melhores reprodutivamente, com

menores custos com alimentação e outros manejos, classificando-os como mais lucrativos em quase dois mil euros por animal ao ano.

Raças nativas são menos propensas a desenvolver doenças. Segundo FAO (2010) doenças causadas por carrapatos, parasitas gastrointestinais, insetos e outros, normalmente difíceis no tratamento terapêutico, que oneram o custo de criação, têm efeitos menores ou não se desenvolvem em animais de raças nativas. Na África, bovinos interrompem ciclos de transmissão de zoonoses por microrganismos (MAIKAI et al., 2011).

Obviamente, que alguns agentes patogênicos como *Babesia bigemina*, *Brucella* spp., *Neospora caninum*, entre outros, afetam os animais adaptados, no entanto, nestes casos, o sistema imunológico de algumas raças nativas consegue promover estabilidade enzoótica, reduzindo a incidência de *Babesia* spp (JULIANO, et al., 2007) e há indícios de que alguns animais não desenvolvem brucelose ou outras doenças infecciosas de importância econômica para bovinocultura (FREITAS, 2018).

As condições de produção encontradas nos sertões brasileiros (Caatinga e Cerrado) podem ser limitantes à animais exigentes, as dificuldades em produzir alimento e as próprias condições de criação dos animais são desafiadoras. Passa-se a limitar o uso de algumas raças e consequentemente potencializar a utilização de animais mais adaptados ao meio (FIORAVANTI, 2020).

Portanto, há uma tendência de valorização dos animais funcionais, robustos e mais adaptados, principalmente nos países em desenvolvimento. Outrossim, tem-se claro casos de sucesso de raças nativas ou linhagens próprias de cada região, com animais testados nas condições ambientais. No entanto, para o sucesso de tal exploração econômica, faz-se necessário a gestão e contínuo melhoramento dos recursos genéticos de bovinos nativos, voltando a atenção aos proeminentes animais da Raça Curraleiro Pé-duro (CPD).

#### **4.2 Raça Curraleiro Pé-duro**

O Nordeste brasileiro comporta o primeiro local onde os colonizadores atracaram no continente Sul-Americano, e uma das primeiras e mais povoadas regiões durante o período colonial. Nesta região, animais vindos de Portugal e Espanha cruzaram-se de forma aleatória e passaram por longos períodos de seleção natural, de forma a produzir combinações gênicas específicas e favoráveis a sobrevivência no clima da região, formando assim, os bovinos da



raça Curraleiro Pé-duro - CPD. Ainda durante o período colonial animais formados no Brasil passaram a ajudar na colonização de Minas Gerais e Goiás, principalmente por vias fluviais pelo Rio das Velhas, Rio São Francisco e Tocantins, bem como pela faixa litorânea, difundindo-se pelo território brasileiro (VIANNA, 1927).

Consolidada como a principal raça de bovinos originada no Nordeste e uma das principais do Brasil central, os animais destacam-se pela adaptabilidade as condições climáticas, índices reprodutivos e resistência à doenças, entre outros.

Adaptadas à alimentação limitada e ao aproveitamento da flora nativa, sobrevivem a algumas plantas tóxicas como *Palicourea marcgravii* (SERODIO et al., 2019). Carvalho (2019) indica que os animais da raça ajustaram o comportamento ingestivo, passando a incluir arbustos e cactáceas.

Quando abatido aos 28 meses de idade, os machos apresentam em média 226 Kg de peso vivo; 146,60 cm de perímetro torácico; 25 cm de perímetro escrotal; 112,80 cm de altura de garupa, 107 cm de altura de cernelha; 100,87 Kg na carcaça quente; 46,70 cm<sup>2</sup> de área de olho de lombo; 43,30% de rendimento de carcaça; 6,99 Kg de força de cisalhamento e 23,19% de perda por cocção (CARVALHO, 2015).

Bianchini et al. (2006) identificaram que o CPD foi mais adaptado ao calor que as raças Nelore, Mocho Nacional, Holandês, Crioulo Lageano e Pantaneiros. Cardoso et al. (2016) indicam através de imagens termográficas que o CPD é mais hábil em manter menores temperaturas na área corporal, que outras raças nativas adaptadas como o Pantaneiro, ou raças zebuínas como o Nelore, de forma significativa ( $p < 0,001$ ). Segundo os autores supracitados, essa melhor tolerância ao calor é devida entre outros, à maior espessura de pelame, maior espessura de pelos, capacidade de aumentar o número de pelos nas épocas mais quentes do ano, boa pigmentação da epiderme, superior percentual do pelame pigmentado e de área de glândula.

Essas características morfológicas superiores são herdáveis, transmitidas entre as gerações, bem como as características relacionadas à carcaça, qualidade da carne, eficiência reprodutiva, entre outros. Assim, tem-se indícios que projetam a hipótese de que se promovido a devida atenção ao melhoramento genético da raça, buscando associar as características de interesse econômico, obterá a definição dos animais cuja genética compreende recurso valioso à pecuária nacional, e com o aumento das frequências dos genes de maior interesse à atividade, a formação de animais mais produtivos, e economicamente mais eficientes pelo uso da genética CPD na pecuária nacional.

### 4.3 Marcadores microssatélites

A influência do genótipo de cada indivíduo à estrutura genética da população é influenciada pela variação do número de alelos para cada microssatélite, em que a ocorrência de polimorfismos projeta a diversidade de alelos expresso em número de alelos diferentes (NA). Em estudos de genética quantitativa Hartl e Clark (2010) indicam que o loco para ser considerado polimórfico não deve apresentar em um único alelo frequência superior a 95 ou 99% da população.

O número de indivíduos heterozigotos em uma população ( $2pq$ ) Nei (1987) remete a obtenção da diversidade genética da heterozigosidade esperada.

$$H = 1 - \sum_i^m p_i^2$$

onde,

$p_i$  é a frequência populacional do  $i$ -ésimo alelo do loco

$m$  é o número de alelos

Botstein et al. (1980) classificou o quão informativo são os marcadores microssatélites de acordo com a estimativa de Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC), em que marcadores com valores de PIC superiores a 0,5 são considerados muito informativos, com valores entre 0,25 e 0,50 mediantemente informativos, e com valores inferiores a 0,25, pouco informativos.

Considerando que a distribuição dos genótipos pode não ser aleatória, tem-se quantidade de heterozigotos de acordo com os acasalamentos, deriva e seleção; para tanto Wright (1943, 1951) desenvolveu a estatística  $F$  a partir das variâncias, que permite estimar endogamia sob diferentes perspectivas:  $F_{ST}$  que avalia a diferenciação genética entre subpopulações,  $F_{IT}$  dos indivíduos em relação ao total e  $F_{IS}$  que dá uma ideia da variância dos indivíduos em relação à sub-população pela estimação dos endocruzamentos dentro das subpopulações. Analogamente Nei (1978) desenvolveu equações altamente correlacionadas com as de Wright (1943), no entanto a partir das heterozigosidade, capazes de estimar a estrutura populacional de uma forma mais célere.

#### 4.4 Tecnologias para a escrituração zootécnica

Além que particularidades culturais, existem limitações de ordem diversas que incidem sobre os manejos dos bovinos. Entre os registros comuns à bovinocultura tem-se as coberturas/acasalamento, os nascimentos, os parentescos, os incidentes e principalmente os pesos.

O peso é a medida que a quase totalidades dos produtos da bovinocultura são comercializados, o produto final que é adquirido em Kg é uma fração do peso da carcaça do animal abatido no frigorífico, que por sua vez é uma parcela do peso vivo do animal ao nascimento, desmame, sobreano e abate. Portanto, pesar o animal é crucial não apenas para promover-se o melhoramento genético animal, mas para todas as atividades intrínsecas da criação de bovinos.

Em uma propriedade pequena de 32 hectares com 45 vacas, Paulino (2023) consideram o tronco de contenção com balança uma boa alternativa à bovinocultura, possibilitando manejos de inseminação artificial, entre outros; o que segundo eles viabilizam financeiramente o investimento no equipamento. Ocorre que, as variáveis econômicas, incluindo a fonte de recursos que pode ser financiamento bancários com juros diversos pode não ser acessível à alguns produtores ou inviabilizar a regularidade financeira do negócio pelo comprometimento do fluxo de caixa.

Tendo o peso como essencial, e a dispendiosidade do principal equipamento utilizado, passa-se a deslumbrar alternativas, entre eles a estimação do peso dos animais de forma indireta. Neste sentido diversas estratégias existem, as mais recentes baseiam-se em visão computacional (Dohmen, Catal e Liu, 2020), sendo comum o uso de medidas morfométricas, destacando-se o perímetro torácico, PT, (Washaya, Bvirwa, e Nyamushamba, 2021), entre outras baseada em fitas “Weighing” e “Rondo”, fórmulas matemáticas amplamente disseminadas: formula de Schaeffer, Tabela de associação de cada PT com indicação de um peso provável e calculadoras (Wangchuk, Wangdi e Mindu, 2017).

Todos os métodos apresentam alguma assertividade, e obviamente admite-se imprecisões. Sendo amplamente sustentado a ocorrência de métodos de estimação do peso de bovinos, e em muitos casos com especificidades raciais ou de grupo de animais em cada proposta disposta. Permitindo a escrituração zootécnica a partir do peso predito.

#### 4.5 Transmissibilidade das características de carcaça em bovinos

Somente parte da variabilidade presente nas características de carcaça são herdáveis, transmissíveis à próxima geração, por meio do efeito genético aditivo. Conforme a amplitude da  $h^2$ , que vai de 0 à 1; segundo Utrera e Van Vleck (2004), as características de marmoreio nunca apresentam  $h^2$  inferior a 0,30, podendo chegar à 0,57. Assim a seleção dos animais que apresentam as melhores carcaças para serem os reprodutores(as) em cada fazenda, os quais apresentam maiores proporções de gordura intramuscular (GI) ou marmoreio (MAR), além das demais características indicadas pela ultrassonografia, resultariam em rápidos incrementos na próxima geração, por meio da seleção genética adequada.

A revisão de Park et al. (2018) indicam que a gordura intramuscular (GI) ou marmoreio (MAR) é o principal atributo dos melhores produtos cárneos. Produzir um bom animal, cuja carcaça compreenda alimento de qualidade, envolve complexas interações indissociáveis entre nutrição, manejo e genética. Por sequência, a hiperplasia, hipertrofia e a adipogênese a partir de células-tronco mesenquimais desde a gestação dos bezerros, deixa claro que a genética é a base, para que a associação nutrição e manejos consigam cooperar para obtenção dos animais demandados nos melhores mercados.

Animais CPD comparados com animais da raça Nelore puros e animais provenientes de outros três cruzamentos, CPDXNelore, ((CPDXNelore)Angus), ((CPDXNelore)XSenepol), nascem mais leves, e se mantém nesta posição em relação aos demais genótipos até a desmama, no entanto, já não inferior significativamente ( $P < 0,05$ ) ao Nelore, toda via, não superando o peso dos animais cruzados, provavelmente devido ao efeito da heterose. No entanto, podendo ser abatido com a mesma idade que os demais, igualando-se estatisticamente aos cruzados  $\frac{1}{2}$  Senepol em Área de Olho de Lombo (AOL) e Espessura de Gordura Subcutanea (EGS), e apresentando-se equivalente ( $P < 0,05$ ) aos cruzados  $\frac{1}{2}$  Angus para rendimento de carcaça (AFONSO, 2018).

Trabalhando com mais animais CPD, Nelore e o cruzamento CPDXNelore, Carvalho et al.(2017) também indicaram o CPD menos pesado, sendo o CPD superior ao Nelore em alguns aspectos associados a qualidade da carne, com maior intensidade de vermelho (13,1), no entanto, com dados de AOL e EGS tomados aos 210 dias, muito antes do recomendado por Yokoo et al. (2011) e Rocha-Silva et al. (2011), os quais indicam que essas medidas sejam

tomadas ao sobreano, principalmente por coincidir com a deposição do tecido adiposo, por ser de desenvolvimento tardio.

Em função de serem da sub-espécie *Bos taurus taurus*, espera-se identificar animais CPD portadores de genes que contribuem para melhores carcaças. Segundo as explicações de Park et al. (2018), compreende-se que é muito provável que alguns animais Curraleiro Pé-duro não tenham imprimido em suas proles carcaças melhores em função dos fatores ambientais e de manejo, como idade ao desmame, castração, idade de abate, peso ao abate e condições nutricionais.

Purfiel et al. (2019), estudando mais de 2 milhões de bovinos, indicam que as características de peso da carcaça, conformação e cobertura de gordura são geneticamente influenciadas por alguns genes tidos como principais: MSTN e NCAPG/LCORL, localizados respectivamente nos cromossomos BTA2 e BTA6, mas, a maior variância se dá em função dos efeitos aditivos de muitos polimorfismos de pequeno efeito. Os animais CPD provavelmente são portadores de alguns desses polimorfismos e até de alguns desses genes, precisa-se identificar genética e fenotipicamente, com vistas aos aumentos das frequências dos genes desejáveis na população.

Características de carcaça podem ser melhoradas de forma mais célere nos bovinos CPD, se comparadas as características reprodutivas que apresentam as menores herdabilidades ( $h^2$ ). Lopez et al. (2019) identificaram  $h^2$  de 0,01 a no máximo 0,14 para características reprodutivas. Claramente espera-se o aperfeiçoamento das características de carcaça em poucas gerações, e as características reprodutivas em mais gerações, ambas condicionadas a devida identificação e seleção dos animais.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AFONSO, T. M., CARVALHO, G. M. C., HADLICH, J. C., RODRIGUES, V. D. S., BARROS, D. A., VASCONCELOS, A. B. D., e IGARASI, M. S. Use of crosses for sustainability in livestock farming in the Brazilian Meio-Norte region. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 49, 2020. • <https://doi.org/10.1590/S1806-92902017000500004>

BIANCHINI, E., MCMANUS, C., LUCCI, C. M., FERNANDES, M. C. B., PRESCOTT, E., MARIANTE, A. D. S., e EGITO, A. A. D. (2006). Características corporais associadas com a adaptação ao calor em bovinos naturalizados brasileiros. **Pesquisa agropecuária brasileira**, 41, 1443-1448, 2006. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2006000900014>

BOTSTEIN, D., WHITE, R. L., SKOLNICK, M., & DAVIS, R. W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American journal of human genetics**, 32(3), 314, 1980. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1686077/>

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria 1.150, de 17 de dezembro de 2012. Reconhece a raça de bovinos denominada Curraleiro Pé-Duro e estabelece outras medidas para sua conservação. Diário Oficial da União, Brasília, 17 dez. 2012. Seção 1, Edição 242, p. 2.

CARDOSO, C. C., LIMA, F. G., FIORAVANTI, M. C. S., EGITO, A. A. D., SILVA, F. C. D. P. E., TANURE, C. B., e MCMANUS, C. Heat tolerance in Curraleiro Pe-Duro, Pantaneiro and Nelore cattle using thermographic images. **Animals**, 6(2), 9, 2016. <https://doi.org/10.3390/ani6020009>

CARVALHO, G., QUIRINO, C.R., PAIVA, S.R., BLACKBURN, H.D.. Distância genética de bovinos Curraleiro Pé-Duro em relação a outras raças criadas no Brasil e nos Estados Unidos avaliadas com microssatélites. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal** , n.30, n.2, p.:89–99, 2022. <https://doi.org/10.53588/alpa.300202>

CARVALHO, G.M.C. Aspectos técnicos e científicos para a produção de bovinos compostos, tropicalmente adaptados, com o uso de recursos genéticos brasileiros. **Comunicado Técnico**. EMBRAPA, Teresina: 2019. Disponível em:<<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1115185/1/Comunicado253AINFO.pdf>>. Acessado em 15 de julho de 2023.

CARVALHO, G.M.C. **Curraleiro Pé-Duro: germoplasma estratégico do Brasil**. Brasília: 2015. 286 p.

CARVALHO, G. M. C.; FROTA, M. N. L.; LIMA NETO, A. F.; AZEVÊDO, D. M. M. R.; ARAUJO Neto, R. B.; Araujo, A. M.; Pereira, E. S. e Carneiro, M. S. S. Live weight, carcass, and meat evaluation of Nelore, Curraleiro Pé-Duro, and their crossbred products in Piauí State. **Revista Brasileira de Zootecnia** n.46, p.393-399, 2017. <https://doi.org/10.1590/s1806-92902017000500004>

de DEUS, A. R. S., SILVA, G. R., SENA, L. S., BRITTO, F. B., DE CARVALHO, D. A., DE FREITAS, J. V. G., E SARMENTO, J. L. R. Comparison of kinship estimates in Santa Inês sheep using microsatellite and genome-wide SNP markers. **Small Ruminant Research**, 201, 106399, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2021.106399>

DOHMEN, R., CATAL, C., & LIU, Q. Computer vision-based weight estimation of livestock: a systematic literature review. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 65(2-3), 227-247. 2022. <https://doi.org/10.1080/00288233.2021.1876107>

FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Situação Mundial dos Recursos Genéticos animais para agricultura e alimentação**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia Brasília, DF, 2010. 42 p.

FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Statistical Yearbook 2021**. Roma, 2021, 353 p. Disponível em: <<https://www.fao.org/3/cb4477en/cb4477en.pdf>>.

FIORAVANTI, M.C. Raças bovinas locais: a base da inovação da pecuária moderna. **Palestra no Canal Agroverdades**. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=AvOjNgyRMkw&t=4291s>>. Publicada em 30 de setembro de 2020.

FREITAS, T.M.S. SNPs e microssatélites na caracterização racial e de resistência a enfermidades em bovinos da raça Curraleiro Pé-duro. **Tese**. Universidade Federal de Goiás, 2018.

GANDINI, G., MALTECCA, C., PIZZI, F., BAGNATO, A., e RIZZI, R. Comparing local and commercial breeds on functional traits and profitability: the case of Reggiana dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 90, n. 4, p. 2004-2011, 2007. <https://doi.org/10.3168/jds.2006-204>

HAMMACK, S.P. Texas adapted genetic strategies for beef cattle V: Type and breed characteristics and uses. **Texas Farmer Collection**, 2008. Disponível em: <[https://oaktrust.library.tamu.edu/bitstream/handle/1969.1/87842/pdf\\_964.pdf?sequence=1&isAllowed=y](https://oaktrust.library.tamu.edu/bitstream/handle/1969.1/87842/pdf_964.pdf?sequence=1&isAllowed=y)>. Acesso em 15 de julho de 2023.

HARTL, D.L.; CLARK, A.G. **Princípios de Genética de Populações**. 4 ed. Artmed Editora, 2010.

JULIANO, R. S., MACHADO, R. Z., FIORAVANTI, M. C. S., ANDRADE, G. M., e JAYME, V. D. S Soroepidemiologia da babesiose em rebanho de bovinos da raça Curraleiro. **Cienc. Rural**, p. 1387-1392, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782007000500026>

MADALENA, F. **Comparações entre o Friesian da Nova Zelândia e o Hostein internacional**. Publicado em 2007. Disponível em : <[http://www.fernandomadalena.com/site\\_arquivos/701.pdf](http://www.fernandomadalena.com/site_arquivos/701.pdf)>. Acessado em 9 de outubro de 2022.

MAIKAI, B. V., UMOH, J. U., KWAGA, J. K., LAWAL, I. A., MAIKAI, V. A., CAMA, V., e XIAO, L. Molecular characterization of *Cryptosporidium* spp. in native breeds of cattle in Kaduna State, Nigeria. **Veterinary Parasitology**, v. 178, n. 3-4, p. 241-245, 2011. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.12.048>

NASCIMENTO, G. V., DE MEDEIROS, G. R., DA SILVA, C. T., DA SILVA NEVES, R., RAMOS, C. T. C., DE LIRA, E. C., e MELO, M. N. Avaliação da eficiência do uso da fita métrica para estimativa do peso corporal em bovinos Curraleiro Pé-Duro. **Brazilian Journal of Development**, v. 5, n. 9, p. 16470-16478, 2019. [DOI:10.34117/bjdv5n9-195](https://doi.org/10.34117/bjdv5n9-195)

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583-590, 1978. <https://doi.org/10.1093/genetics/89.3.583>

NEI, M. **Molecular evolutionary genetics**. Columbia University Press, Nova York, 1987.

PAULINO, L.O. viabilidade econômica de investir em tronco de contenção e balança digital para bovino: estudo de caso. Trabalho de Conclusão de Curso de Bacharel em Zootecnia,

PARK, S. J., BEAK, S. H., KIM, S. Y., JEONG, I. H., PIAO, M. Y., KANG, H. J., e BAIK, M. Genetic, management, and nutritional factors affecting intramuscular fat deposition in beef cattle—A review. **Asian-Australasian journal of animal sciences**, v. 31, n. 7, p. 1043, 2018. <https://doi.org/10.5713%2Fajas.18.0310>

PURFIELD, D. C., EVANS, R. D. and BERRY, D. P. Reaffirmation of known major genes and the identification of novel candidate genes associated with carcass-related metrics based on whole genome sequence within a large multi-breed cattle population. **BMC Genomics**, 720 (20). 2019. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6071-9>

ROCHA-SILVA, M. R., DE PAULA, E. J. H., OLIVEIRA, D. F. P., CERVELATI, K. F., e PINHEIRO, M. D. S. M. Uso da técnica de ultrassonografia na avaliação da carcaça de bovinos in vivo. **PUBVET**, Londrina, V. 5, N. 21, Ed. 168, Art. 1134, 2011. <https://doi.org/10.22256/pubvet.v5n21.1134>

ROCHA, A. O., CARVALHO, D. A., SARMENTO, J. L. R., CARVALHO, A. A., e BARBOSA, B. L. Polimorfismo no gene do receptor da leptina em raças brasileiras de galinhas caipiras (*Gallus gallus*). **Revista Científica de Produção Animal**. v.21, n.2, p.45-48, 2019. <http://dx.doi.org/10.5935/2176-4158/rcpa.v21n2p45-48>

SERRANO, G. M., EGITO, A. A. D., MCMANUS, C., e MARIANTE, A. D. S. Genetic diversity and population structure of Brazilian native bovine breeds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, p. 543-549, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004000600005>

SERODIO, J.J., CASTRO, L.T.S., MORAIS, T.L., CUNHA, R.D.S., SANT'ANA, F.J.F., JULIANO, R.S., BORGES. J.R.J., FIORAVANTI, M.C.S., e CUNHA, P.H.J. Resistance between Nellore, Curraleiro Pé-duro and Pantaneiro cattle to experimental toxicaction of *Palicourea marcgravii*. **Toxicon**, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.toxicon.2019.07.008>

SILVA, M. C., BOAVENTURA, V. M., e FIORAVANTI, M. C. S. **História do povoamento bovino no Brasil Central**. Revista UFG, 13,13, 2012.

SRIVASTAVA, A. K., PATEL, J. B., ANKUYA, K. J., CHAUHAN, H. D., PAWAR, M. M., e GUPTA, J. P. Conservation of Indigenous Cattle Breeds. **Journal of Animal Research**. v.9, n.1, p. 12., 2019, <http://dx.doi.org/10.30954/2277-940X.01.2019.1>

UTRERA A.R., e VAN VLECK L.D. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. **Genetic Molecular Research**, 30;3,3, p.380-94, 2004. PMID: 15614729. Disponível em:< <http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2004/vol3-3/pdf/gmr0102.pdf>>, Acessado em 15 de julho de 2023.

VIANNA, U. **Sobre o Gado Curraleiro: notas históricas, informações e dados para conhecimento e estudo das raças formadoras**. 1.ed. Rio de Janeiro: Jornal do Brasil, 1927. 41p.



WASHAYA, S., BVIRWA, W., & NYAMUSHAMBA, G. Use of Body Linear Measurements to Estimate Live Weight in Communal Beef Cattle. *Journal of Environmental and Agricultural Studies*, 2(2), 11-20. 2021. <https://doi.org/10.32996/jeas.2021.2.2.2>

WANGCHUK, K., WANGDI, J., & MINDU, M.. Comparison and reliability of techniques to estimate live cattle body weight. *Journal of Applied Animal Research*, 46(1), 349-352. 2018. <https://doi.org/10.1080/09712119.2017.1302876>

WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, v. 16, n. 2, p. 97, 1931. <https://doi.org/10.1093%2Fgenetics%2F16.2.97>

WRIGHT, S. An analysis of local variability of flower color in *Linanthus parryae*. *Genetics*, v. 28, n. 2, p. 139, 1943. <https://doi.org/10.1093%2Fgenetics%2F28.2.139>

YOKOO, M., MAGNABOSCO, C. D. U., GONZALEZ, R., de FARIA, C. U., ARAUJO, F. D. C., ROSA, G., e de ALBUQUERQUE, L. G. Avaliação genética de características de carcaça utilizando a técnica do ultrassom em bovinos de corte. *Embrapa Pecuária Sul-Documentos* (INFOTECA-E), 2011. 36 p. Disponível em:< <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/922961/1/DT115.pdf>>, Acessado em 15 de julho de 2023.

**CAPÍTULO I –****ADVANCES IN THE IDENTIFICATION OF CANDIDATE GENES FOR  
SELECTION OF CATTLE FOR LOIN EYE : A SYSTEMATIC REVIEW\***

---

\* Artigo submetido as normas do periódico “**Scientia Agraria Paranaensis**” (ISSN 1983-1471).

**[SAP] Decisão editorial**

Fabíola Villa <fvilla2003@hotmail.com>

Sex, 23/09/2022 19:36

Para: Mérik Rocha-Silva <merikrocha@hotmail.com>; Jo'se Lindenberg Rocha Sarmiento <sarmiento@ufpi.edu.br>; Luciano Silva Sena <lucianosbj@hotmail.com>

Mérik Rocha-Silva, Jo'se Lindenberg Rocha Sarmiento; Luciano Silva Sena:

Nós chegamos a uma decisão referente a sua submissão para o periódico Scientia Agraria Paranaensis, "AVANÇOS NA IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS À SELEÇÃO DE BOVINOS PARA ÁREA DE OLHO DE LOMBO: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA".

Nossa decisão é de: Aceitar a Submissão

## ADVANCES IN THE IDENTIFICATION OF CANDIDATE GENES FOR SELECTION OF CATTLE FOR LOIN EYE AREA: A SYSTEMATIC REVIEW

**ABSTRACT:** In this systematic review, we aimed to clarify which genes or genomic regions influence the development of the *Longissimus dorsi and thoracis* muscle in cattle. An integrative review was performed based on quantitative and qualitative data published on PubMed, using the search criteria “ribeye area AND carcass AND taurus”. We verified significant influence of the breed origin, so that, provided environmental effects that benefit the formation of muscle tissues, with the proportional allometric growth, the fat deposition will not be affected; however, there are nutritional limitations for the development of all tissues in commercial livestock production systems. The diversity of genes and SNPs associated with loin eye area (LEA) allow the conduction of investigations within breed, associating LEA with traits of economical importance that are difficult to measure, such as those related to reproduction. The processes associated with the expression of the genes reported in this review represent a frontier that will be crossed by the omics sciences.

**Key words:** BTA 14, Hanwoo, *Longissimus dorsi e thoracis*, yield index

## AVANÇOS NA IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS À SELEÇÃO DE BOVINOS PARA ÁREA DE OLHO DE LOMBO: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

**RESUMO:** Nesta revisão sistemática, objetivamos esclarecer quais genes ou regiões genômicas influenciam o desenvolvimento do conjunto de músculos denominado *Longissimus dorsi*, principalmente o *Longissimus thoracis*, em bovinos. Uma revisão integrativa foi realizada com base em dados publicizados de forma quantitativa e qualitativa com todas as publicações da PubMed, utilizando os critérios de busca “ribeye area AND carcass AND taurus”. Constatou-se que há significativas influências de origem racial, de modo que, sendo proporcionados efeitos ambientais que favoreçam a formação dos tecidos musculares, com o devido crescimento alométrico, não haverá prejuízo no desenvolvimento muscular; todavia, é presumível haver limitações nutricionais para o desenvolvimento de todos os tecidos em sistemas comerciais de exploração. A diversidade de genes e SNPs associados projetam lastro para realização de investigações, individualizados por raça, associando AOL com

características de importância econômica difíceis de mensurar, como aquelas relacionadas à reprodução. Os processos associados à expressão dos genes citados nesta revisão projetam-se como fronteira a ser percorrida pelas ciências ômicas.

**Palavras-chave:** BTA 14, Hanwoo, índice de rendimento, *Longissimus dorsi*.

## INTRODUCTION

Human feeding has been always associated with the development of production technologies, processing, and consumption. In this sense, beef was obtained through extractivism for thousands of years, until it became a product of several processes of breeding, slaughter, and commercialization. The consumption was intensified by the population growth and made most breeders adjust their livestock production systems.

For decades, the diameter of the diameter of the *Longissimus thoracis* muscle has been measured during the slaughter, through a cut between the 12<sup>th</sup> and 13<sup>th</sup> ribs of the left side of the carcass. The outline of this measurement is commonly used to estimate the ribeye area (REA) or loin eye area (LEA) (FELICIO, 2018). LEA data obtained *in vivo* by ultrasound have been used in the routine of several beef cattle farms, in order to help in the genetic selection and culling processes.

The genetic basis of LEA has been studied for decades and variations have been found between breeds and between animals of the same breed for this trait. This variation justifies the selection of breeding animals based on data of the phenotype LEA, along with information of pedigree and/or molecular markers.

The phenotypic expression of LEA has a complex influence of several environmental and genetic variables. Furthermore, there are genetic and physiological interactions between LEA and other phenotypes, which are strongly influenced by the production systems.

The objective of this systematic review was to clarify which genes or genomic regions influences the development of the *Longissimus thoracis* muscle in cattle.

## METHODOLOGY

### *Systematic review*

An exploratory search was conducted using the Integrative Review methodology based on published data, quantitative or qualitatively, according to DE-LA-TORRE-UGARTE-GUANILO et al. (2011).

Given the problematic, the next step consisted of defining the criteria of inclusion or exclusion. The English language was selected due to the great number of scientific publications in this language. Subsequently, we chose the database for indexation.

### *Defining the database*

Considering that, the effectiveness of the process of synthesis is in the technical compilation of the main publications and not in the huge volume of articles, it was essential that the database included the main journals. In this case, some of the most prominent journals in the field of Animal Sciences are Journal of Animal Science, PlosOne, Animals, Frontiers in Genetics, and BMC Genomics.

A strategy of using more than one database is acceptable; however, sometimes this strategy does not result in gains of efficiency for obtaining manuscripts. Other systematic reviews considered the database selected in the current study (PubMed) along with others. This resulted in a significant number of duplicate papers so that 42% of the publications obtained using more than one database had to be removed (BAIAK et al., 2019).

In this context, using a single and appropriate database for indexation seems the most efficient strategy. This is corroborated by the fact that the PubMed database has only two main knowledge fields, which include important journals in the field of Agrarian Sciences (UFU, 2016).

The PubMed (PMC) database was selected accessing the Federated Academic Community (CAFe) that is maintained by the Brazilian National Research and Educational Network (RNP), via the Federal University of Piauí (UFPI). The PMC database is organized by the National Center for Biotechnology Information, 8600 Rockville Pike, Bethesda MD, 20894, EUA. The database related to the field of Health is the search engine for accessing the

MEDLINE (Medical Literature Analysis and Retrieval System Online), which indexes more than 5,000 journals with content related to biotechnologies.

#### *Literature search strategy*

The advanced module of the search system was selected and the following terms were used: “rib eye area” (name of the variable); “carcass” (the group of traits of interest); and “taurus” (species of interest).

The terms were submitted to verification in all fields, in order to show the papers that could be selected. All references were exported to the Mendeley Desktop software v1.19.4, adjusted for the Brazilian norms (NBR) 6022 and 6023.

The relevance of the selected papers was based on the use of the diameter of the *Longissimus dorsi e thoracis* muscle, provided that LEA was the main or secondary trait used in the study. In this step, articles that had not a minimum content about LEA in cattle were discarded.

## **RESULTS AND DISCUSSION**

The search resulted in 103 articles, which were read in fact. Subsequently, papers that had not enough data, had not a minimum of information about the genetic basis of LEA in cattle or did not show evidence that contributed to clarifying the genetic origin of this trait were removed. Therefore, 48 articles were used for the following discussion.

There are few variations of LEA among animals of breeds with similar frames: for example, Angus, Wagyu, and Jersey. No significant differences were found among these breeds. However, Angus breed showed the lowest subcutaneous fat kidney proportion ( $p = 0.01$ ) (JABOREK et al., 2019).

Based on more than 150,000 records of LEA collected by certified technicians, the variations among animals were very expressive. At least 13.8 standard deviations were observed in all breeds. The mean LEA of animals of continental breeds such as Simmental (86 cm<sup>2</sup>) was higher than that observed in British breeds, such as Angus (78.2 cm<sup>2</sup>) (SCHMIDT et

al., 2020). Crossings are used for the manipulation of LEA in cattle. Animals of the Brangus breed, for instance, have mean LEA significantly higher (81.14 cm<sup>2</sup>) than zebu cattle that were not crossed with taurines (73.23 cm<sup>2</sup>), which showed the lowest LEA ( $P < 0.05$ ) (FLOWERS et al., 2018).

The LEA trait has the lowest number of genes involved in its expression (from 167 to (LEE et al., 2020), in comparison to phenotypes such as fat thickness, carcass weight, and marbling (JABOREK et al., 2019).

The influence of genes on LEA is more evident during the slaughter age of the animals; however, since the embryonic phase, it is possible to identify differences among individuals as a function of their genetic differences. In this case, parental genomes explained the higher proportion of the variation in the size of myofibrils of the *Longissimus dorsi e thoracis* muscle. The paternal genome explained the higher variation of relative weight and the lower variation of the absolute weight ( $P < 0.05$ ). More than 20% of the variation was due to the gender of the offspring (XIANG et al., 2013).

After the Bonferroni correction, four single markers kept associated with LEA: RCAN1#5 ( $P = 0.0103$ ); CAPN12#1 ( $P = 0.0099$ ); LIPE#1 ( $P = 0.0177$ ); and CRHR1#1 ( $P = 0.0391$ ). In this case, the best association was CC+TT, in RCAN1, which is a key regulator of the nuclear factor of the calcineurin in the signaling pathway of activated T cells. These cells are essential for the growth and differentiation of skeletal muscles. No association was found of RCAN1 with any other traits in the study in the filial generation (F1) of crossbreds Wagyu X Angus (ZHANG et al., 2012).

The Fas gene (APO-1, TNFRSF6), located in the bovine chromosome 26 (BTA26), is associated with beef quality. Hanwoo cattle that have the Fas gene have higher deposition of intramuscular fat (KIM et al., 2016).

In genome-wide association studies, the bodyweight is the continuous variable most clearly associated with genes or sets of genes with higher relevancy to explain the genetic and phenotypic variances of the animals. In this sense, single nucleotide polymorphisms (SNPs) BTB-01280026 and Hapmap27934-BTC-065223, located on the chromosome BTA14, are the main polymorphisms within a group of dozens of SNPs. Nevertheless, there were no SNPs strongly associated with LEA. According to LEE et al. (2013), later studies also showed



associations in the chromosome BTA14 and included the BTA5 too. Neither BTA14 nor BTA5 is among the chromosomes more frequently studied for LEA in cattle (LEE et al., 2020).

Groups of genes present on chromosomes BTA 1, 6, 9, and 19 contributed to explaining, respectively, 2.27, 1.00, 2.22, and 1.00% of the genetic variation ( $\sigma_g$ ) of LEA. The chromosome BTA 14 showed the group of genes that gave the highest contribution (7.98% of  $\sigma_g$ ), namely: XKR4, TMEM68, TGS1, LYN, RPS20, MOS, PLAG1, CHCHD7, SDR16C5, SDR16C6, PENK, and LOC101907667 (NASERKHEIL et al., 2020).

The genes XKR4, TMEM68, LYN, PLAG1, CHCHD7, and PENK are also associated with carcass weight and weight at 1 year of age in cattle. Some of these genes are also associated with fat thickness. The expression of the TMEM68 gene is determined by microRNAs (miRNAs). The genes LYN and PENK influence physiologically the protein linkage. In addition, LYN regulates metabolic processes of lipids and interactions with the PECAM1 gene, which influence the feed intake, growth, and meat tenderness in cattle. The PLAG1 gene is involved in the growth of all multicellular organisms, influence the stature and meat tenderness in some cattle breeds (NASERKHEIL et al., 2020).

MUDADU et al. (2016) conducted a survey before research using Genome-Wide Association Studies (GWAS), to find genes associated with LEA in the literature. Genes such as TBC1D5, PPFIA2, PCDH9, OTP, OPN5, MAF, LOC786312, LOC618866, LOC528040, LOC516179, LOC515830, and GPR12 were indicated as probable influencers of LEA. However, those genes showed a low significance rate. Among the genes mentioned above, all those associated with LEA were also related to other traits.

Some analyses can also be performed using measurements derived from LEA. Polymorphisms of the DNMT1 gene affected significantly the width (DNMT3a) and length (DNMT3b) of the rib-eye (LIU et al., 2015). The markers ARS-BFGL-NGS-39006 and ARS-BFGL-NGS-100046 represented, respectively, 2.6 and 3.01 of the genotypic variation; whereas the markers NCBI rs109741381 and rs110527834 explained, respectively, 1.35 and 0.70 of the phenotypic variation of LEA (SUDRAJAD et al., 2016).

Nevertheless, some physiological processes were more clearly observed. The response to peptide, response to insulin, response to organonitrogen compound, response to peptide

hormone, and positive regulation of small molecule metabolic process represented, respectively, 14.1, 11.3, 19.7, 12.7, and 9.9% of the GeneRatio (LEE et al., 2020).

The diversity of candidate genes hinders studies that aim to rank these genes based on their effects. Another systematic review identified the frequency in which some genes were cited in the scientific literature, in order to identify those genes that had been reported at least 30 times. For most of the carcass traits, the minimum number of genes was identified, except for LEA. Therefore, the studies that investigated the genes that influence LEA were not enough to go over the pleiotropy and synergisms of genes necessary for the construction of this phenotype (LEE et al., 2020).

Thus, pleiotropic genes influence the LEA trait, so that the genetic variation of this trait is highly spread throughout the genetic material, which results in some variation among breeds. Animals of the Charolais breed, for example, have a lower number of quantitative trait loci (QTL) involved in the expression of LEA, in comparison to Hereford cattle. On the other hand, the chromosome BTA2 has a higher influence on LEA in Limousin and Red Angus cattle (SAATCHI et al., 2014).

### Heritability

The procedures involved in the collection of phenotypes in animals have different levels of difficulty. In the case of LEA, the measurement can be performed without the use of expensive resources, with laboratory analysis that can be carried out using samples available electronically (HERAS-SALDANA et al., 2019).

The loin eye area is one of the bovine traits that have the higher heritability ( $h^2$ ), with influent SNPs spread throughout all chromosomes (MUDADU et al., 2016). FERNANDES JÚNIOR et al. (2016) demonstrated that the genetic component represents a considerable but lower proportion of the phenotypic variation of LEA. The part of the variance that can be transmitted along the generations (additive genetic variance) is 10.88, which indicates that there are heritability estimates that range from moderate to high magnitude for LEA, as shown in Table 1.

Table 1 - Heritability estimates ( $h^2$ ) for loin eye area (LEA) in cattle.

Breed	N	$h^2$	Mean LEA ( $\text{cm}^2$ )	Author (s)
Hanwoo	2,969	0.23	81.8	DO et al. (2016)
Taurine	366	0.35	86.74	EKINE-DZIVENU et al. (2017)
Taurine	47	0.37	97.51	LU et al. (2013)
Hanwoo	218	0.43	82.99	MEHRBAN et al. (2017)
Hanwoo	11	0.41	81.1	LEE et al. (2013)
Nellore	283	0.44	51.4	CEACERO et al. (2016)
Hanwoo	215	0.33	95.8	CHUNG et al. (2020)
Angus	81,982	0.32	78.2	SCHMIDT et al. (2020)
Hereford	9,602	0.35	70.6	SCHMIDT et al. (2020)
Simmental	9,576	0.41	86	SCHMIDT et al. (2020)
Hanwoo	262	0.42	77.85	LEE et al. (2017)
Red Angus	9,227	0.41	71.06	BOLDT et al. (2018)
Nellore	69	0.55	60.45	MUDADU et al.(2016)

N: sample size.

The heritability estimates for LEA, which is rarely lower than 0.30, can be influenced by the breed (SCHMIDT et al., 2020). The LEA has one of the highest heritability estimates, with associated SNPs spread throughout the genome (MUDADU et al., 2016). The heritability for LEA measured *post-mortem* can be higher than that measured *in vivo* (BOLORMAA et al., 2014).

The phenotypic variation of LEA is more explained genes with additive effect ( $0.46 \pm 0.08$ ) in purebred animals (Angus, Charolais, Hereford, Simmental, and Limousin) than in crossbred individuals ( $0.38 \pm 0.03$ ). This is also valid for the effects of dominance, which is better explained in purebred cattle (AKANNO et al., 2018).

## Selection

In Hanwoo cattle with a selection differential of 3.34 was possible to obtain an average annual increase of 0.27 cm<sup>2</sup> of LEA as a genetic response to selection (PARK et al., 2013), as shown in Table 2. Furthermore, in the herd reported in the study mentioned above the carcass weight gain was simultaneously maintained for approximately 15 years.

Table 2. Evolution of carcass weight, loin eye area (LEA), and marbling in a herd of Hanwoo cattle.

Trait	Year							
	2001	2002	2004	2005	2006	2008	2009	2010
Carcass weight (kg)	345	358	379	378	385	405	413	419
LEA (cm <sup>2</sup> )	79.6	81.1	83.1	81.5	83.1	86.5	88.0	88.7
Marbling	3.4	3.5	4.2	4.9	4.8	5.0	5.3	5.2

Adapted from PARK et al. (2013).

Since 1974 there is an evolution in the bodyweight of the animals of the breeding program of Hanwoo cattle mentioned by Park et al. (2013). In addition, since 2010 they have also observed the evolution of LEA. In the case of the Korean Hanwoo cattle, the breeding has been directed towards the control of backfat, which was recently on average 8.6 mm (Park et al., 2013), that is considered an excessive value for this phenotype.

Some authors observed that adult males not castrated (n = 88,000) of different breeds reared under Australian tropical conditions tend to have larger LEA (83 cm<sup>2</sup>), whereas females of the same age reared under the same conditions (n = 101,000) have lower LEA (62.9 cm<sup>2</sup>) (BOERNER et al., 2014).

When different mixed models (GBLUP, BayesL, and six types of BayesC) were used to predict the genetic merit of genotyped Hanwoo beef cattle for LEA, the model GBLUP had the highest accuracy when the sample sizes represented half of the original training set. The BayesL model outperformed GBLUP when three-fourths of the original training set was used.

When the whole population was used, the model BayesC97 outperformed GBLUP. Therefore, the models mentioned above have different accuracies regarding the backfat thickness, carcass weight, LEA, and marbling score (MEHRBAN et al., 2017).

## CONCLUSION

Correlations of LEA with body mass are positive linear. The influence of LEA on fat thickness relies on the breed origin. Apparently, if the environmental effects are favorable to the formation of muscle tissues, with the appropriate allometric growth, the fat deposition will not be affected. Nevertheless, there are nutritional limitations for the development of all tissues in commercial livestock production systems.

Part of the feed efficiency can be better understood based on measurements obtained using ultrasonography. In this sense, the diameter of the *Longissimus dorsi* and *Longissimus thoracis* muscle can be partially used as an indicator of the body composition.

The diversity of genes and SNPs associated with LEA allow the conduction of studies within each cattle breed, associating LEA with other traits of economic importance that are more difficult to measure, such as those related to reproduction. The processes related to the expression of the genes mentioned in the current review represent a frontier that will be crossed by the omics sciences.

## ACKNOWLEDGEMENTS

The authors thank the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Brasil - Finance code 001.

## REFERENCES

AKANNO, E. C.; K ABO-ISMAIL, M.; CHEN, L.; CROWLEY, J.J.; WANG, Z.; LI, C.; BASARAB, J.A.; MACNEIL, M.D.; and PLASTOW, G.S. Modeling heterotic effects in beef

cattle using genome-wide SNP-marker genotypes. **Journal of Animal Science**, v.96, n.3, p.830–845, 2018. doi:[10.1093/jas/skx002](https://doi.org/10.1093/jas/skx002).

BAIAK, B. H. B.; LEHNEN, C.R.; and ROCHA, R.A. Anthelmintic resistance of injectable macrocyclic lactones in cattle: A systematic review and meta-analysis. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, v.28, n.1, p.59–67, 2019. doi: [10.1590/s1984-296120180093](https://doi.org/10.1590/s1984-296120180093).

BOERNER, V.; JOHNSTON, D.J. and Tier, B. Accuracies of genomically estimated breeding values from pure-breed and across-breed predictions in Australian beef cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.46, n. 61, 2014. doi: [10.1186/s12711-014-0061-9](https://doi.org/10.1186/s12711-014-0061-9).

BOLDT, R. J.; SPEIDEL, S.E.; THOMAS, M.G. and ENNS, R.M. Genetic parameters for fertility and production traits in Red Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v.96, n.10, p.4100–4111, 2018. doi: <https://doi.org/10.1093/jas/sky294>.

BOLORMAA, S.; PRYCE, J.E.; REVERTER, A.; ZHANG, Y.; ARENDSE, W.; KEMPER, K.; TIER, B.; SAVIN, K.; HAYES, B.J.; and GODDARD, M.E. A multi-trait, meta-analysis for detecting pleiotropic polymorphisms for stature, fatness and reproduction in beef cattle. **PLoS Genetics**, v.10, n.3, p.e1004198, 2014. doi:[10.1093/jas/skx002](https://doi.org/10.1093/jas/skx002).

CEACERO, T. M.; MERCADANTE, M.E.Z.; CYRILLO, J.N.S.G.; CANESIN, R.C.; BONILHA, S.F.M. ALBUQUERQUE, L.G. Phenotypic and genetic correlations of feed efficiency traits with growth and carcass traits in Nellore cattle selected for postweaning weight. **Plos One**, v.11, n.8, p.e0161366, 2016. DOI:[10.1371/journal.pone.0161366](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0161366).

CHUNG, Y.; LEE, S.H.; LEE, H.; LIM, D.; WERF, J.V.D. and LEE, S.H. THI modulation of genetic and non-genetic variance components for carcass traits in Hanwoo cattle. **Frontiers in Genetics**, v.11, p.576377, 2020. doi: [/10.3389/fgene.2020.576377](https://doi.org/10.3389/fgene.2020.576377).

DE-LA-TORRE-UGARTE-GUANILO, M.C.; TAKAHASHI, R.F.; and BERTOLOZZI, M.R. Systematic review: general notions. **Revista da Escola de Enfermagem da USP**, v.45, n.5, p.1260–1266, 2011. doi: [10.1590/S0080-62342011000500033](https://doi.org/10.1590/S0080-62342011000500033).

DO, C.; PARK, B.; KIM, S.; CHOI, T.; YANG, B.; PARK, S.; and SONG, H. Genetic parameter estimates of carcass traits under national scale breeding scheme for beef cattle. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.29, n.8, p.1083–1094, 2016. doi: [10.5713/ajas.15.0696](https://doi.org/10.5713/ajas.15.0696).

EKINE-DZIVENU, VINSKY, C.M.; BASARAB, J.A.; AALHUS, J.L.; DUGAN, M.E.R.; and LI, C. Phenotypic and genetic correlations of fatty acid composition in subcutaneous adipose tissue with carcass merit and meat tenderness traits in Canadian beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.95, n.12, p.5184–5196, 2017. doi:[10.2527/jas2017.1966](https://doi.org/10.2527/jas2017.1966).

FELICIO, P. E. Murphey equation: the basis for USDA carcass typification. Available from: <https://www.portaldbo.com.br/equacao-de-murphey-a-base-da-tipificacao-de-carcacas-do-usda/>. Posted on Dec 14, 2018. Accessed on Aug 29, 2022

FERNANDES JÚNIOR, G.A.; ROSA, G. J.; VALENTE, B. D.; CARVALHEIRO, R.; BALDI, F.; GARCIA, D. A.; and DE ALBUQUERQUE, L. G. Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nellore cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.48, n.7, 2016. Doi: [10.1186/s12711-016-0188-y](https://doi.org/10.1186/s12711-016-0188-y).

FLOWERS, S.; HAMBLIN, H.; LEAL-GUTIÉRREZ, J.D.; ELZO, M.A.; JOHNSON, D. D.; and MATEESCU, R.G. Fatty acid profile, mineral content, and palatability of beef from a multibreed Angus–Brahman population. **Journal of Animal Science**, v.96, n.10, p.4264–4275, 2018. Doi:[10.1093/jas/sky300](https://doi.org/10.1093/jas/sky300).

HARRIS, C. L. WANG, B.; DEAVILA, J. M.; BUSBOOM, J.R.; MAQUIVAR, M.; PARISH, S.M.; and DU, M. Vitamin A administration at birth promotes calf growth and intramuscular fat development in Angus beef cattle. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v.9, n.55, 2018. Doi: [10.1186/s40104-018-0268-7](https://doi.org/10.1186/s40104-018-0268-7).

HERAS-SALDANA, S.S.; CLARK, S.A.; DUIJVESTIEN, N.; GONDRO, C.; VAN DER WERF, J.H.; and CHEN, Y. Combining information from genome-wide association and multi-

tissue gene expression studies to elucidate factors underlying genetic variation for residual feed intake in Australian Angus cattle. **BMC Genomics**, v.20, n.939, 2019. Doi:[10.1186/s12864-019-6270-4](https://doi.org/10.1186/s12864-019-6270-4).

JABOREK, J. R. ZERBY, H.N.; MOELLER, S.J.; FLUHARTY, F.L.; and RELLING, A.E. Evaluation of feedlot performance, carcass characteristics, carcass retail cut distribution, Warner-Bratzler shear force, and fatty acid composition of purebred Jersey and crossbred Jersey steers. **Translational Animal Science**, v.3, n.4, p.1475–1491, 2019. doi:[10.1093/tas/txz110](https://doi.org/10.1093/tas/txz110).

KIM, S.C.; LEE, S.H.; LEE, J.W.; KIM, T.H.; and CHOI, B.H. Identification of single nucleotide polymorphism marker and association analysis of marbling score in Fas gene of Hanwoo. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.29, n.1, p.23–28, 2016. Doi:[10.5713/ajas.14.0812](https://doi.org/10.5713/ajas.14.0812).

LEE, S.H.; CHOI, B. H.; LIM, D.; GONDRO, C.; CHO, Y.M.; DANG, C.G.; and HONG, S.K. Genome-wide association study identifies major loci for carcass weight on BTA14 in Hanwoo (Korean cattle). **PLoS One**, v.8, n.10, p.e74677, 2013. Doi: [10.1371/journal.pone.0074677](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0074677).

LEE, S. J. KIM, D.H.; YANG, H.S.; NAM, K.C., AHN, S.K.; PARK, S.K.; and LEE, S.S. Physicochemical characteristics and fatty acid profiles of muscle tissues from Hanwoo steers fed a total mixed ration supplied with medicinal plant by-products. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.30, n.10, p.1388-1395, 2017. Doi:[10.5713/ajas.16.0729](https://doi.org/10.5713/ajas.16.0729).

LEE, H. J. CHUNG, Y.J.; JANG, S.; SEO, D.W.; LEE, H.K.; YOON, D.; and LEE, S.H. Genome-wide identification of major genes and genomic prediction using high-density and text-mined gene-based SNP panels in Hanwoo (Korean cattle). **PLoS One**, v.15, n.12, p.e0241848, 2020. Doi: [10.1371/journal.pone.0241848](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0241848).

LIU, X.; USMAN, T.; WANG, Y.; WANG, Z.; XU, X.; WU, M.; and YU, Y. Polymorphisms in epigenetic and meat quality related genes in fourteen cattle breeds and association with beef



quality and carcass traits. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.28, n.4, p.467–475, 2015. Doi: [10.5713/ajas.13.0837](https://doi.org/10.5713/ajas.13.0837).

LU, D. SARGOLZAEI, M.; KELLY, M.; VANDER VOORT, G.; WANG, Z.; MANDELL, I.; and MILLER, S.P. Genome-wide association analyses for carcass quality in crossbred beef cattle. **BMC Genetics**, v.14, n.80, 2013. Doi: [10.1186/1471-2156-14-80](https://doi.org/10.1186/1471-2156-14-80).

MEHRBAN, H. LEE, D.H.; MORADI, M.H.; ILCHO, C.; NASERKHEIL, M.; and IBÁÑEZ-ESCRICHE, N. Predictive performance of genomic selection methods for carcass traits in Hanwoo beef cattle: impacts of the genetic architecture. **Genetics Selection Evolution**, v.49, n.1, 2017. Doi: [10.1186/s12711-016-0283-0](https://doi.org/10.1186/s12711-016-0283-0).

MUDADU, M.A.; PORTO-NETO, L.R.; MOKRY, F.B.; TIZIOTO, P.C.; OLIVEIRA, P. S.; TULLIO, R.R.; and REGITANO, L.C. Genomic structure and marker-derived gene networks for growth and meat quality traits of Brazilian Nelore beef cattle. **BMC Genomics**, v.17, n.235, 2016. Doi: [10.1186/s12864-016-2535-3](https://doi.org/10.1186/s12864-016-2535-3).

NASERKHEIL, M.; BAHRAMI, A.; LEE, D.; MEHRBAN, H. Integrating single-step gwas and bipartite networks reconstruction provides novel insights into yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle. **Animals**, v.10, n.10, p.1836, 2020. Doi: [10.3390/ani10101836](https://doi.org/10.3390/ani10101836).

PARK, B. CHOI, T.; KIM, S.; and OH, S.H. National genetic evaluation (system) of Hanwoo (Korean native cattle). **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.26, n.2, p.151–156, 2013. Doi: [10.5713/ajas.2012.12439](https://doi.org/10.5713/ajas.2012.12439).

SAATCHI, M.; SCHNABEL, R.D.; TAYLOR, J.F.; and GARRICK, D. J. Large-effect pleiotropic or closely linked QTL segregate within and across ten US cattle breeds. **BMC Genomics**, v.15, n.442, 2014. Doi: [10.1186/1471-2164-15-442](https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-442).

SCHMIDT, B. M.; GONDA, M.G. and MACNEIL, M. D. Partitioning variation in measurements of beef carcass traits using ultrasound. **Translational Animal Science**, v.4, n.3, 2020. Doi: [10.1093/tas/txaa162](https://doi.org/10.1093/tas/txaa162).

SUDRAJAD, P. SHARMA, A.; DANG, C.G.; KIM, J.J.; KIM, K.S.; LEE, J.H.; and LEE, S.H. Validation of single nucleotide polymorphisms associated with carcass traits in a commercial Hanwoo population. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.29, n.11, p.1541–1546, 2016. Doi: [10.5713/ajas.15.0836](https://doi.org/10.5713/ajas.15.0836).

UFU – Federal University of Uberlândia. **MedLine / PubMed**. Posted on December 12, 2016. Available from: <<https://www.bibliotecas.ufu.br/portal-da-pesquisa/base-de-dados/medline-pubmed>>. Accessed on August 19, 2022.

XIANG, R.; GHANIPOOR-SAMAMI, M.; JOHNS, W.H.; EINDORF, T.; RUTLEY, D. L.; KRUK, Z.A.; and HIENDLEDER, S. Maternal and paternal genomes differentially affect myofibre characteristics and muscle weights of bovine fetuses at midgestation. **PLoS One**, v.8, n.1, p.e53402, 2013. Doi: [/10.1371/journal.pone.0053402](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0053402)

ZHANG, L.; MICHAL, J.J.; O'FALLON, J.V.; PAN, Z.; GASKINS, C.T.; REEVES, J.J.; and JIANG, Z. Quantitative genomics of 30 complex phenotypes in Wagyu x Angus F1 progeny. **International Journal of Biological Sciences**, v.8, n.6, p.838–858, 2012. Doi: [10.7150/ijbs.4403](https://doi.org/10.7150/ijbs.4403).

**CAPÍTULO II –  
THE FIRST BRAZILIAN BOVINE BREED: STRUCTURE AND GENETIC  
DIVERSITY OF THE CURRALEIRO PÉ-DURO\***

\* Artigo publicado pelo periódico “**PeerJ**” (ISSN 2167-8359) em 11 de abril de 2023, acessível em <http://dx.doi.org/10.7717/peerj.14768> .



# The first Brazilian bovine breed: structure and genetic diversity of the Curraleiro Pé-duro

Mérik Rocha-Silva<sup>1,2</sup>, José Lindenberg Rocha Sarmiento<sup>2</sup>, Fábio Barros Britto<sup>3</sup>, George Vieira do Nascimento<sup>4</sup>, Lilian Silva<sup>2</sup>, Geandro Carvalho<sup>2</sup> and Geovergue Rodrigues de Medeiros<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Animal Science, Universidade Estadual do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil

<sup>2</sup> Animal Science, UFPI—Universidade Federal do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil

<sup>3</sup> Biology Department, UFPI—Universidade Federal do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil

<sup>4</sup> Animal Production Department, INSA—Instituto Nacional do Semiárido, Campina Grande, Paraíba, Brasil

## ABSTRACT

**Background.** The production of animal-based foods from native breeds have a synergistic relationship with the regional culture, the local climate, and mainly the maintenance of alternative genetic resources for a system with a lower environmental impact. Thus the efficiency of conservation and production depends on assessing the variability of these local breeds. In the case of Curraleiro Pé-duro cattle, the most adapted individuals have undergone natural selection over five hundred years in the Brazilian savannas, mating with little or no human interference. The peculiarities of these biomes, where the regional flora is the food base and cattle is raised in extensive areas, likely influenced the genetic composition of the different groups that make up the first cattle breed of Brazil.

**Methods.** To evaluate the composition, diversity, variation, differentiation, and genetic structure of the populations studied, samples of hair follicles from 474 individuals of different animal categories (calves, yearlings, heifers, cows, and bulls) from three farms, defined as subpopulations “A”, “B”, and “C”, were collected. The animals were genotyped for 17 microsatellite markers using a DNA sequencer. After verification of monomorphic alleles, alleles outside the expected size range, and for the presence of stutter bands, the results were subjected to statistical analysis.

**Results.** The markers used were suitable for the proposed application with a mean Polymorphism Information Content (PIC) of 0.62. On average, the effective alleles were 4.25 per marker, with mean heterozygosities of 0.74 (observed and expected), which was lower in herd A (0.70) in comparison to herds B (0.77) and C (0.74). The analysis of molecular variance (AMOVA) revealed a higher rate of variation within herds (98.5%) and lower among herds (1.5%) ( $F_{ST}$  ranging from 0.00723 and 0.03198;  $p$ -values < 0.05). However no significant differences among herds were found with the Mantel test based on geographic distances. The formation of genetic clusters of all animals sampled with the software Structure resulted in minimum cluster values, with two main genetic groups ( $K = 2$ ) observed among the evaluated animals. Therefore, based on PIC and heterozygosity values, a wide genetic diversity was observed, despite little differences in population structure (AMOVA,  $F_{ST}$ , and Structure results) among sampling sites.

Submitted 5 October 2022  
Accepted 28 December 2022  
Published 11 April 2023

Corresponding author  
Mérik Rocha-Silva,  
merikrocha@hotmail.com

Academic editor  
Mahendra Tomar

Additional Information and  
Declarations can be found on  
page 13

DOI 10.7717/peerj.14768

© Copyright  
2023 Rocha-Silva et al.

Distributed under  
Creative Commons CC-BY 4.0

OPEN ACCESS

**How to cite this article** Rocha-Silva M, Sarmiento JLR, Barros Britto F, Vieira do Nascimento G, Silva L, Carvalho G, Rodrigues de Medeiros G. 2023. The first Brazilian bovine breed: structure and genetic diversity of the Curraleiro Pé-duro. *PeerJ* 11:e14768 <http://doi.org/10.7717/peerj.14768>

## Abstract

**Background.** The production of animal-based foods from native breeds have a synergistic relationship with the regional culture, the local climate, and mainly the maintenance of alternative genetic resources for a system with a lower environmental impact. Thus the efficiency of conservation and production depends on assessing the variability of these local breeds. In the case of Curraleiro Pé-duro breed cattle, the most adapted individuals have undergone natural selection over five hundred years in the Brazilian savannas, mating with little or no human interference. The peculiarities of these biomes, where the regional flora is the food base and cattle is raised in extensive areas, likely influenced the genetic composition of the different groups that make up the first cattle breed of Brazil. **Methods.** To evaluate the composition, diversity, variation, differentiation, and genetic structure of the populations studied, samples of hair follicles from 474 individuals of different animal categories (calves, yearlings, heifers, cows, and bulls) from three farms, defined as subpopulations "A", "B", and "C", were collected. The animals were genotyped for 17 microsatellite markers using a DNA sequencer. After verification of monomorphic alleles, alleles outside the expected size range, and for the presence of stutter bands, the results were subjected to statistical analysis. **Results.** The markers used were suitable for the proposed application with a mean PIC (Polymorphism Information Content) of 0.62. On average, the effective alleles were 4.25 per marker, with mean heterozygosities of 0.74 (observed and expected), which was lower in herd A (0.70) in comparison to herds B (0.77) and C (0.74). The Analysis of Molecular Variance revealed a higher rate of variation within herds (98.5%) and lower among herds (1.5%) ( $F_{ST}$  ranging from 0.00723 and 0.03198;  $p$ -values  $< 0.05$ ). However no significant differences among herds were found with the Mantel test based on geographic distances. The formation of genetic clusters of all animals sampled with the software Structure resulted in minimum cluster values, with two main genetic groups ( $K=2$ ) observed among the evaluated animals. Therefore, based on PIC and heterozygosity values, a wide genetic diversity was observed, despite little differences in population structure (AMOVA,  $F_{ST}$ , and Structure results) among sampling sites.

**Keywords:** AMOVA, microsatellites, native breed, Slatikin's genetic distance.

## Introduction

Food security once again has become a global priority, as the world population is estimated to peak in the next 40 years, requiring food to be produced in quantity and quality accessible to 9.7 billion people, while preserving genetic resources (Vollset, et al., 2020). Among all breeds used in animal agriculture, 17% are at risk of extinction, while 58% lack information regarding size and genetic structure (Cao et al., 2021), creating even more challenging conditions for maintaining species diversity and genetic groups in the face of human demands.

The clustering of similar individuals and the consequent emergence of genetic groups of domestic animals are associated with human and environmental dynamics. The Curraleiro Pé-duro (CPD) is descendant of the first cattle raised in the Americas and part of the history of colonization of the Cerrado and Caatinga biomes (Carvalho et al., 2001). These biomes have the most challenging conditions for animal production in Brazil, with the lowest precipitation levels and highest annual temperatures.

Hartl and Clark (2010) discussed the random crossing of some characteristics, which may have occurred in CPD. This suggests that similar animals have a higher rate of inbreeding, resulting in increased homozygosity that may lead to the formation of subpopulations.

The types of crossing and environmental variables may affect the population structure or population subdivision of these naturally occurring groups, with genetic differentiation due to variations in allele frequencies among different subpopulations. Many factors can influence the formation of subpopulations including geographic location and parental origin (Carvalho et al., 2022).

The conservation and use of genetic resources require genetic diversity. The Curraleiro Pé-duro (CPD) breed cattle are genetically distinct from other breeds, with substantial differences mainly due to its interaction with the environment (Carvalho et al., 2022).

Also, nearly 500 years of uncontrolled mating with the formation and extinction of subpopulations had repercussions on its current genetic composition (Carvalho et al., 2022; Oliveira, 2008).

The genetic diversities of animal resources can enhance or limit their conservation and/or use for food production in the face of global challenges. This study was aimed at evaluating the composition, diversity, variation, differentiation and genetic structure of the Curraleiro Pé-duro cattle breed raised in the states of Maranhão and Piauí, where it originated and evolved.

## **Materials & Methods**

### ***Sampling and collection of biological material***

The sampling of the specimens used in this study was designed to avoid the Wahlund effect (Meeûs, 2018), and consisted of 474 individuals, representing approximately 10% of the known population of Curraleiro Pé-duro cattle.

Hair follicle samples from males and females were taken from various categories (calves, yearlings, cows and bulls), with the adults registered as base herd with the Brazilian Hard Footed Cattle Breeders Association (ABCPD).

Database available at [10.5281/zenodo.7115391](https://doi.org/10.5281/zenodo.7115391).

The three herds visited (herein referred to as farms or subpopulations "A", "B", and "C") are participants in the genetic improvement program of the breed, conducted by ABCPD, UFPI (Federal University of Piauí), and UESPI (State University of Piauí). This research project has been approved by the Research Ethics Committee of the Federal University of Piauí under #683/21 CEUA-UFPI. Farm "A" (n=240) is located in the Carnaubais region of Piauí State (-4.652482218991185, -42.05797250656697), Farm "B" (n=61) in the Cocais region of Maranhão (-5.231024540320055, -44.47868128067367) and Farm "C" (n=173) in the Vale do Sambito of Piauí State (-6.082350629527833, -42.24258929956412). Each farm represents a

subpopulation, and exchanges of a small number of individuals occur irregularly and sporadically among farms, during the process of commercialization of animals.

### *Genotyping with microsatellite markers*

PCR products were obtained with primers marked with fluorophores and, after purification, were examined with a Thermofisher ABI 3730 DNA analyzer. Fragment size was determined with the GeneMapper® program, generating a file with the alleles present in each animal, for each marker tested.

The genotyping of the animals was outsourced to Laboratório Raça (Goiânia, Brazil), accredited by MAPA (Ministry of Agriculture, Livestock and Supply, Brazil).

Seventeen microsatellite markers were used (Table 1) following MAPA # 45 of 12/15/2017 (MAPA BRASIL, 2017), and in agreement with the results of comparative tests carried out by the International Society of Animal Genetics (ISAG). These markers are suitable for the investigation of the genetic structure, and the optimization of the findings aimed at the applicability of individual results in the identification of kinship, useful in the structuring of the breed that currently has only a base herd.

Table 1. Microsatellites used.

<b>Mic.</b>	<b>CL</b>	<b>Seq.</b>	<b>Primer forward Primer reverse</b>	<b>Ref</b>	<b>Acu</b>
BM1818	D23S21	(TG) <sub>n</sub>	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	1	99.78
BM1824	D1S34	(GT) <sub>n</sub>	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCCTTG	2	98.64
BM2113	D2S26	(CA) <sub>n</sub>	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCCTGAGAGAAGCAACACC	3	98.26
CSRM60	D10S5	(AC) <sub>n</sub>	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGC AAGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG	4	*
CSSM66	D14S31	(AC) <sub>n</sub>	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG	2	*
ETH3	D19S2	(GT) <sub>n</sub> AC (GT) <sub>6</sub>	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	5	98.75
ETH10	D5S3	(AC) <sub>n</sub>	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA	5	98.26

			CCTCCAGCCCCTTTCTCTTCTC		
ETH225	D9S2	(TG) <sub>4</sub> C G(TG)(C A) <sub>n</sub>	GATCACCTTGCCACTATTTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	6	96.73
ILSTS00 6	D7S8	(GT) <sub>n</sub>	TGTCTGTATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG	7	*
INRA23	D3S10	(AC) <sub>n</sub>	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTTAGATGAACT C	8	98.75
SPS113	BTA10		CCTCCACACAGGCTTCTCTGACTT CCTAACTTGCTTGAGTTATTGCC	-	*
SPS115	D15	(CA) <sub>n</sub> T A(CA) <sub>6</sub>	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTTAGTTTGGCTGTG	4	99.46
TGLA53	D16S3	(TG) <sub>6</sub> C G(TG) <sub>4</sub> ( TA) <sub>n</sub>	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	9	98.58
TGLA57	BTA1	(GT) <sub>n</sub>	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTC T TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC	9	*
TGLA12 2	D21S6	(AC) <sub>n</sub> (A T) <sub>n</sub>	AATCACATGGCAAATAAGTACATA C CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC	9	98.09
TGLA12 6	D20S1	(TG) <sub>n</sub>	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTC T TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC	9	97.54
TGLA22 7	D18S1	(TG) <sub>n</sub>	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAACTCAATGAAAGC A	9	97.30

Mic: Microsatellite, CL: Chromosomal Location, Seq: Sequence, Ref: Reference, Acu: Accuracy % (ISAG, 2021). \* Not tested by ISAG for cattle. 1 Bishop et al. (1994); 2 Barendse et al. (1994); 3 Sunden et al. (1993); 4 Baylor College of Medicine Human Genome Sequencing Center (2006); 5 Solinas-Toldo et al. (1993); 6 Steffen et al. (1993); 7 Brezinsky et al. (1993); 8 Vaiman et al. (1994); 9 Georges & Massey (1992).



### ***Data analysis***

The Micro-Checker 2.2.3 software (Van Oosterhout et al., 2004) was used to check for errors in the genotyping and tabulation of results, including the verification of possible monomorphic alleles, alleles outside the expected size range and the presence of stutter bands. Following this quality control, the data were analyzed based on the calculation of PIC, Hardy-Weinberg equilibrium test with Bonferroni correction at 5% significance level; and the estimation of null allele frequency performed with the Cervus 3.0.7 software (Kalinowski et al., 2007).

The number of alleles ( $N_a$ ), effective alleles ( $N_e$ ), and expected ( $H_e$ ) and observed ( $H_o$ ) heterozygosity were estimated with the GenAlEx 6.5 software (Peakall and Smouse, 2012).

Wright's  $F$  statistics (Wright, 1949) were carried out using Gene-Pop Package version 4.7.5 (Rousset, 2022) of Software R 4.2.

To examine differences among individuals and populations, the Analysis of Molecular Variance (AMOVA) by Excoffier et al. (1992) was performed based on the allele frequency of haplotypes with a nonparametric statistical test of permutations (Excoffier et al., 1992), using the Arlequin 3.5.2.2 software (Excoffier and Lischer, 2010) configured to carry out 10 thousand permutations using  $\Phi_{ST}$  values.

Genetic differences among populations were examined as a function of the geographic distances among them using the Mantel test. Geographic distances among populations (Table 2) were log transformed to linearize the matrix of genetic distance and distance among populations (Smith and Weissman, 2020). In this test, the Slatkin's genetic distance used was based on 10 thousand permutations in Arlequin 3.5.2.2 software (Excoffier and Lischer, 2010).

Table 2. Geographic locations and road distances in km on the lower diagonal and logarithmized on the upper diagonal.

Subpopulations	Latitude	A	B	C
	Longitude			
A	-4652482218991180	0	2.50379068	2.38381537
	-4205797250656690			
B	-5231024540320050	319	0	2.54654266
	-4447868128067360			
C	-6082350629527830	242	352	0
	-4224258929956410			

The software Structure 2.3.4 (Pritchard et al., 2000) was used, to perform a cluster analysis based on Bayesian statistics using the Monte Carlo Markov Chains method (MCMC) according to the similarity of genotypes, evaluating number of possible genetic groups (K) ranging from 1 to 10. The program was set to run 500,000 MCMC samples with 100,000 burn-in iterations (400,000 for inference) and for each run as indicated by Gilbert et al. (2012) on 20 repetitions ( esse é o thin-in interval?).

Because animals are exchanged among properties (subpopulations), the program was adjusted to run the admixture model (Admixture) that aims to infer a single Alpha and use it for all populations. However, it was tested with an alpha estimate for each population (farm) (supplementary data).

The results were analyzed using the main interpretive methodology by Evanno et al. (2005), and the most recently recommended method by Puechmaille (2016).

The graphical representation of the results was carried out using the Structure Selector software (Li and Liu, 2018).

## **Results**

### ***Analysis of STR usability and data integrity***

Seventeen microsatellite loci showed high level of polymorphism to evaluate the genetic diversity of the sampled populations (Table 3), with a mean PIC of 0.6184, considered as very informative (PIC > 0.50) by the classification of Botstein et al. (1980).

Indications of null alleles were identified in only a portion of the loci used and in low incidence ( $\bar{y}$ = 0.016). Therefore, most were real alleles, with a low incidence of Null Alleles (An). The highest incidence was in TGLA126, with an estimate of zero or very close to zero for others. This is an indication of the reliability of the laboratory analysis, ruling out the possibility that the genetic differentiation measures were overestimated. Evidence of null alleles was found at only a portion of the loci used, at low incidence.

Table 3. Quality indicators of microsatellite markers selected for the sampled population.

<b>Microsatellite</b>	<b>PIC</b>	<b>An</b>	<b>Microsatellite</b>	<b>PIC</b>	<b>An</b>
BM1818	0.682	0.0207	INRA23	0.649	0.0226
BM1824	0.698	-0.0169	SPS113	0.805	0.0321
BM2113	0.768	0.0216	SPS115	0.594	0.0329
CSRM60	0.677	0.0141	TGLA53	0.834	-0.0089
CSSM66	0.742	0.0251	TGLA57	0.748	0.0387
ETH3	0.789	0.0068	TGLA122	0.785	0.0002
ETH10	0.651	0.0000	TGLA126	0.552	0.0623
ETH225	0.746	0.0170	TGLA227	0.766	-0.0017
ILSTS006	0.667	0.0087	-	-	-

PIC: polymorphism information content, An: Estimated null allele frequency.

### *Genetic variation of subpopulations*

The estimated expected heterozygosity ( $H_e$ ) was 0.74 (Table 4).

Based on the number of heterozygous individuals, the observed heterozygosity ( $H_o$ ) was estimated, and was observed to be same as  $H_e$ .

Table 4. Allele numbers and heterozygosity in the three subpopulations.

<b>Population</b>	<b>N</b>	<b>Na</b>	<b>Ne</b>	<b>He</b>	<b>Ho</b>
<b>General</b>	474	8.41 $\pm$ 0.38	4.07 $\pm$ 0.15	0.74 $\pm$ 0.01	0.74 $\pm$ 0.01
<b>A</b>	237	9.47 $\pm$ 0.68	4.17 $\pm$ 0.26	0.74 $\pm$ 0.02	0.70 $\pm$ 0.02
<b>B</b>	64	6.71 $\pm$ 0.39	3.85 $\pm$ 0.25	0.72 $\pm$ 0.02	0.77 $\pm$ 0.03
<b>C</b>	173	9.06 $\pm$ 0.70	4.19 $\pm$ 0.28	0.74 $\pm$ 0.02	0.74 $\pm$ 0.02

Second digit of rounded values. Na: number of different alleles; Ne: number of effective ales;

He: expected heterozygosity; Ho: observed heterozygosity.

*Genetic differentiation among animals of the Curraleiro Pé-duro breed*

The fixation indices proposed by Wright (Wright, 1949) are shown in Table 5.

Table 5. Fixation indices by loci in a sample of 474 animals of the Curraleiro Pé-duro breed.

Loci	Range (bp)	Ho	He	$F_{IS}$	$F_{ST}$	$F_{IT}$
BM1818	258-282	0.70	0.72	0.0423	0.0007	0.0430
BM1824	178-192	0.77	0.74	-0.0306	-0.0015	-0.0321
BM2113	125-145	0.76	0.79	0.0432	0.0027	0.0458
CSRM60	92-118	0.69	0.71	0.0333	0.0014	0.0346
CSSM66	135-199	0.81	0.82	0.0146	0.0012	0.0158
ETH3	103-127	0.66	0.68	0.0029	0.0086	0.0115
ETH10	209-223	0.81	0.63	-0.1604	0.2565	0.1372
ETH225	140-158	0.72	0.71	0.0200	0.0026	0.0226
ILSTS006	282-304	0.65	0.66	0.0436	0.0090	0.0522
INRA23	194-218	0.72	0.75	0.0435	0.0030	0.0464
SPS113	135-157	0.78	0.82	0.0589	0.0034	0.0621
SPS115	246-260	0.63	0.64	0.0550	0.0146	0.0687
TGLA53	152-188	0.85	0.83	-0.0181	0.0054	-0.0126
TGLA57	084-102	0.73	0.77	0.0796	-0.0030	0.0769
TGLA122	137-177	0.79	0.79	0.0011	0.0057	0.0068
TGLA126	115-125	0.53	0.61	0.1149	0.0066	0.1207
TGLA227	77-97	0.79	0.79	-0.0009	0.0054	0.0045

Bp: base pair; Ho: Observed Heterozygosity; He: Expected Heterozygosity. FIS: Inbreeding coefficient within individuals; FST: Inbreeding coefficient within subpopulations, relative to the total; FIT: Inbreeding coefficient of the total population.

Because  $F_{IS}$  is the product of the difference between  $H_e$  and  $H_o$  in relation to  $H_e$ , it indicates whether there are changes in population structure. Using a population in Hardy-Weiberg equilibrium (E-HW) as a model, the expected heterozygosity of the subpopulations (Farms A, B, C) was higher than expected in a theoretical population (Table 5). The low values obtained suggest a population close to equilibrium.

### *Genetic structure of the sampled population*

The Molecular Analysis of Variance (AMOVA) revealed the degree of genetic structure of the subpopulations sampled (Table 6).

Table 6. Analysis of Molecular Variance (AMOVA) obtained to animals of the Curraleiro Pé-duro breed.

Sources of Variation	GL	Sum of Squares	Variation Components	Variation percentage
Among sub-populations	2	67.058	0.09593***	1.50
Intra sub-populations	945	5964.906	6.31207	98.50
Total	947	6031.964	6.40800	

GL: Degrees of Freedom. \*\*\*  $p < 0.001$ .

The 98.5% of the variation arising from individuals within populations suggests that there is greater variation within the herd than among herds. Thus herds are relatively similar, with greater variation occurring among the individuals that make up each herds. This condition mischaracterizes the degree of genetic structuring among sampled population.

In general, the population analysis revealed a low structure in each sampled location (Table 7), but the  $F_{ST}$  values found were significant ( $P$ -value  $< 0.05$ ). Despite being low, the value observed for the population of Maranhão was higher than that of the populations of Piauí compared between them (Table 7). However, genetic distance might not be associated with geographic distance because the results of the Mantel test were not significant (Table 8) ( $p$ -value  $> 0.05$ ).

Table 7 – Nei genetic distance (lower diagonal) and  $F_{ST}$  distance (superior diagonal).

Identification	A (PI)	B (MA)	C (PI)
Subpopulation A (PI)	0	0.02303*	0.00723*
Subpopulation B (MA)	0.061	0	0.03198*
Subpopulation C (PI)	0.082	0.055	0

\*  $p < 0.05$

$F_{ST}$  ranging from 0.00723 and 0.03198);  $p$ -values  $< 0.05$ )

Regarding differences among populations, despite AMOVA showing that the difference among herds is much smaller compared to intra-herd differences, there are indications that the genetic distance between the herd of Maranhão and the herds of Piauí is greater, based on Nei's distance, statistically significant by  $F_{ST}$  (Table 7).

Genetic distance is not associated with geographic distance according to the Mantel test (Table 8).

Table 8. Matrix of logarithmized geographic distances (X, lower diagonal) and Slatkin's genetic distance (Y, upper diagonal).

<b>Identification</b>	<b>Distance to A</b>	<b>Distance to B</b>	<b>Distance to C</b>
Subpopulation A	0	2.50379068	2.38381537
Subpopulation B	0.02359	0	2.54654266
Subpopulation C	0.00730	0.03304	0
Determination Coefficient R <sup>2</sup> (Y by X, determines genetic distance by geographic distance)			0.986836
p-value			0.1705

Although almost the entire genetic distance among groups is explained by geographic distance, it is not statistically significant ( $p > 0.05$ ). It should be pointed out that there are no other variables that notoriously affect the distance among groups (subpopulations). Therefore, there is no evidence of isolation by geographic distance.

#### *Genetic differences among individuals*

For the clustering of individuals according to similarity of genotypes, simulations of groupings were carried out with software Structure (Pritchard et al., 2000), testing variations in configurations, including disregarding the possibility of permutation among populations (farms) given that the commercialization of cattle among properties varies. However, convergence was observed when using independent alphas (CLUMPAK in supplements).

No single cluster was able to perfectly describe all the variability found in the sampled subpopulations. The simulation data analyzed by the method described by Evanno et al. (2005), which is based on Delta K values, indicated that the best grouping of genotypes occurs in two clusters (Figure 1).

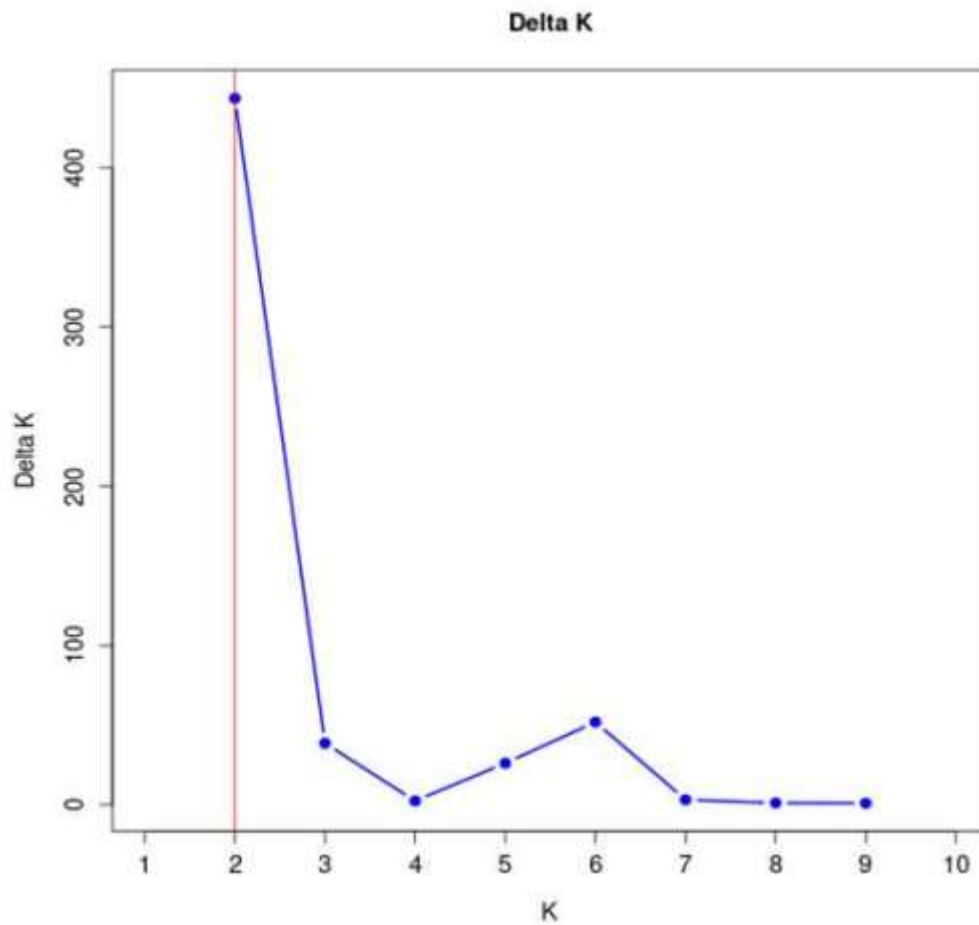


Figure 1. Verification of better genetic grouping of Curraleiro Pé-duro individuals as a function of Evanno's Delta K values (Evanno et al., 2005).

Gilbert et al. (2012) proposed the use of other methods of interpretation of structure simulations, especially when obtaining  $K=2$  with microsatellite data, such as expanding the methodologies for analyzing the results of the simulations, in order to avoid spurious clusters that erroneously project the value of  $K$ .

The values shown in Table 9 are in agreement with the number of clusters obtained with the method proposed by Evanno et al. (2005).

Table 9. Optimal K after by the method Puechmaille (2016).

<b>K</b>	<b>MedMed</b>	<b>MedMean</b>	<b>MaxMed</b>	<b>MaxMean</b>	<b>Reps</b>
1	1	1	1	1	20
2	2	2	2	2	20
3	1	1	1	1	20
4	1	1	1	1	20
5	1	1	1	1	20
6	1	1	1	1	20
7	1	1	1	1	20
8	1	1	1	1	20
9	1	1	1	1	20
10	0	1	1	1	20
	MedMedK	MedMeaK	MaxMedK	MaxMeaK	
	2	2	2	2	

Therefore, in both methods, K=2 was the appropriate cluster number to describe the number of subpopulations. The 10 simulations converged in the 20 trials performed with K=2 (see supplement) indicating the same cluster, following Kopelman et al. (2015) for clusters that showed greater convergence.

Considering two main groups, the participation of each individual (vertical line) within each rectangle was evaluated into subgroupings in Figure 2, which makes up the individualized grouping for each  $\Delta K$ .



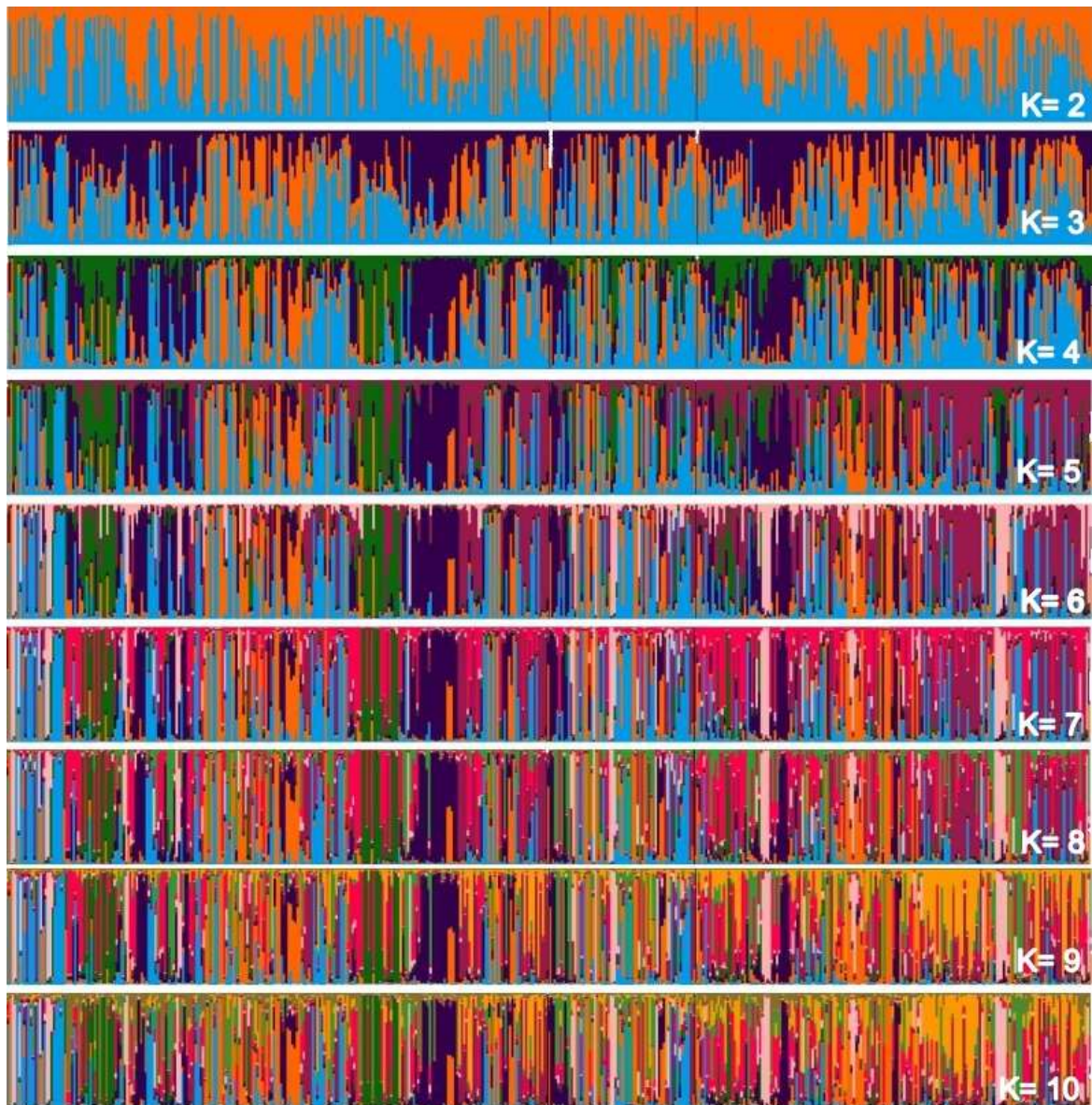


Figure 2. Main groups of subpopulations of Curraleiro Pé-duro cattle detected by the method of determining clusters of genetic similarity.

The genetic compositions of each of the subpopulations within each cluster is shown in Table 10, detailing the information in the above graph.

Table 10. Genetic participation of populations for each group (cluster).

Population	N	Cluster 1	Cluster 2
Subpopulation A (PI)	237	0.4819	0.5181
Subpopulation B	64	0.3634	0.6366
Subpopulation (MA)			
C (PI)	173	0.5831	0.4169

## Discussion

Deficits of heterozygotes as a function of null alleles affect the estimation of Wright's F ( $F_{ST}$ ,  $F_{IS}$ , and  $F_{IT}$ ), compromising the estimation of the causes of deviations from the expected Hardy-Weinberg genotypic proportions, among others (Meeûs, 2018).

For animals of the same breed, Egito et al. (2007) and Silva Filho et al. (2014) reported a lower PIC, while (Oliveira, 2008) obtained a higher value (0.723) than those found in the present study. In all these studies, the numbers of individuals sampled were much smaller, and some of the microsatellite markers used were different. Thus, when choosing microsatellite markers, in addition to the strength of the link between the marker and the genomic region (Jahnke et al., 2022), the quality endorsed by organizations such as ISAG, and how polymorphic they are in each population should be considered as well.

Expected heterozygosity ( $H_e$ ) is the most frequently used indicator for genetic diversity analysis, as it is associated with other non-estimated indicators such as the proportion of polymorphic loci because they are interrelated (Eckert et al., 2008). Since animal management does not use technical criteria for breeding, the individuals studied could have a high frequency of inbreeding, which was not observed. This expected heterozygosity ( $H_e$ ) estimated at 0.74 (Table 4) refers to the high chance (74%) of an animal chosen at random among CPD cattle to present a heterozygous genotype for the selected markers based on the Hardy-Weinberg theorem.

Egito et al. (2007) found a reduced heterozygosity in native (or creole) breeds of Brazilian cattle as a result of the influence of other subspecies (*Bos taurus indicus*) and inbreeding within herds, an unfavorable condition for genetic diversity. In the case of CPD, heterozygosity was higher (0.74), indicating a greater level of variation.

This discussion is relevant, and expansion with new microsatellites to replace less informative markers should be carried out. Investigations like the present one applied little-used markers, that in the case of CPD were very informative (estimated PIC), such as five of the loci used (CSRM60, CSSM66, ILSTS006, SPS113 and TGLA57).

Comparing with the results of  $F_{IS}$  per loci reported by Silva Filho et al. (2014) and Oliveira et al. (2012), of the 11 microsatellites used in common, Silva Filho et al. (2014) obtained five with lower inbreeding coefficients. The animals kept by EMBRAPA in São João do Piauí were one of the main sources for the formation of the sampled herds, therefore given the genealogical contribution of the animals sampled by Silva Filho et al. (2014) for the formation of herds in subpopulations (farms) A, B and C, similarities are expected as well as some differences.

Silva Filho et al. (2014) and Oliveira et al. (2012) reported a loss of genetic variability in the Curraleiro Pé-duro breed due to inbreeding in the last decade, mainly because herds are kept only for conservation purposes, and suggested increasing the number of animals. Considering the discussed by Silva Filho et al. (2014) and the results obtained in the present study revealed a comparatively better scenario, as the increase in the number of animals reduced homozygosity, improving variability. Therefore, the development of commercial herds has promoted the conservation of the breed.

Artificial selection (not necessarily based on technical criteria) tends to interfere with genetic diversity, which was not observed. Reduced inbreeding rates was found in the sampled population, similar to that identified by Rovelli et al. (2021), when the high use of bulls contributes to lower kinship coefficients. These authors pointed out the importance of minimizing inbreeding, especially in the current scenario of intense and rapid increase in inbreeding in cattle populations under intense selection associated with reproductive biotechnologies. In the case of Italian cattle, production was improved while maintaining control of inbreeding levels.

The locus ETH10 had the highest estimated  $F_{ST}$ , with the mean among the 17 markers being 0.015 ( $\pm 0.010$ ), which according to the classification by Hart and Clark (2010), indicates that the differentiation among loci in the sampled subpopulations is small.

Other researchers working with the same breed (CPD) identified the presence of three genetic groups Freitas, et al. (2021), with most individuals from Piauí forming a group in a different cluster than animals from Tocantins. In our investigation, animals from another region not sampled in previous studies, Maranhão, were included. However, there is no evidence of subpopulations among the sampled animals, which were grouped in a similar way to the animals raised in the Carnaubais region of Piauí (Campo Maior and Cocal de Telhas) and Vale do Sambito (Elesbão Veloso).

The number of  $K$  can be different depending on the methodology and the most common one is based on  $\Delta K$ , used in all studies cited (Silva Filho, et al., 2014; Freitas et al., 2022) and that indicated two genetic groups among Curraleiro Pé-duro cattle currently raised in the mid-northern region of Brazil ( $k=2$ ). However, Gilbert et al. (2012) suggested more suitable methods such as the proposed by Puechmaille (2016) that used the estimators: medmedk, medmeak, maxmedk and maxmeak, as they are considered more accurate than the  $\text{LnPr}(X | K)$  and  $\Delta K$  method. Both methodologies were applied and they corroborated the same results, supporting the existence of two main groups ( $k=2$ ).

Clustered alleles in the two subpopulations comprise the genotype of individuals from the three different populations (farms) sampled. There are sets of lines representing individuals with a single predominant color, for example, at two occasions in population A and another in population C with individuals grouped in purple (RGB:51,0, 75). At these points you have close individuals. This pattern can initially be visualized when  $\Delta k=3$  and is maintained throughout the simulations of relatively individualized clusters from the others, suggesting secondary additional clusters in the sampled populations.

These clusters are notorious in studies with individuals of different breeds, in which clusters almost always make up a different race from the others. In the case of animals of a single breed, clusters indicate conditions for grouping individuals within the same breed into different groups based on similarities.

It should also be noted that the clusters were not predominant in any of the subpopulations, with specimens of all clusters occurring in all sampled farms.

## Conclusions

The microsatellite markers used by MAPA to assess kinship in bovine species were highly polymorphic and suitable for studies of structure and genetic diversity.

Some little known markers proved to be highly efficient in the variability of genotypes among the population studied.

Heterozygosities were high for all loci in the three subpopulations, including very heterozygosity in some cases, which resulted in low inbreeding rates ( $F_{IS}$ ).

Most of the variability is within rather than among herds. However, genetic distance was greater between the Maranhão and the Piauí herds than between the Piauí herds sampled based on  $F_{ST}$ .

A greater portion of the genetic variation was observed among individuals, with no relevant variation among populations, genotypic or geographic, maintaining at least two clusters, sufficient to properly group most of the genotype diversity, regardless of population.

No significant differences were found among the three populations, as animals from Maranhão had a similar genetic composition to those from Piauí, and the genetic variability was mainly associated with individuals rather than populations.

## Acknowledgments

The authors thank the breeders João Batista Luzardo (Fazenda Rio Titara), Neto Soares (Fazenda Ortigas) and José Dantas (Fazenda Faveira) and the UESPI – Universidade Estadual do Piauí.

## References

- Agung, PP, Saputra F, Zein, MSA, Wulandari, AS, Putra, WPB, Said, S, Jakaria, J. 2019. Genetic Diversity of Indonesian Cattle Breeds Based on Microsatellite Markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* 32(4):467-476. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0283>
- Barendse, Armitage, SM, Kossarek, LM, Shalom, A, Kirkpatrick, BW, Ryan, AM, Clayton, D, Li, L, Neibergs, HL, Zhang, N, Grosse, WM, Weiss, J, Creighton, P, McCarthy, F, Ron, M, Teale, AJ, Fries, R, McGraw, RA, Moore, SS, Georges, M, Soller, M, Womack, JE., Hetzel, DJS. 1994. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nature Genetics* 6(3):227–235. <https://doi.org/10.1038/ng0394-227>

Bishop, MD, Kappes, SM, Keele, JW, Stone, RT, Sunden, SL, Hawkins, GA, Toldo, SS, Fries, R, Grosz, MD., Yoo, J. 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136(2):619–639. <https://doi.org/10.1093/genetics/136.2.619>

Botstein, D, White, RL, Skolnick, M, Davis, RW. 1980. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms 18.

Brezinsky, L, Kemp, SJ, Teale, AJ. 2009. ILSTS006: a polymorphic bovine microsatellite. *Animal Genetics* 24(1):73. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1993.tb00933.x>

Cao, J, Baumung, R, Boettcher, P, Scherf, B, Besbes, B, Leroy, G. 2021. Monitoring and Progress in the Implementation of the Global Plan of Action on Animal Genetic Resources. *Sustainability* 13(2):775. <https://doi.org/10.3390/su13020775>

Carvalho, G, Quirino, CR, Paiva, S.R, Blackburn, HD. 2022. Distância genética de bovinos Curraleiro Pé-Duro em relação a outras raças criadas no Brasil e nos Estados Unidos avaliadas com microssatélites. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* 30(2):89–99. <https://doi.org/10.53588/alpa.300202>

Carvalho, GMC, Almeida, MJO, Azevêdo, DMM, Araújo Neto, RB, Leal, TM, Monteiro, FC, Frota, MNL, Neto, AFL. 2001. Origem, formação e conservação do gado Pé-Duro, o bovino do Nordeste brasileiro. *Documentos* 208, 25.

Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture (Ed.), 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources, FAO animal production and health guidelines. Commission on Genetic resources for Food and Agriculture, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.

Hartl, DL, Clark, AG. 2010. *Princípios de genética de populações.*, 4th ed. Artmed, Porto Alegre.

Deus, ARS, Silva, GR, Sena, LS, Britto, FB, de Carvalho, DA, de Freitas, JVG, Sarmento, JLR. 2021. Comparison of kinship estimates in Santa Inês sheep using microsatellite and genome-wide SNP markers. *Small Ruminant Research* 201:106399. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2021.106399>

Eckert, CG, Samis, KE, Loughheed, SC. 2008. Genetic variation across species' geographical ranges: the central–marginal hypothesis and beyond. *Molecular Ecology* 17(5):1170–1188. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03659.x>

Edwards, CJ, Connellan, J, Wallace, PF, Park, SDE, McCormick, FM, Olsaker, I, Eythórsdóttir, E, MacHugh, DE, Bailey, JF, Bradley, DG. 2003. Feasibility and utility of microsatellite markers in archaeological cattle remains from a Viking Age settlement in Dublin: Microsatellite markers in archaeological cattle. *Animal Genetics* 34(6):410–416. <https://doi.org/10.1046/j.0268-9146.2003.01043.x>

Egito, AA, Paiva, SR, Albuquerque, MSM, Mariante, AS, Almeida, LD, Castro, S.R, Grattapaglia, D. 2007. Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten

Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics* 8:83. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-8-83>

Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology* 14(8):2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>

Excoffier, L, Lischer, HEL. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10(3):564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>

Excoffier, L, Smouse, PE, Quattro, JM. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131(2):479–491. <https://doi.org/10.1093/genetics/131.2.479>

Fioravanti, MCS, Juliano, RS, Costa, GL, Abud, LJ, Cardoso, VS, Carpio, MG, Costa, MFO. 2011. Conservación del bovino Curraleiro: cuantificación del censo y caracterización de los criadores. *Animal Genetic Resources/Recursos genéticos animales/Recursos genéticos animales* 48:109–116. <https://doi.org/10.1017/S2078633610001244>

Freitas, TMS, Dias, JM, Guimarães, LKP, Peixoto, SV, Silva, RHS., Badr, KR, Moura, MI, Carmo, AS, Landi, V, Fioravanti, MCS. 2021. Genomic Association between SNP Markers and Diseases in the “Curraleiro Pé-Duro” Cattle. *Genes* 12(6):806. <https://doi.org/10.3390/genes12060806>

Rousset, F. 2022. GenePop 4.7.5 Population Genetic Data Analysis Using Genepop.  
Georges, M., Massey, J., 1992. Polymorphic DNA markers in Bovidae. Patent application WO PUBL NO 92/13102.

Gilbert, KJ, Andrew, RL, Bock, DG, Franklin, MT, Kane, NC, Moore, JS, Moyers, BT, Renaut, S, Rennison, DJ, Veen, T, Vines, TH. 2012. Recommendations for utilizing and reporting population genetic analyses: the reproducibility of genetic clustering using the program STRUCTURE. *Molecular Ecology* 21(20):4925–4930. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05754.x>

Hartl, D.L.; Clark, A.G. *Princípios de Genética de Populações*. 4 ed. Artmed Editora, 2010.

Hanslik, S, Harr, B, Brem, G, Schlötterer, C. 2000. Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations: Genetic differentiation between Holstein Friesian populations. *Animal Genetics* 31(1):31–38. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2000.00569.x>

ISAG, International Society for Animal Genetics. 2021. *Cattle Molecular Markers and Parentage Testing*. Cape Town, South Africa.

Jahnke, G, Smidla, J, Poczai, P. 2022. MolMarker: A Simple Tool for DNA Fingerprinting Studies and Polymorphic Information Content Calculation. *Diversity* 14(6):497. <https://doi.org/10.3390/d14060497>

Kalinowski, ST, Taper, ML, Marshall, TC. 2007. Revising how the computer program cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment: CERVUS LIKELIHOOD MODEL. *Molecular Ecology* 16(5):1099–1106. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x>

Kopelman, NM, Mayzel, J, Jakobsson, M, Rosenberg, NA, Mayrose, I. 2015. CLUMPAK : a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular Ecology Resources* 15(5):1179–1191. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12387>

Li, Y, Liu, J. 2018. StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources* 18(1):176-177. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12719>

MAPA BRASIL, 2017. Instrução Normativa n. 45. Available in: [https://www.in.gov.br/materia/-/asset\\_publisher/Kujrw0TZC2Mb/content/id/1342997/do1-2017-12-26-instrucao-normativa-n-45-de-15-de-dezembro-de-2017-1342993-1342993](https://www.in.gov.br/materia/-/asset_publisher/Kujrw0TZC2Mb/content/id/1342997/do1-2017-12-26-instrucao-normativa-n-45-de-15-de-dezembro-de-2017-1342993-1342993)

Meeûs, T. 2018. Revisiting  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$ , Wahlund Effects, and Null Alleles. *Journal of Heredity* 109(4):446–456. <https://doi.org/10.1093/jhered/esx106>

Oliveira, APF. 2008. Caracterização genética de uma população do gado crioulo Pé-Duro do Piauí, através de marcadores microssatélites (Doutorado em Genética). Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto. <https://doi.org/10.11606/T.17.2008.tde-13042009-162937>

Oliveira, APF, Carvalho, JH, Miretti, MM, Lara, MAC, Contel, EPB. 2012. Genetic diversity of the Brazilian Creole cattle Pé-Duro assessed by microsatellites and mitochondrial DNA. *Revista Brasileira de Zootecnia* 41(11):2316–2322. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982012001100003>

Peakall, R, Smouse, PE. 2012. GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. *Bioinformatics* 28(19):2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

Pritchard, JK, Stephens, M, Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155(2):945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>

Puechmaille, SJ. 2016. The program STRUCTURE does not reliably recover the correct population structure when sampling is uneven: subsampling and new estimators alleviate the problem. *Molecular Ecology Resources* 16(3):608–627. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12512>

Rovelli, G, Luigi-Sierra, MG, Guan, D, Sbarra, F, Quaglia, A, Sarti, FM, Amills, M, Lasagna, E. 2021. Evolution of inbreeding: a gaze into five Italian beef cattle breeds history. *PeerJ* 9:e12049. <https://doi.org/10.7717/peerj.12049>

Silva Filho, E, Silva, MH, Campelo, JEG, Derosia, MR, Pinheiro, LML, Almeida, MJO. 2014. Genetic characterization of Curraleiro Pé-Duro bovine breed from a conservation herd of

- Brazilian semiarid. *Genetics and Molecular Research* 13(1):2149–2154. <https://doi.org/10.4238/2014.March.24.22>
- Smith, TB, Weissman, DB. 2020. Isolation by Distance in Populations with Long-Range Dispersal. *Evolutionary Biology*. <https://doi.org/10.1101/2020.06.24.168211>
- Steffen, P, Eggen, A, Stranzinger, G, Fries, R, Dietz, AB, Womack, JE. 1993. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Animal Genetics* 24(2):121–124. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1993.tb00252.x>
- Sunden, SLF, Stone, RT, Bishop, MD, Kappes, SM, Keele, JW, Beattie, CW. 2009. A highly polymorphic bovine microsatellite locus: BM2113. *Animal Genetics* 24(1):69–69. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1993.tb00924.x>
- Solinas-Toldo, S, Fries, R, Steffen, P, Neiberg, HL, Barendse, W, Womack, JE, Hetzel, DJS, Stranzinger, G. 1993. Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor *loci* on bovine chromosomes. *Mammalian Genome* 4(12):720–727. <https://doi.org/10.1007/BF00357796>
- Vaiman, D, Mercier, D, Moazami-Goudarzi, K, Eggen, A, Ciampolini, R, Lépingle, A, Velmala, R, Kaukinen, J, Varvio, S.L, Martin, P, Levéziel, H, Guérin, G. 1994. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* 5(5):288–297. <https://doi.org/10.1007/BF00389543>
- Vollset, SE, Goren, E, Yuan, CW, Cao, J, Smith, AE, Hsiao, T, ...& Murray, CJ. 2020. Fertility, mortality, migration, and population scenarios for 195 countries and territories from 2017 to 2100: a forecasting analysis for the Global Burden of Disease Study. *The Lancet*, 396:1285–1306. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30677-2](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30677-2)
- Van Oosterhout, C, Hutchinson, WF, Wills, DPM, Shipley, P. 2004. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 4(3):535–538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>
- Wright, S. 1949. The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics* 15(4): 323–354. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1949.tb02451.x>



**CAPÍTULO III –****PREDICTION OF BODY WEIGHT OF CURRALEIRO PÉ-DURO CATTLE BASED  
ON MORPHOMETRIC MEASUREMENTS\***

\*Formatado com as normas do periódico “Tropical Animal Health and Production”, ISSN:  
0049-4747: [Normas periódico](#).

## ABSTRACT

Body weight development is highly correlated with some body measurements in beef cattle. Based on the relationship between morphometric measurements and body mass, this research aimed to develop regression equations to estimate the body weight (BW) of Curraleiro Pé-Duro (CPD) breed to be used in farms that lack access to weighing scales. Data from 1082 animals from four farms regarding withers height (WH), body length (BL), body score (BS), heart girth (HG), permanent teeth (PT), scrotal perimeter (SP), and body weight of the following animal categories were classified in: newborns (NB), calves, weaned animals, cows, and bulls were used. After submitting a sample, based on the models present in the literature, specific models for CPD were developed with all the data, using the Generalized Linear Models (GLM). For evaluating the efficiency of the models, the Root Mean Squared Error (RMSE), the correlation ( $r$ ) between predicted and observed and the Aikake Inference Criterion (AIC) were considered. The best models are GLM with Gamma, Gamma, Inverse Gaussian, Gaussian, and Gamma distributions for NB, calves, weaned animals, cows, and bulls, respectively. Predictive modeling for bulls was the best performing overall, with a correlation of 0.97 between the estimated by the model and the obtained with a weighing scale. For NB, calves, weaned animals, and cows, the correlation ( $r$ ) was 0.85, 0.90, 0.95, and 0.86, respectively. The evaluated models are adequate to be used as a technical solution to estimate weight in a cattle production system.

**Keywords:** scale, tape measure, Gamma, Generalized Linear Models, *Stepwise*.

## INTRODUCTION

The Brazilian cattle production system is characterized by farms with variable distances from urban centers and thus different levels of access to technological resources and labor. Moreover, farms have different sizes and consist of preserved native vegetation and pasture areas, in which the animals are raised. Under these conditions, livestock record keeping and management practices, such as weight measurements, (Morais, 2017) are necessary.

In this production systems where weight measurements are carried out, after birth, farmers usually have to move the cow and newborn calf to the farm's headquarters where a weighing scale might be available. However, the cost of this practice is currently incompatible with the investment capacity of most small and medium-size

herds. In addition, moving animals from the place of delivery to weighing facilities is exhausting to both calf, which can ride along with the handler, and cow after calving (Paranhos da Costa et al., 2006).

During the weaned and adult stages, body weight continues to be the main measurement and is used to make nutritional adjustments and medication dosage calculations, monitor of health and development, as well as estimate economic returns. During these stages, sanitary management practices, such as deworming and ectoparasite control, are usually combined with individual body weighing. To maintain the essential practices for monitoring the development of animals at the birth and at other stages and avoid unnecessary stress, simple alternatives based on linear estimates of measurements could be used to estimate body mass (Nahari et al., 2018).

Despite being the most common and useful, methods that use heart girth tapes are not very accurate for all cattle breeds and ages. Also, they are not adequate to newborn and adult animals, because it is restricted to one single correlation between heart girth and weight for all cattle categories (Sherwin, et al., 2021).

Nonetheless, there are evidence supporting the use of simple instruments, such as a measuring tape, to measure heart girth, body length, among others, which combined with linear estimators can predict the weight of animals per category within each breed. As previously mentioned, variations within genetic groups are consistent, and for Curraleiro Pé-Duro cattle reared in central-northern Brazil, appropriate models designed to estimate body weight are not available (Nascimento et al., 2019).

Regarding models, estimates can be obtained based on morphometric measurement, however, the combination of multiple variables can result in greater predicting power. The complexity of predicting cattle weight as a function of interactions among morphological measurements throughout the animal's life, as discussed before (Turini et al., 2021), and the *StepWise* method can be used to assist the selection of the most important predictor variables.

Models for predicting cattle body weight are based on the ordinary least squares method (Lukuyu et al., 2016; Turini et al., 2021), which despite its predicting power, has limitations mainly due to the data. Pekar and Brabec (2016) discussed the assumptions, and suggest that GLM, Generalized Linear Models, offer greater freedom, as they can be used in many scenarios in an easy and unified way. Then, we hypothesized which using different morphometric measures for different animal categories will better estimate the body weight of Curraleiro Pé Duro cattle. Then, the objective of this research was to estimating the body weight of Curraleiro Pé-Duro (CPD) cattle by animal category based on different morphometric measurements.

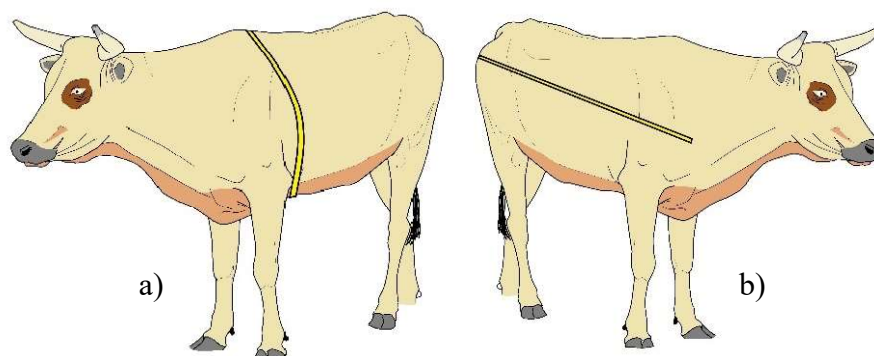
## MATERIALS AND METHODS

### *Morphometric Measurements*

Measurements of 1082 animals were obtained in four farms (Carnaíba, Faveira, Ortigas and Titara), located in four different cities Campo Maior, Elesbão Veloso and Cocal de Telha, located in Piauí state, Presidente Dutra, located in Maranhão state, Northeast region of Brazil. After excluding incomplete data, the remaining 1027 records were analyzed.

To measure heart girth (HG), the tape was placed on the back of the standing animal, near the withers, interscapular region, on the spinous process of the seventh thoracic vertebra, measuring the perimeter at the animal's armpit, close to the animal's body with no gaps or twists (Figure 1a). This measure was taken with a flexible, non-elastic 2-m measuring tape with a millimeter scale. Body length (BL) was the distance between the scapular tuberosity joint attached to the humerus and the sciatic tuberosity at the pelvic extremity of the animal (Figure 1, b). It was measured with a measuring stick made from two PVC pipes (polyvinyl chloride), ½ and 1-inch and fittings, in which the smaller pipe, graduated in cm, moved internally through the larger pipe to measure distances. The body weight and all linear body measurements were taken once off by the same person in order to avoid individual variations in measurements. The same equipment was used to measure the distance from the ground to the withers (scapula) to obtain the withers height (WH).

The scrotal perimeter is measured externally, with the animal properly contained. Then a metallic tape is placed around the scrotum when it has the greatest perceptible width, predicting the SP, scrotal perimeter, in linear centimeters. The linear measurements in centimeters of all measures were recorded in a form, along with the weight of the animal in Kg, sex, and herd data, according to Magnabosco et al.(2017).



**Figure 1** Illustration of heart girth (a) and body length (b) measurements. Source: authors

Newborn animals are one day old, calves are from 2 days to 8 months old, animals after weaning (Weaned) are from 9 months to 2 years old, which coincides with the period of backgrounding or stocker of cattle in the region, and from 2 years old they begin their adult life, with breeding being classified as cows or bulls.

Calf birth weight was obtained using a portable scale. Stationary scales were used to weigh animals at weaning, weaned, and adult stages, in kg, with small variations in models. On the farm located in Cocal de Telha, a calibrated analog scale was used to weighing animals. On the Elesbão Veloso, Campo Maior and Presidente Dutra Farms, livestock was weighed using tared digital scales.

Body Score (BS) was determined by an experienced evaluator, based on criteria for beef cattle reared in the Brazilian tropical climate (GENEPLUS, 2019), with grades from 1 to 6, from extremely thin to extremely obese, respectively. Data used available at: [10.5281/zenodo.8033125](https://zenodo.org/record/8033125).

### *Regression models*

Initially, methods present in the literature were applied to estimate or predict weight on a test sample of 341 cattle: Heinrichs et al. (1992), Gibbs and Householder (1993), Abreu et al. (2008), Schaeffer's Formula (Sastry et al., 1983), Lukuyu et al. (2016), Prihandini et al. (2020) and Nascimento et al. (2019). The efficiency of the models was observed through the comparison of the weight on an analog scale estimated by each proposal, the difference of which constitutes the RMSE (Root Mean Square Error). The resources of the Metrics package were also used (Hamner et al., 2018).

The body weight of animals grouped by categories (newborns, calves, weaned, cows, and bulls) was considered as dependent variable to be regressed on morphometric measurements. Regression model (RM) were developed based on generalized linear models (GLM), in which some measurements are intrinsic to certain animal categories.

For newborns, heart girth (HG) and sex (S) were considered as independent variables (RM 1). To estimate the weight of calves, wither height (WH) was included (RM 2), while for weaned animals, body length (BL) and body score (BS) were added (RM 3). Adult animals exhibited evident differences in the physiology of body tissues, and were arranged in separate categories: cows (RM 4) and bulls (RM 5).

$$Weight_{newborn} = \beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 HG + \varepsilon$$

Regression model. 1

$$Weight_{calves} = \beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 (HG * WH) + \varepsilon$$

Regression model. 2

$$Weight_{weaned} = \beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 BL + \beta_5 BS + \beta_6 (HG * WH) + \beta_7 (HG * BL) + \beta_8 (HG * BS) + \beta_9 (WH * BL) + \beta_{10} (WH * BS) + \beta_{11} (BL * BS) + \beta_{12} (HG * WH * BL) + \beta_{13} (HG * WH * BS) + \beta_{14} (WH * BL * BS) + \beta_{15} (HG * BL * BS) + \beta_{16} (HG * WH * BL * BS) + \varepsilon$$

Regression model. 3

$$Weight_{cows} = \beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 BS + \beta_4 PT + \beta_5 (HG * WH) + \beta_6 (HG * BS) + \beta_7 (HG * PT) + \beta_8 (WH * BS) + \beta_9 (WH * PT) + \beta_{10} (BS * PT) + \beta_{11} (HG * WH * BS) + \beta_{12} (HG * WH * PT) + \beta_{13} (HG * BS * PT) + \beta_{14} (PT * WH * BS) + \beta_{15} (HG * WH * BS * PT) + \varepsilon$$

Regression model. 4

$$Weight_{bulls} = \beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 SP + \beta_4 (HG * WH) + \beta_5 (HG * SP) + \beta_6 (WH * SP) + \beta_7 (HG * WH * SP) + \varepsilon$$

Regression model. 5

Where,  $\beta_0$  is intercept;  $\beta_x$  is the parameter that multiplies the independent variables; *S*: sex; *HG*: heart girth; *WH*: withers height; *BL*: body length; *BS*: body score; *PT*: permanent teeth, *SP*: scrotal perimeter; *HG\*WH*: interaction between HG and WH; *HG\*BL*: interaction between HG and BL; *HG\*BS*: interaction between HG and BS; *HG\*PT*: interaction between HG and PT; *HG\*SP*: interaction between HG and SP; *WH\*BL*: interaction between WH and BL; *WH\*BS*: interaction between WH and BS; *WH\*PT*: interaction between WH and PT; *WH\*SP*: interaction between WH and SP; *BL\*BS*: interaction between BL and BS; *BS\*PT*: interaction between BS and PT; *HG\*WH\*BL*: interaction among HG, WH and BL; *HG\*BL\*BS*: interaction among HG, BL and BS; *WH\*BL\*BS*: interaction among WH, BL and BS; *HG\*WH\*BS*: interaction among HG, WH and BS; *HG\*WH\*PT*: interaction among HG, WH and PT; *WH\*BS\*PT*: interaction among WH, BS and PT; *HG\*WH\*SP*: interaction among HG, WH and SP; *HG\*WH\*BL\*BS*: interaction among HG, WH, BL and BS; *HG\*WH\*BS\*PT*: interaction among HG, WH, BS and PT;  $\varepsilon$  error.

Five generalized linear models (GLM) were developed: Gaussian, Gamma with two link functions, and Inverse Gaussian distribution with two link functions for the categories newborn, calves, pos-weaned, cows, and bulls, respectively. The number of regressor variables evaluated was based on the intrinsic biological functions of each category. These models were subjected to StepWise regression by the backward strategy to reduce the number of terms based on the Aikake Inference Criterion (Aikake), with non-significant terms being gradually removed to a reduced model consisted of only terms with a significant effect (p-value  $\leq 0.05$ ). The adjustments for Gaussian or normal (Gas), Gamma (Gam), and Inverse Gaussian (iGs) distributions were evaluated with their corresponding link functions: identity, inverse and  $1/\mu^2$ , respectively. For Gam and iGs distributions, the alternative link function “Log” was included in the evaluation to assess the best distribution for the data by category. Thus, the models were tested with two versions, one with all variables and their interactions and a second version ( $\beta_0, \beta_1, \beta_2, \dots \beta_k$ ) after all terms were evaluated with a *t-test* and 95% confidence interval.

#### *Criteria for the selection of linear models*

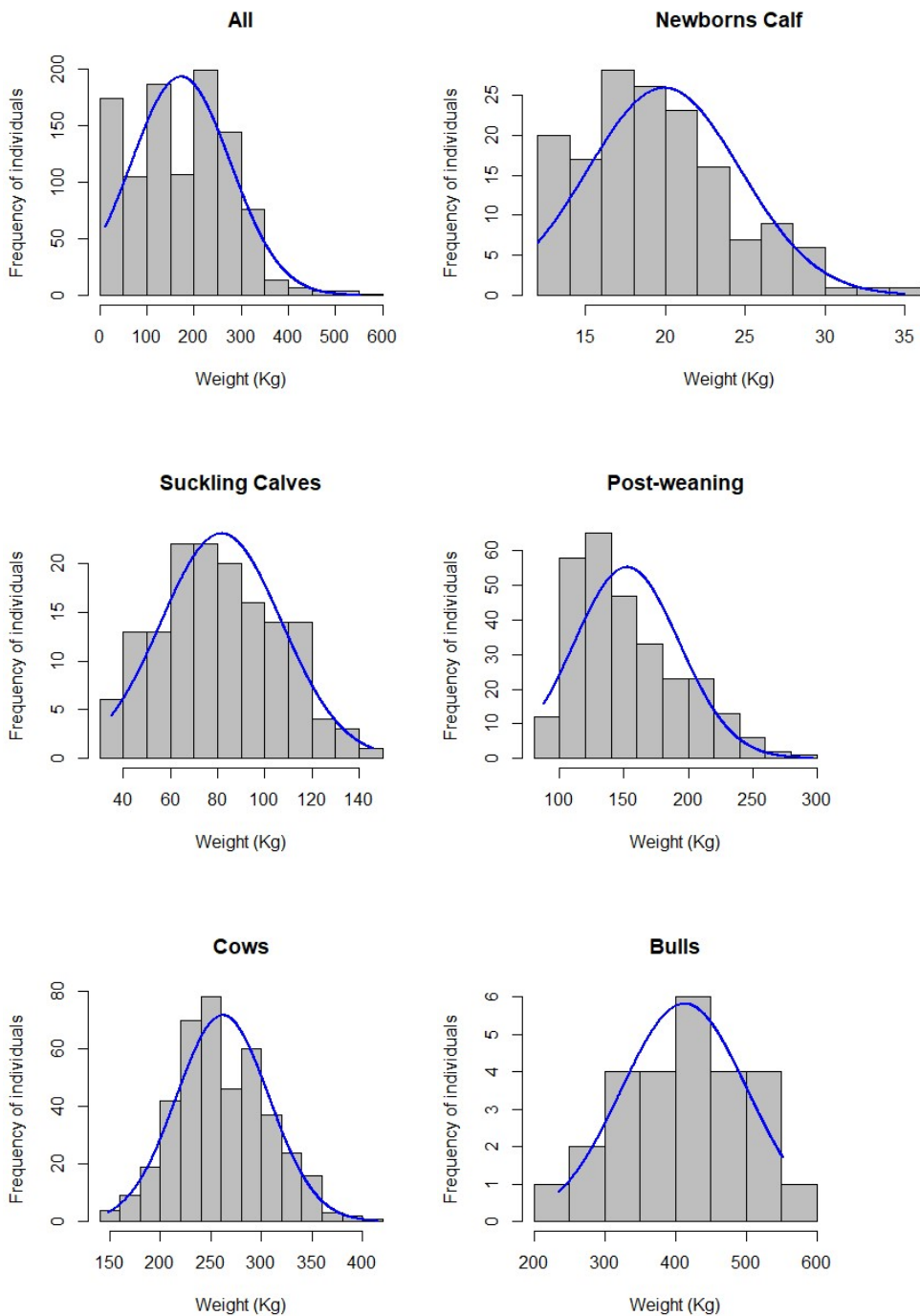
To evaluate the predictive power of GLMs, AIC (Aikake Inference Criterion), *r* correlation (Pearson) between the predicted by each model and the observed weight of animals, and RMSE (root mean square error) were used. To evaluate the accuracy of the model, a simple linear correlation between the observed body weights and the predicted ones was obtained for each model. The root mean square error (RMSE), widely used for similar purposes (Tebug, et al., 2016; TURINI et al., 2021), was calculated with the *rcompanion* package.

The models were developed using the “glm” function of *stats*, the statistical package of the R software used to estimate live weight according to regressor variables. Other packages of the same software were also used: *readxl* (Wickham et al., 2023), *tidyverse* (Wickham, 2023), *Mass* (Ripley et al., 2023) and *dplyr* (Wickham et al., 2023); to read and import files, create functions, estimate parameters, calculate criteria, calculate correlations, and obtain necessary parameters to evaluate the accuracy of models and generate graphic figures.

The procedures of this investigation were previously submitted to the Committee on Ethics in Animal Use of the Universidade Federal do Piauí, obtaining approval under registration n.683/2021.

## **RESULTS**

The weight body of animals ranged considerable, from approximately twenty kilos at birth to bulls weighting over half a ton. As shown in the frequency of weights, the distribution was heterogeneous and could not be classified as a fully normal distribution within each animal category, except for that of bulls (Figure 2).



**Figure 2.** Histograms of the variable weight of Curraleiro Pé-duro cattle, with normal distribution curve in blue; for all (a), newborns (b), calf (c), weaned animal (d), cows (e), and bulls (f)



Based on the histograms, a bell-shaped or Gaussian distribution was not observed, thus preventing the use of regression models that assume a normal distribution of residues. Therefore, due to the behavior of the data, linear regression models were not applicable, and GLM, Generalized Linear Models were used instead.

The amplitude range of the dependent variable (weight), which increases up to 28 times between categories, supports a categorical data analysis in order to optimize estimators, with ranges and means presented in Table 1. GLM by category can be used, given the assumption of mutually exclusive categories, as the same animal cannot be in more than one category, characterizing a dichotomous dependent variable, with no repeated measurements, thus independent of observations.

**Table 1. Measures of position of morphological variables of CPD cattle.**

Category	N	WH (cm)			HG (cm)			Weight (Kg)		
		Min	$\bar{x}$	Max	Min	$\bar{x}$	Max	Min	$\bar{x}$	Max
NB	155	-	-	-	48	62.94	77	12	19.92	35
Calves	148	67	88.97	112	78	106.1	131	35	81.7	146
Weaned	284	85	100.5	122	100	130.1	161	88	152.9	297
Cows	411	95	109	129	133	155.3	184	148	261,9	415
Bulls	28	102	119.3	168	151	179.1	204.5	235	413.5	552

WH: withers height; hg: heart girth; NB: newborns; Min: minimum;  $\bar{x}$ : sample arithmetic mean; Max: Maximum.

The test sample (341 animals) indicated in a non-specifically way that the best models would be: Gibbs and Householder (1993), Prihandini et al. (2020), Lukuyu et al. (2016), Heinrichs et al. (1992), Schaeffer's Formula (Sastry et al., 1983), Nascimento et al (2019) and a little less adjusted Abreu et al. (2008); respectively presenting the following RMSE: 24.44; 27.52; 29.98; 36.83; 40.39; 75.34 and 127.55. Variation in the accuracy of the tested models was noted, leading us to reflect on the hypothesis of it being possible to obtain gains in precision power from the development and use of models developed specifically for the genetic group in question and with application in multi-herds.

### Newborn Category

The initially evaluated models arranged in the initial lines in each distribution (Dstr) did not necessarily present lower performance, higher AIC for example, in relation to the models after reducing the number of terms using the StepWise procedure, the differences observed in Table 2 were very subtle.

Table 2. Regression models for predicting the weight of newborns (NB).

Dstr	LF	Initial model Models after StepWise	AIC	<i>r</i>	RMSE
Gas	identity	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \varepsilon$	728.4	0.85	2.47
		$\beta_0 + \beta_1 HG$	726.7	0.85	2.47
Gam	inverse	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \varepsilon$	734.26	0.85	20.43
		$\beta_0 + \beta_1 HG$	733.58	0.85	20.43
	Log	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \varepsilon$	716,21	0.85	17.56
		$\beta_0 + \beta_1 HG$	715.33	0.85	17.56
iGas	$1/\mu^2$	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \varepsilon$	758.58	0.85	20.48
		$\beta_0 + \beta_1 HG$	757.81	0.85	20.48
	Log	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \varepsilon$	716.67	0.85	17.56
		$\beta_0 + \beta_1 HG$	715.90	0.85	17.56

Dstr: probability distribution family; LF: link function; AIC: Aikake Inference Criterion. *r*: correlation (Pearson) between what was predicted by the model and what was observed (scale weight); RMSE: Square Root Mean Error; Gas: Gaussian; Gamma: Gamma; iGas: Inverse Gaussian; S: Sex; HG: heart girth; NS: regressor variable with no significant effect (p-value  $\geq 0.05$ );  $\beta_0$ : intercept;  $\beta_i$ : parameters of model. N=155.

The effect of sex is not relevant for predicting body weight of newborn CPD cattle. In all models, with different distribution and link functions, the effect of sex was not significant, with p-value > 0.05. The best GLM model to estimate the weight of CPD newborns used Gamma distribution and link function (LF) Log.

### Calves category

The offspring category consists of animals in the suckling phase, normally this phase lasts from seven to nine months. Considering the evaluated models (Table 3), the Gaussian distribution (normal) was inappropriate for all variable. Without it, all terms in the equation became significant. In the case of Gamma and Inverse Gaussian distributions, sex (S) was non-significant (p-value 0.08). The best GLM model to estimate the weight of CPD calves used the Gamma distribution and inverse LF.

Table 3. Models evaluated to estimate the weight of calves CPD cattle.

Dstr	LF	Initial model Models after StepWise	AIC	r	RMSE
Gas	Identity	$\beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 HG^{ns} + \beta_3 WH + \beta_4 (HG * WH) + \mathcal{E}$	1142	0.90	11.01
		$\beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 WH + \beta_3 (HG \times WH)$	1245	0.78	15.80
Gam	Inverse	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 (HG * WH) + \mathcal{E}$	1119	0.91	10.74
		$\theta_0 + \theta_1 HG + \theta_2 WH + \theta_3 (HG \times WH)$	1120	0.90	11.02
	Log	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 (HG * WH)^{ns} + \mathcal{E}$	1121	0.90	10.86
		$\theta_0 + \theta_1 HG + \theta_2 WH$	1122	0.90	11.29
iGas	1/ $\mu^2$	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 (HG * WH) + \mathcal{E}$	1137	0.90	11.11
		$\beta_0 + \theta_1 HG + \theta_2 WH + \theta_3 (HG \times WH)$	1136	0.89	11.40
	Log	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 (HG * WH) + \mathcal{E}$	1129	0.90	10.91
		$\beta_0 + \theta_1 HG + \theta_2 WH + \theta_3 (HG \times WH)$	1129	0.89	11.36

Dstr: probability distribution family; LF: link function; AIC: Aikake's Inference Criterion. r: correlation (Pearson) between what was predicted by the model and what was observed (scale weight); RMSE: Square root of mean error; Gas: Gaussian; Gam: Gamma; iGas: Inverse Gaussian; S: Sex; HG: heart girth; WH: body height at withers.<sup>NS</sup>: regressor variable with no significant effect (p-value  $\geq 0,05$ );  $\beta_0$ : intercept;  $\beta_i$ : parameters of model. N=155.

**Pos weaned Category**

For the weaned category, in addition to body weight, sex (S), heart girth (HG), withers height (WH), body length (BL), and score (BS) were obtained. Thus the Equation 3 was subjected to backward StepWise to reduce regressor variables to a minimum in order to obtain the models with the lowest AIC (Table 4).

Table 4. Models evaluated to estimate the weight of pos weaned CPD cattle.

Dstr	LF	Initial model	AIC	$r$	RMSE
		Models after StepWise			
Gas	Identy	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 BL^{ns} + \beta_5 BS + \beta_6 (HG * WH) + \beta_7 (HG * BL)^{ns} + \beta_8 (HG * BS) + \beta_9 (WH * BL)$ $+ \beta_{10} (WH * BS) + \beta_{11} (BL * BS)^{ns} + \beta_{12} (HG * WH * BL) + \beta_{13} (HG * WH + BS) + \beta_{14} (WH * BL * BS) +$ $\beta_{15} (HG * BL * BS) + \beta_{16} (HG * WH * BL * BS) + \epsilon$	2244	0.96	11.81
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 BS + \beta_4 (HG * WH) + \beta_5 (HG * BS) + \beta_6 (WH * BL)$ $+ \beta_7 (WH * BS) + \beta_8 (HG * WH * BL) + \beta_9 (HG * WH * BS) + \beta_{10} (HG * BL * BS) + \beta_{11} (WH * BL * BS) + \beta_{12} (HG * WH * BL * BS)$	2415	0.92	16.42
Gam	Inverse	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \beta_3 WH^{ns} + \beta_4 BL + \beta_5 BS + \beta_6 (HG * WH)^{ns} + \beta_7 (HG * BL) + \beta_8 (HG * BS) + \beta_9 (WH * BL)^{ns} + \beta_{10} (WH * BS) + \beta_{11} (BL * B$ $S)^{ns} + \beta_{12} (HG * WH * BL)^{ns} + \beta_{13} + (HG * WH + BS) + \beta_{14} (WH * BL * BS)^{ns} + \beta_{15} (HG * BL * BS) + \beta_{16} (HG * WH * BL * BS) + \epsilon$	2245	0.96	11.83
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 BL + \beta_3 BS + \beta_4 (HG * BL) + \beta_5 (HG * BS) + \beta_6 (WH * BS) + \beta_7 (HG * WH + BS) + \beta_8 (HG * BL * BS) + \beta_9 (HG * WH * BL * BS)$	2241	0.96	11.95
	Log	$\beta_0 + \beta_1 S^{ns} + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 BL^{ns} + \beta_5 BS + \beta_6 (HG * WH) + \beta_7 (HG * BL)^{ns} + \beta_8 (HG * BS) + \beta_9 (WH * BL) + \beta_{10} (WH * BS) + \beta_{11} (BL * BS$ $)^{ns} + \beta_{12} (HG * WH * BL) + \beta_{13} (HG * WH + BS) + \beta_{14} (WH * BL * BS) + \beta_{15} (HG * BL * BS) + \beta_{16} (HG * WH * BL * BS) + \epsilon$	2215	0.96	12.09
$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 BS + \beta_4 (HG * WH) + \beta_5 (WH * BL) + \beta_6 (HG * BS) + \beta_7 (WH * BS) + \beta_8 (HG * WH * BL) + \beta_9 + (HG * WH + BS) + \beta_{10} ($ $WH * BL * BS) + \beta_{11} (HG * BL * BS) + \beta_{12} (HG * WH * BL * BS)$		2208	0.95	12.25	
iGas	1/ $\mu^2$	$\beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 BL + \beta_5 BS + \beta_6 (HG * WH) + \beta_7 (HG * BL) + \beta_8 (HG * BS) + \beta_9 (WH * BL)^{ns} + \beta_{10} (WH * BS)^{ns} + \beta_{11} (BL * BS)$ $^{ns} + \beta_{12} (HG * WH * BL) + \beta_{13} (HG * WH + BS) + \beta_{14} (WH * BL * BS) + \beta_{15} (HG * BL * BS) + \beta_{16} (HG * WH * BL * BS) + \epsilon$	2203	0.96	11.93
		$\beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 HG + \beta_3 WH + \beta_4 BL + \beta_5 BS + \beta_6 (HG * WH) + \beta_7 (HG * BL) + \beta_8 (HG * BS) + \beta_9 (HG * WH * BL) + \beta_{10} + (HG * WH + BS) + \beta_{11} ($ $WH * BL * BS) + \beta_{12} (HG * BL * BS) + \beta_{13} (HG * WH * BL * BS)$	2196	0.95	12.25

	$\beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 HG^{ns} + \beta_3 WH + \beta_4 BL^{ns} + \beta_5 BS + \beta_6 (HG * WH)^{ns} + \beta_7 (HG * BL) + \beta_8 (HG * BS) + \beta_9 (WH * BL)^{ns} + \beta_{10} (WH * BS)$			
<b>Log</b>	$^{ns} + \beta_{11} (BL * BS) + \beta_{12} (HG * WH * BL)^{ns} + \beta_{13} (HG * WH + BS) + \beta_{14} (WH * BL * BS)^{ns} + \beta_{15} (HG * BL * BS)$	2232	0.95	12.61
	$^{ns} + \beta_{16} (HG * WH * BL * BS) + \epsilon$			
	$\beta_0 + \beta_1 S + \beta_2 WH + \beta_3 BS + \beta_4 (HG * BL) + \beta_5 (HG * BS) + \beta_6 (BL * BS) + \beta_7 + (HG * WH + BS) + \beta_8 (HG * WH * BL * BS)$	2227	0.95	12.61

---

Dstr: probability distribution family; LF: link function; AIC: Aikake's Inference Criterion. r: correlation (Pearson) between what was predicted by the model and what was observed (scale weight); RMSE: Square root of mean error; Gas: Gaussian; Gam: Gamma; iGas: Inverse Gaussian; S: Sex; HG: heart girth; WH: body height at withers, BL: body length; BS: composite body score. <sup>NS</sup>: contains regression variable with no significant effect (p-value  $\geq 0,05$ );  $\beta_0$ : intercept;  $\beta_i$ : parameters of model. N=284.

The full model (all regressor variables) included 16 terms with combinations of the five regressor variables obtained from morphometric terms (Equation 3). The criteria for the selection of predictor variables was their physiological association with weight, in order to avoid spurious relationships, in which variables could explain weight but were not associated with it. The number of "steps" varied depending on the family of distribution, Gaussian 4, Gamma 7 and 4, and Inverse Gaussian 3 and 7 steps when link factor were, identity, inverse, Log and  $1/\mu^2$ , Log; respectively.

This category had the highest number of regressor variables, and the occurrence of multicollinearity was evaluated, as obtained with *pairs.panel*. There was no evidence of Pearson correlation greater than 0.80 between regressor covariates, thus eliminating the possibility of multicollinearity. The best GLM model to estimate weight of weaned CPD cattle used an Inverse Gaussian distribution and  $1/\mu^2$  LF based on thirteen terms and intercept.

### **Cow category**

From puberty, the visual estimation of body score was included among independent variables. The visual estimation of body score was included among independent variables with excluding sex, because cows only were used in this stage. Therefore, HG, WH, PT and BS were included.

Five different models were initially developed from independent variables and the interactions among them, totaling 15 terms in the model (Table 5). The Gaussian distribution was the best fit to describe the weight of cows, with GLM with the lowest AIC (3745), and predicted weight values highly correlated (0.87) with actual weights.

Table 5. Regression models for predicting the weight of cows.

Dstr	LF	Initial model Models after StepWise	AIC	r	RMSE
Gas	Iden-tity	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH^{ns} + \beta_3 BS + \beta_4 PT + \beta_5 (HG*WH)^{ns} + \beta_6 (HG*BS) + \beta_7 (HG*PT) + \beta_8 (WH*BS)$ $+ \beta_9 (WH*PT) + \beta_{10} (BS*PT)^{ns} + \beta_{11} (HG*WH*BS) + \beta_{12} (HG*WH*PT) + \beta_{13} (HG*BS*PT)^{ns}$ $+ \beta_{14} (PT*WH*BS)^{ns} + \beta_{15} (HG*WH*BS*PT)^{ns}$	3754	0.87	22.35
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 BS + \beta_3 PT + \beta_4 (HG*BS) + \beta_5 (HG*PT) + \beta_6 (WH*BS) + \beta_7 (WH*PT) + \beta_8 (HG*WH*BS)$ $+ \beta_9 (HG*WH*PT)$	3745	0.87	22.45
Gam	Inver-se	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH^{ns} + \beta_3 BS^{ns} + \beta_4 PT + \beta_5 (HG*WH)^{ns} + \beta_6 (HG*BS)^{ns} + \beta_7 (HG*PT)$ $+ \beta_8 (WH*BS)^{ns} + \beta_9 (WH*PT) + \beta_{10} (BS*PT)^{ns} + \beta_{11} (HG*WH*BS)^{ns} + \beta_{12} (HG*WH*PT) +$ $\beta_{13} (HG*BS*PT)^{ns} + \beta_{14} (PT*WH*BS) + \beta_{15} (HG*WH*BS*PT)^{ns}$	3775	0.86	265.86
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 PT + \beta_3 (HG*PT) + \beta_4 (WH*PT) + \beta_5 (HG*WH*PT) + \beta_6 (WH*BS*PT)$	3745	0.87	22.60
	Log	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 BS^{ns} + \beta_4 PT + \beta_5 (HG*WH) + \beta_6 (HG*BS)^{ns} + \beta_7 (HG*PT) + \beta_8 (WH*BS)^{ns}$ $+ \beta_9 (WH*PT) + \beta_{10} (BS*PT)^{ns} + \beta_{11} (HG*WH*BS)^{ns} + \beta_{12} (HG*WH*PT) + \beta_{13} (HG*BS*PT)^{ns}$ $+ \beta_{14} (PT*WH*BS) + \beta_{15} (HG*WH*BS*PT)$	3771.2	0.87	260.37
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 PT + \beta_4 (HG*WH) + \beta_5 (HG*PT) + \beta_6 (WH*PT)$ $+ \beta_{12} (HG*WH*PT) + \beta_{14} (WH*BS*PT) + \beta_{15} (HG*WH*BS*PT)$	3762.7	0.87	260.37
iGas	1/ $\mu^2$	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 BS^{ns} + \beta_4 PT + \beta_5 (HG*WH) + \beta_6 (HG*BS)^{ns} + \beta_7 (HG*PT) + \beta_8 (WH*BS)^{ns}$ $+ \beta_9 (WH*PT) + \beta_{10} (BS*PT)^{ns} + \beta_{11} (HG*WH*BS)^{ns} + \beta_{12} (HG*WH*PT) + \beta_{13} (HG*BS*PT)^{ns}$ $+ \beta_{14} (PT*WH*BS) + \beta_{15} (HG*WH*BS*PT)$	3806,3	0.84	23.41
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_4 PT + \beta_5 (HG*WH) + \beta_7 (HG*PT) + \beta_9 (WH*PT) + \beta_{12} (HG*WH*PT)$ $+ \beta_{14} (PT*WH*BS) + \beta_{15} (HG*WH*BS*PT)$	3799	0.84	23.42



iGas	Log	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 BS^{ns} + \beta_4 PT + \beta_5 (HG * WH) + \beta_6 (HG * BS)^{ns} + \beta_7 (HG * PT) + \beta_8 (WH * BS)^{ns}$ $+ \beta_9 (WH * PT) + \beta_{10} (BS * PT)^{ns} + \beta_{11} (HG * WH * BS)^{ns} + \beta_{12} (HG * WH * PT) + \beta_{13} (HG * BS * PT)^{ns}$ $+ \beta_{14} (PT * WH * BS) + \beta_{15} (HG * WH * BS * PT)$	3795,3	0.87	23.84
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_4 PT + \beta_5 (HG * WH) + \beta_7 (HG * PT) + \beta_9 (WH * PT) + \beta_{12} (HG * WH * PT)$ $+ \beta_{14} (PT * WH * BS) + \beta_{15} (HG * WH * BS * PT)$	3786.1	0.87	22.90

Dstr: probability distribution family; LF: link function; AIC: Aikake's Inference Criterion. *r*: correlation (Pearson) between what was predicted by the model and what was observed (scale weight); RMSE: Square root of mean error; Gas: Gaussian; Gam: Gamma; iGas: Inverse Gaussian; HG: heart girth; PT: permanent teeth; WH: body height at withers; BS: composite body score. <sup>NS</sup> contains regression variable with no significant effect (p-value  $\geq 0,05$ );  $\beta_0$ : intercept;  $\beta_i$ : parameters of model. N=411

### Bull Category

Bulls from weaned calves have the highest body weight in the herd, with measurements restricted to males, such as scrotal perimeter, which is correlated with size and consequently weight. Five different models were initially developed based on independent variables and interactions among them, totaling 7 terms in the full model (Table 6).

Table 6. Models evaluated to estimate the weight of CPD bulls.

Dstr	LF	Initial model Models after StepWise	AIC	<i>r</i>	RMSE
Gas	<i>Identity</i>	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 SP + \beta_4 (HG*WH) + \beta_5 (HG*SP) + \beta_6 (WH*SP) + \beta_7 (HG*WH*SP)$	247.1	0.97	19.85
	<i>Inverse</i>	$\beta_0 + \beta_1 HG^{ns} + \beta_2 WH + \beta_3 SP + \beta_4 (HG*WH) + \beta_5 (HG*SP) + \beta_6 (WH*SP) + \beta_7 (HG*WH*SP)$	248.3	0.95	20.64
Gam		$\beta_0 + \beta_1 WH + \beta_2 (HG \times WH) + \beta_3 (WH \times SP) + \beta_4 (HG \times WH \times SP)$	249.8	0.93	25.29
	<i>Log</i>	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 SP + \beta_4 (HG*WH) + \beta_5 (HG*SP) + \beta_6 (WH*SP) + \beta_7 (HG*WH*SP)$	245.75	0.97	19.89
	$1/\mu^2$	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 SP + \beta_4 (HG*WH) + \beta_5 (HG*SP) + \beta_6 (WH*SP) + \beta_7 (HG*WH*SP)$	269	0.96	22.35
		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 (WH \times SP) + \beta_3 (HG \times WH \times SP)$	269	0.96	24.67
iGas		$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 SP + \beta_4 (HG*WH) + \beta_5 (HG*SP) + \beta_6 (WH*SP) + \beta_7 (HG*WH*SP)$	261	0.97	20.05
	<i>Log</i>	$\beta_0 + \beta_1 HG + \beta_2 WH + \beta_3 SP + \beta_4 (HG \times WH) + \beta_5 (HG \times PBS) + \beta_6 (WH \times SP) + \beta_7 (HG \times WH \times SP)$	261	0.97	20.05

Dstr: probability distribution family; LF: link function; AIC: Aikake's Inference Criterion. *r*: correlation (Pearson) between what was predicted by the model and what was observed (scale weight); RMSE: Square root of mean error; Gas: Gaussian; Gam: Gamma; iGas: Inverse Gaussian; HG: heart girth; WH: body height at withers; SP: scrotal perimeter. <sup>NS</sup> contains regression variable with no significant effect (p-value  $\geq 0,05$ );  $\beta_0$ : intercept;  $\beta_i$ : parameters of model. N=26.

In generalized linear models (GLM) with Gaussian distribution and identity link function (original) and Gamma and Inverse Gaussian distributions with log link function, StepWise was not required. In these, all terms were significant for the prediction of weight, and StepWise did not change the list of terms. In fact, GLM with Gamma distribution and Log FT was the one that best explained the weight variable. Heart girth (HG) was the only morphometric measure with the highest correlation with the variable weight, although the other measurements contributed to the weight estimation. Scrotal perimeter (cm) was associated with weight, but not as much as HG.

The intercepts and betas of the best models were extracted and are available at: [10.5281/zenodo.8024838](https://doi.org/10.5281/zenodo.8024838). Among the supplements, one can find graphs that visually project the deviations between the observed weights and those predicted by the best models from each category.

## DISCUSSION

Rondo® tape is a commercial product widely used by breeders around the world. Wangchuck et al. (2017) evaluated this product and other methods, including Schaeffer's formula (Sastry et al., 1983), tested in this investigation. The results with Jersey cattle, which have a similar size to the CPD, indicated the Schaeffer formula as more adjusted. The other models were included because they are recurrently evaluated, developed in similar conditions of the creation of the CPD or developed specifically for the breed, as pointed by Nascimento et al. (2019).

According to Gibbs and Householder (1993), a very simple model:  $((PT \times PT \times C)/300)$  appeared to be the most adjusted, followed by models developed in tropical conditions in developing countries (Kenya and Indonesia), with data from crossbred animals and local breeds of cattle (Sapi Sayur), respectively. The models developed in this investigation proved to be more adequate, with RMSE 11.02; 12.25; 23.01 and 25.09; respectively for lactating and rearing animals, and adult females and males. Applying the models developed for CPD, to the test database, the same one that was submitted to the models present in the bibliography, the RMSE of 12.47 indicated twice the precision, half of the RMSE, in relation to the best models tested among those available. Therefore, advances in the weight estimation were made and inaccuracy for all categories were reduced.

None of the morphometric measurements could be generalized as a regressor variable to estimate body weight in all animals. Heart girth was most correlated with mass measurements regardless of category, and remained important, possibly the main regressor variable to estimate body weight in CPD cattle. However it tends to be more efficient in conjunction with other morphometric measurements. The density of body tissues is not very

variable, thus as the animal grows, body mass increases, maintaining a relative density throughout the animal's life. The use of a morphometric measure associated with volume to predict cattle body mass is reasonable and relatively feasible.

Historically, a cattle weigh tape has been used, but since its introduction, cattle farming has undergone changes and modernization, especially favoring more precise methods. Wangchuk et al. (2018) suggested discontinuing the use of measuring tapes based on a single morphometric measure (Rondo tape). Despite techniques with several measures for animals weight estimation (Weigh tape). Regardless, there is a demand for alternatives to weighing, especially in developing countries such as Bhutan (Wangchuk et al., 2018), India (Ashwini et al., 2019), Nigeria (Yakubu et al., 2021), Kenya (Lukuyu et al., 2016), Senegal (Tebug et al., 2016), and Brazil (Abreu et al., 2015; Magnabosco et al., 2017; Nascimento et al., 2019), where conventional devices are not easily accessible to producers.

Among animal categories, it is particularly difficult to weigh newborn cattle in the field. Because they are in a natural environment, it is not uncommon for cows to hide when giving birth (Kent, 2020). With an immature body, the calf squeezes through the cow's pelvis, despite the proportion of adults, with newborn calves exhibiting morphometric variations not only among breeds, but also as a result of environmental variables, such as birth season (Tuska et al., 2022). Heart girth has been the best measure to estimate the weight of newborn cattle (Lukuyu et al., 2016, Lesosky et al., 2012). As also observed in the present study for the CPD, HG was the most useful variable for predicting weight.

The birth weights of male and female CPD cattle were 19 and 21 kg, respectively. In a research which data specific from this category, it was concluded with the effect of sex was not significant to estimate weight (Magnabosco et al., (2017). The evaluated models had good accuracy, and the best one had a mean square error of less than 2 Kg. Nelore cattle have higher mean weight at birth compared to that of CPD, usually above 32 Kg, compared to 19 Kg of CPD. The range of birth weights seems to influence the prediction capacity of the models, as differences between breeds (Nelore and Brahman) were reported on studies on both, and the capacity to predict the weight of Nelore newborns was lower than that of Brahman calves reared on the same farm.

In the case of NB CPD, linear regression models (not generalized) could not be applied because it was not possible to meet all assumptions. However, accuracy was intermediate between those obtained for Nelore and Brahman (Magnabosco et al., 2017). Cattle weight gain is higher proportionally to body size during the stage, in

which variation among all cattle is greatest (Coefficient of Variation:31%). Thus, data on the weight of these animals did not follow a normal distribution, as the least accurate GLM model used the Gaussian distribution.

The weaned stage begins with a very stressful process to animals, weaning. This can result in weight loss, which is crucial in beef cattle production. Some studies have focused on predicting weight at this stage of cattle's life (Ashwini et al.,2019; Turini et al., 2021). Yakubu et al. (2021) used teething to estimate age and Nascimento et al.(2019) grouped animals by category. The weaned stage was the most challenging category regarding estimates, supporting the use of StepWise, essential for adjusting the number of terms in the models.

The complexity of interactions among regressor variables has been assimilated by the use of the StepWise process (Turini et al.,2021) to develop models to estimate cattle weight (Isik et al., 2009; Tebug et al.,2018).

The least accurate estimation of cattle weight, for cow category, reported by Nascimento et al. (2019) was, similar to the observed in the present study. Comparatively, there were improvements, especially by the inclusion of body score. The score visually estimates body tissues, giving lower scores to animals with less adipose tissue and muscle volume, and higher scores to more abundant tissues. The score is therefore an adjuster of the weight estimate of cows.

The use of Aikake Inference Criterion (AIC) instead of BIC (Bayesian Inference Criterion), can be used to evaluate models based on different probability distributions, specially when the main objective of the model is predictive, as in this study (Cavanaugh and Neath, 2019).

In the case of CPD cows, the body score (BS) remained significant in all models (GLM) even after the removal of variables to improve AIC and the significance of the t-test in all distributions tested. The BS and HG were the regressor variables present in greater number in the composition of the terms in generalized linear models with  $1/\mu^2$  link function, both interacting with WH in the best prediction model of cow weight.

The root mean square error (RMSE) of the best models were 1.22; 11,02; 12,25; 22.45 and 19.89 Kg; for NB, calves, weaned animals, cows, and bulls, respectively. Tebug et al. (2018) divided RMSE by the means and obtained RMSE expressed as a percentage of models by category. In the case of the five above mentioned Curraleiro Pé-Duro categories, RMSE% was 6%, 13%, 8%, 9%, and 5%, respectively, and was used as an indicator of accuracy of the predictions based on the regression in relation to the PV mean. Comparatively, TEBUG et al. (2018) obtained values from 9 to 12% with linear (ordinary) regression models also submitted to StepWise; thus, GLM presented similar results for two categories (calves and cows) and better accuracy in most cases (NB, weaned animals, and bulls).

The weights predicted with best models were highly correlated to the observed ones,  $r$ : 0.85; 0.91; 0.95; 0.87; and 0.97; with Gamma, Gamma, Inverse Gaussian, Gaussian, and Gamma distributions; respectively for NB, calves, weaned animals, cows, and bulls. The alternative log link function to the original (default) of GLM contributed for the improvement of the best models in two of the five categories evaluated, NB and bulls; for the other link functions, the native link functions of the distributions produced the best models.

## **ACKNOWLEDGMENTS**

The authors thank the breeders João Batista Luzardo, José Dantas, Neto Soares and Reginaldo Cavalcante.

## **STATEMENT OF ANIMAL RIGHTS**

This research project was approved by the Research Ethics Committee of the Federal University of Piauí (683/2021 CEUA-UFPI).

## **DECLARATION OF CONFLICT OF INTEREST**

The authors declare no conflict of interest. The founding sponsors had no role in the design of the study, collection, analyses, or interpretation of data, writing of the manuscript, and decision to publish the results.

## **FUNDING**

Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Brazil; FUESPI – Fundação Universidade Estadual do Piauí, UFPI - Universidade Federal do Piauí and ABCPD – Associação Brasileira de Criadores de Curraleiro Pé-duro.

## **DATA AVAILABILITY STATEMENT**

Data used available at: [10.5281/zenodo.8033125](https://doi.org/10.5281/zenodo.8033125).

## **AUTHOR'S CONTRIBUTION**

MRS and JLRS conceived, planned and organized the data collections. MB refined the statistical analysis. CLA has restructured the results and associated explanations. ASO and DLSS reviewed the findings and

textual structure. MRS, FBB and LASS prepared the manuscript. All authors critically reviewed the manuscript and approved the final version.

## REFERENCES

- Abreu, B.A., Magalhães, C.J., Duayer, E., Machado, S.H.M. and Silva, D.A. 2015. Variação da medida torácica obtida com a fita métrica tradicional com fator de correção e com a fita de pesagem para bovinos. *ACTA Biomédica Brasiliensia*, 6, 2. p.42. Available from: <<https://www.actabiomedica.com.br/index.php/acta/article/view/19/88>>. Accessed: Oct. 03, 2022. doi:10.18571/acbm.084.
- Ashwini, J.P., Sanjay, P., Amipara, G.J., Lunagariya, P.M., Parmar, D.J. and Rank, D.N. 2019. Prediction of body weight based on body measurements in crossbred cattle. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, v.8, n.3. Available from: <[https://www.ijcmas.com/8-3-2019/J.%20Patel %20Ashwini ,%20et %20al.pdf](https://www.ijcmas.com/8-3-2019/J.%20Patel%20Ashwini,%20et%20al.pdf)>. Accessed: Sep. 14, 2022. doi:10.20546/ijcmas.2019.803.186.
- Bahashwan, S. 2014. Application of Morphometric Traits for Live Body Weight Estimation in Dhofari Calves. *International Journal of Scientific Research in Agricultural Sciences*, v.1, n.5, p. 90. Available from: <[Application-of-Morphometric-Traits-for-Live-Body-Weight-Estimation-in-Dhofari-Calves.pdf \(researchgate.net\)](#)>. Accessed: Sep. 25, 2022. doi:[10.12983/ijrsas-2014-p0090-0096](https://doi.org/10.12983/ijrsas-2014-p0090-0096)
- Dobson, A.J.; Barnett, A.G. 2018. *An introduction to generalized linear models*. Chapman and Hall/CRC, p. 392.
- Gibbs, P. G., and Householder, D. D. 1993. Estimating horse body weight with a simple formula. Texas A&M University, Department of Animal Science, Equine Sciences Program, HRG-012. Available from: <[https://liveoak.agrilife.org/files/2011/07/EstimatingHorseBodyWeight\\_16.pdf](https://liveoak.agrilife.org/files/2011/07/EstimatingHorseBodyWeight_16.pdf)>. Accessed: Set. 20, 2023.
- GENEPLUS, 2019. *Manual Técnico* Programa de Melhoramento de Gado de Corte. Embrapa Gado de Corte - Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária e Ambiental –

FUNPAPAM. Campo Grande, Available from: <<https://www.geneplus.com.br/wp-content/uploads/2019/09/tecnicogeneplus.pdf>>.

Hamner, B., Frasco, M., and LeDell, E. 2018. Metrics: Evaluation metrics for machine learning. R package version 0.1, 4, 2018. Available at: <<https://cran.r-project.org/web/packages/Metrics/index.html>>. Accessed: Set. 20, 2023,

Heinrichs, A. J., Rogers, G. W., and Cooper, J. B. 1992. Predicting body weight and wither height in Holstein heifers using body measurements. *Journal of dairy science*, 75(12), 3576-3581. Available at: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203029278134X>>. Accessed: Set. 20, 2023.

Isik, H.B., Topcu, Y. and Guler, O. 2011. Determination of the factors affecting live weight gain using factor analysis and stepwise regression model. *Journal Applied Animal Research*. 2011, 35, 161–164. Available from: <<https://www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1080/09712119.2009.9707008>>. doi:[10.1080/09712119.2009.9707008](https://doi.org/10.1080/09712119.2009.9707008)

Kent, J.P. 2020. The cow–calf relationship: from maternal responsiveness to the maternal bond and the possibilities for fostering. *Journal of Dairy Research*, v. 87, n. S1, p. 101-107. Available from: <<https://www.cambridge.org/core/journals/journal-of-dairy-research/article/cowcalf-relationship-from-maternal-responsiveness-to-the-maternal-bond-and-the-possibilities-for-fostering/4327C5C1A5831AEA9E04E8961D7BFCFD>>. doi:[10.1017/S0022029920000436](https://doi.org/10.1017/S0022029920000436)

Lesosky, M., Dumas, S., Conradie, I., Handel, I. G., Jennings, A., Thumbi, S., Toye, P. and Bronsvoort, B. M.C. 2012. A live weight–heart girth relationship for accurate dosing of east African shorthorn zebu cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 45, 311–316. Available from: <<https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-012-0220-3>>. doi:10.1007/s11250-012-0220-3.

Lopes, M.A., Vieira, J.A., Lima, F. H. S., Demeu, F. A., Bruhn, F.R.P., Pereira, A. and Vicente, F. H., Casas, P.S. 2018. Technical and economic efficiency of bovine weighing method. *Semina: Ciências Agrárias*, v.39, n.3,



p.1167, Available from: <<https://www.redalyc.org/journal/4457/445760189023/445760189023.pdf>>.

Accessed: Sep. 18, 2022. doi:[10.5433/1679-0359.2018v39n3p1167](https://doi.org/10.5433/1679-0359.2018v39n3p1167).

Lukuyu, M.N.; Gibson, J. P., Savage, D. B., Duncan, A. J., Mujibi, F. D. N., & Okeyo, A. M. 2016. Use of body linear measurements to estimate liveweight of crossbred dairy cattle in smallholder farms in Kenya. *SpringerPlus*, 5, 63. Available from: <<https://springerplus.springeropen.com/articles/10.1186/s40064-016-1698-3>>. doi:10.1186/s40064-016-1698-3.

Magnabosco, C. U., Lopes, F. B., Brunes, L. C., Souza, F. M. , Mamede, M. M. S., Santos, M. F., Queiroz, L. C. R., Borges Júnior, A. R., Carvalho, M. A. A. , Costa, M. F. O. and Eifert, E. C. 2017. Estimativa do peso ao nascimento em bovinos das raças Brahman e Nelore mocho por meio do perímetro torácico. *Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento/ Embrapa Pantanal*, v. 1, n. 1, p. 6 – 22. Available from: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1088324/estimativa-do-peso-ao-nascimento-em-bovinos-das-racas-brahman-e-nelore-mocho-por-meio-do-perimetro-toracico>>.

Morais, M.D.C., Souza, A.M.B., and Araújo, C.F.S. 2017. Agricultura familiar no Piauí: uma leitura do Censo Agropecuário 2017. *Revista Economica do Nordeste*, v. 51, p. 7197. Available from: <<https://www.bnb.gov.br/revista/index.php/ren/article/view/1266>>. Accessed: Sep. 04, 2022.

Nahari, R.V. Subagiarti, N., Jauhari, A., Alfita, R., Wibisono, K.A., Ibadillah, A.F. and Pramudia, M. 2018. Cow weight estimation using local adaptive thresholding method and connected component labelling. *In Proceedings of the International Conference on Science and Technology (ICST 2018)*; v. 1, n. Icest, p. 148–152. Available from: <<https://www.atlantispress.com/article/55910817.pdf>>. Accessed: Oct. 08, 2022. Doi: [10.2991/icst-18.2018.32](https://doi.org/10.2991/icst-18.2018.32).

Nascimento, G. V., Medeiros, G. R., Silva, C. T., Silva Neves, R., Ramos, C. T. C., de Lira, E. C., Felix, E.S. and Melo, M.N. 2019. Avaliação da eficiência do uso da fita métrica para estimativa do peso corporal em bovinos Curraleiro Pé-Duro. *Brazilian Journal of Development*, v. 5, n. 9, p. 16470–16478, 2019. Available from:

<<https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/3445>>. Accessed: Sep. 15, 2022.  
doi:[10.34117/bjdv5n9-3445](https://doi.org/10.34117/bjdv5n9-3445).

Paranhos Da Costa, M.J.R., Schmidek, A, and Toledo, L.M. 2014. *Boas Práticas de Manejo, Bezerros ao Nascimento*. Jaboticabal, v. 53. Available from: <[http://www.grupoetco.org.br/arquivos\\_br/manuais/manual-boas-praticas-de-manejo\\_bezerros-ao-nascimento.pdf](http://www.grupoetco.org.br/arquivos_br/manuais/manual-boas-praticas-de-manejo_bezerros-ao-nascimento.pdf)>. Accessed: Nov. 18, 2022.

Pekár, S.; Brabec, M. 2016. *Modern analysis of biological data: generalized linear models in R*. Masaryk University, Brno, 247 p.

Prihandini, P. W., Maharani, D., and Sumadi, S. 2020. Body weight, body measurements and slaughter characteristics of Madura cattle raised in Pamekasan District, East Java Province, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 21(8). Available at: < <https://www.smujo.id/biodiv/article/view/5624/4070>>. Accessed: Set. 20, 2023.

Ripley, B., Venables, B., Bates, D. M., Hornik, K., Gebhardt, and A., Firth, D.. 2023. MASS: Support Functions and Datasets for Venables and Ripley's MASS. 7.3-60. Available from: <<https://cran.r-project.org/web/packages/MASS/MASS.pdf>>.

Sastry, N. S. R., Thomas, C. K., and Sing, R. A. 1983. Shaeffer's formula for body weight of cattle described in farm animal management and poultry production. 5th edition. New Delhi, India: Vikas Publishing House.

Sherwin, V., Hyde, R., Green, M., Remnant, J., Payne, E. and Down, P. 2021. Accuracy of heart girth tapes in the estimation of weights of pre-weaned calves. *Veterinary Record Open*, n.8, v.6. Available from:<[Accuracy of heart girth tapes in the estimation of weights of pre-weaned calves \(wiley.com\)](https://doi.org/10.1002/vro2.16)>. Accessed: Oct. 2, 2022.doi: 10.1002/vro2.16

Turini, L., Conte, G., Bonelli, F., Madrigali, A., Marani, B., Sgorbini, M. and Mele, M. 2021. Designing statistical models for holstein rearing heifers' weight estimation from birth to 15 months old using body

measurements. *Animals*, v. 11, n. 7, p. 1846. Available from:<<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34206227/>>.

doi:[10.3390/ani11071846](https://doi.org/10.3390/ani11071846)

Tebug, S.F., Missohou, A., Sabi, S.S., Juga, J., Poole, E.J., Tapio, M. and Marshall, K. 2016. Using body measurements to estimate live weight of dairy cattle in low-input systems in Senegal. *Journal of Applied Animal Research*. v.46, p.87–93. Available

from:<<https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/09712119.2016.1262265>>.

doi:[10.1080/09712119.2016.1262265](https://doi.org/10.1080/09712119.2016.1262265)

Tedeschi, L. O. 2006. Assessment of the adequacy of mathematical models. *Agricultural systems*, v. 89, n. 2-3, p. 225-247, 2006. Available from:<<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0308521X05002568>>

doi:[10.1007/s11250-021-02803-2](https://doi.org/10.1007/s11250-021-02803-2)

Tuska, H.B., Residiwati, G., Van Eetvelde, M., Verdru, K., Meesters, M., Pascottini, O. B., Van Soom, A. and Opsomer, G. 2022. The effect of season of birth on the morphometrics of newborn Belgian Blue calves. *Tropical Animal Health and Production*, n.54, v.76. Available from:<<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35076799/>>.

doi:[10.1007/s11250-022-03090-1](https://doi.org/10.1007/s11250-022-03090-1).

Wickham, H., Bryan, J., Kalicinski, M., Valery, K., Leittenne, C., Colbert, B., Hoerl, D., Miller, E. and Bryan, M. J. 2023. Package 'readxl'. Version, 1.4.3. Available from: <<https://cran.r-project.org/web/packages/readxl/index.html>>.

Wickham, H., François, R., Henry, L., Müller, K., Vaughan, D. and Wickham, M. H. 2023. Package 'dplyr'. A Grammar of Data Manipulation. R package version, 8. Available from: <<https://cran.r-project.org/web/packages/dplyr/index.html>>.

Wickham, H. 2023. tidyverse: Easily Install and Load the 'Tidyverse'. R package version 2.0.0. Available from: <<https://cran.r-project.org/web/packages/tidyverse/index.html>>.

Yakubu, A., Abdullah, A. R., Raji, A. O. and Oseni, S. 2021. Multivariate principal component analysis of the morphometric traits of some cattle breeds in Nigeria. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, v.31, n.3, p.681.

Available from:<<http://www.thejaps.org.pk/Volume/2021/31-03/06.php>>. Accessed: Sep. 12, 2022.

**CAPÍTULO IV –**

**CARACTERIZAÇÃO DE MEDIDAS DE CARÇA EM BOVINOS CURRALEIRO  
PÉ-DURO OBTIDAS POR ULTRASSONOGRAFIA \***

\* Artigo submetido as normas do periódico “**Revista Brasileira de Zootecnia**” (ISSN 1516-3598).

**RESUMO:** Raças nativas são um importante recurso genético global, no entanto, são escassos os indicadores do desempenho destes animais, o que pode limitar a exploração das mesmas para produção de alimentos, como por exemplo a carne bovina de qualidade. Neste sentido objetivou-se investigar as medidas área de olho de lombo - AOL e espessura de gordura subcutânea - EGS na carcaça de bovinos da raça Curraleiro Pé-duro (CPD) por ultrassonografia para caracterizar a variabilidade fenotípica da raça. Peso, (AOL) e (EGS) de 213 bovinos CPD em recria, machos e fêmeas, foram utilizados para análise de estatística descritiva, efeitos do agrupamento por categorias sob as características avaliadas. Ranqueou-se os animais em função do desempenho individual em relação a sua categoria, e estimou-se a relação da AOL com o peso corporal com uso dos pacotes do software R. Constatou-se que existem diferenças estatisticamente significativas entre as categorias animais para as características avaliadas (p-valor <0,01). Pelo teste SNK constatou-se que o peso, AOL, AOL100 e EGS foram significativamente diferentes entre categorias, em que, machos foram mais pesados, apresentaram maior EGS, respectivamente 165 Kg, 28,4 cm<sup>2</sup>, 17,3 cm<sup>2</sup> e 1,5 mm; tendo as fêmeas apresentado 154 Kg, 29 cm<sup>2</sup>, 18,7 cm<sup>2</sup> e 1,0 mm, sendo as garrotas superiores em AOL100 (p<0,05), mais leves, e menos EGS em relação aos machos. Constatou-se que 16,3% e 12,2%, respectivamente para fêmeas e machos apresentam desempenho inferior em relação aos seus pares para AOL100; e 4,2% e 20,5% para EGS, na mesma ordem, para fêmeas e machos; por outro lado, 13,8% e 13,3% de fêmeas e machos estão entre os melhores desempenhos para AOL100, e 20% e 15,9% para EGS. Machos CPD têm a maior parte da variabilidade do seu peso correlacionada a AOL ( $R^2_{aj}$  0,62). Os bovinos CPD apresentaram EGS compatível com a fase de crescimento, e satisfatória medida de AOL, compatível com raças especializadas em produção de carne.

**Palavras-chave:** AOL100, *Longísimus thoracis*, raças nativas, slow food, seleção animal

## 1. Introdução

A carne bovina brasileira atinge protagonismo no abastecimento mundial, entretanto critérios inerentes à qualidade ainda não a torna competitiva em mercados mais exigentes (ABIEC, 2022). Para a bovinocultura brasileira atingir esses mercados, faz-se necessário melhorar a qualidade da carne produzida, sendo concebível incrementar o rol de raças e recursos genéticos envolvidos, inclusive as raças nativas, caso apresentem avanços qualitativos para o produto final.

A subespécie *Bos taurus taurus* têm compreendido raças reconhecidas pela qualidade da carne que produzem, entre outros com precocidade e maior rendimento de carcaça proporcionalmente ao peso vivo (Mwangi et al., 2019). Os bovinos Curraleiro Pé-duro (CPD) são exemplares desta sub-espécie (Campos et al., 2017).

Geneticamente, os CPD estão muito longe das principais raças zebuínas (*Bos taurus indicus*) criadas no Brasil, e próximos dos taurinos como o Caracu, especialmente das raças como Crioulo do Novo México e Flórida Cracker (Carvalho et al., 2022). Entre as diferenças entre raças, estão morfologias, em que animais CPD em geral se distinguem das demais, apresentam variabilidade entre sí, dentre indivíduos da mesma raça, refletindo em amplitudes significativas com relação a composição corporal dos animais CPD (Fiovarante et al., 2021).

Nesse sentido, o peso corporal do animal vivo não é capaz de exprimir a contribuição dos animais em produtos, apenas a massa corporal. Por outro lado, o rendimento de carcaça (RC), indica o principal produto do abate, incidindo não somente

sobre a remuneração do produtor como também a eficiência do sistema produtivo. RC é indiretamente relacionada com área do *Longissimus dorsi*, um importante músculo dorsal, que perfaz a AOL (Área de olho de lombo), correlacionada positivamente com rendimento de carcaça (Seo et al., 2021).

Poucos trabalhos e com limitadas amostras os avaliaram a AOL e EGS (espessura de gordura subcutânea) em CPD segundo Barbosa et al. (2023). As investigações publicadas até o presente indicam, por exemplo, AOL medias observadas de 42,64; 69,16 e de 54,43 cm<sup>2</sup> ao abate, respectivamente, com 28, 30 e 42 meses de idade. Com EGS foram registrados em média 1,9mm e 6,04, respectivamente em regime alimentar a pasto e em confinamento (Carvalho et al., 2017; Afonso et al. 2020; e Barbosa et al., 2023).

Ainda com relação a avaliação animal, demanda-se que outras variáveis importantes sejam incluídas na estimação da habilidade dos CPD em produzir carne, dentre as características pertinentes está AOL100, que visa reduzir a variação de AOL em função do peso vivo apresentado por cada animal, onde, para melhorar a comparação entre animais de pesos diferentes, AOL deve ser ajustada para um peso vivo padrão, como proposto por Bergen et al. (1997) em que a AOL em cm<sup>2</sup> seja segmentada para cada 100 Kg.

A composição de carcaça bovina é avaliada em relação a biologia muscular e o metabolismo lipídico (Hausman et al., 2018), o primeiro estimado com AOL e o segundo pela EGS (espessura de gordura subcutânea) entre outros, por ultrassom com animal *in vivo*. Segundo os mesmos autores existe associação negativa entre a taxa de crescimento e gordura, com variação do desenvolvimento dos adipócitos entre agrupamentos genéticos.



Neste sentido, AOL e EGS são as principais características de carcaça obtíveis em bovinos *in vivo*. Segundo Suguisawa, Matos e Suguisawa (2013) as características de carcaça mensuradas por ultrassom apresentam variações na herdabilidade estimada, mas com resultados consistentes na melhoria de carcaça nas raças Angus e Simental, a partir da seleção para aumentar  $\text{cm}^2$  de AOL e milímetros de EGS nos últimos anos, geração após geração. Silva-Vignato et al. (2017) concordam que a seleção para AOL e EGS podem resultar em progresso genético significativo. Todavia, AOL e EGS em bovinos CPD ainda são pouco conhecidas.

Objetivou-se investigar as medidas AOL e EGS na carcaça por ultrassonografia no intuito de caracterizar a variabilidade fenotípica para essas características em bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro.

## **2. Material e Métodos**

Foram analisados bovinos provenientes de quatro fazendas localizadas nos Caraubais Piauienses, Vale do Sambito no Piauí e na Região de Cocais do Maranhão, todos no Nordeste brasileiro, contemplando os biomas Cerrado e Caatinga. Após a retirada de dados improváveis e incompletos de animais que não dispõem de peso e AOL, obteve-se registros de sexo, categoria, peso, área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) de 213 bovinos Curraleiro Pé-duro (CPD), 123 garrotas e 90 garrotes, na fase de cria. A execução deste projeto foi aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Federal do Piauí sob protocolo n.683/21 CEUA-UFPI.

Os animais avaliados foram manejados em pastagens, em áreas cercadas, com acesso a água *ad libitum* e sal mineral, com variações na disponibilidade e composição dos

alimentos em função das variações nas condições edafoclimáticas. Estudos conduzidos em paralelo demonstram não haver significativa variação na estrutura genética entre rebanhos (Rocha-Silva et al., 2023), projetando diferenças mínimas entre as condições de produção e genéticas entre os animais das fazendas abordadas.

As coletas de imagens ultrassonográficas foram promovidas pelo mesmo técnico, treinado, utilizando aparelho Aloka SSD-500 (Aloka CO LTDA, Tumwater, Washington, EUA), transdutor linear; ambos na frequência de 3.5 MHz. As avaliações foram realizadas no ano de 2021, entre os meses de junho a dezembro, durante a estação seca. Os animais apresentaram idade variando de 12 meses a 24 meses; filhos de reprodutores registrados junto a ABCPD (Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Curraleiro Pé-duro).

O transdutor com auxílio de um acoplador de silicone do tipo *stand off* foi disposto sob o dorso dos animais, perpendicular a curvatura do costado, de modo que a projeção de ondas de ultrassom ocorresse entre a 12 e 13<sup>a</sup> costelas, transversal ao *Longíssimos dorsi*, especificamente do *Longíssimus thoracis*, para obtenção da AOL e EGS. Óleo vegetal foi empregado para impossibilitar a ocorrência de ar entre transdutor e pele do animal (Rocha-Silva et al., 2011; Yokoo et al., 2011).

Foram coletadas 2 imagens em cada animal. Após as capturas, as imagens foram armazenadas em computador portátil e encaminhadas para as mensurações posteriores. As determinações das medidas deram-se pelo software *Image J* (Ferreira e Rasband, 2012.).

Inicialmente a tabulação promovida pelo equipamento de ultrassom com distância conhecida entre marcações permitiu a calibração pela conversão dos pixels dispostos por mm no *ImageJ*. Uma vez calibrado passou-se a promover o tracejado pelo

perímetro anatômico visível do músculo para AOL, e no caso da EGS pela profundidade do tecido adiposo sob o dorso.

As variações de densidade e composição dos tecidos: muscular, ósseo e adiposo resultam em diferenças na velocidade em que as ondas sonoras passam pelos mesmos, cujos ecos resultam em diferentes tons de cinza, tornando nítidas as diferenças dos tecidos permitindo identificações visuais, Figura 1.

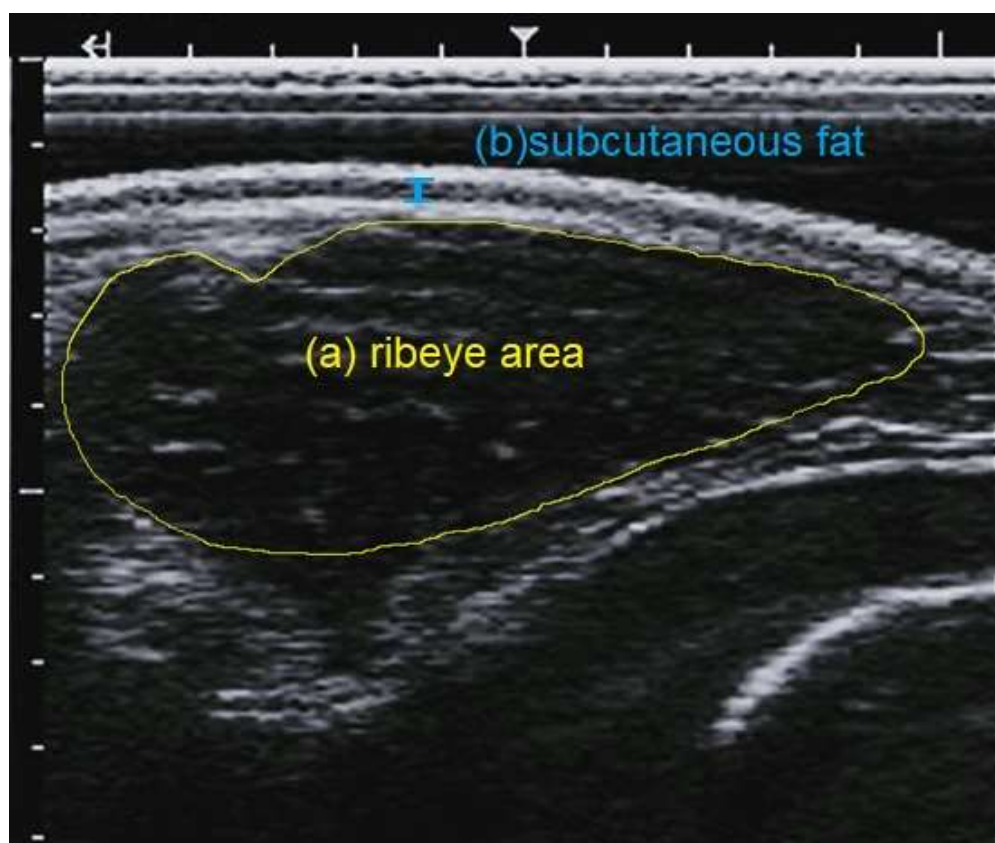


Figura1. Demonstração do tracejado realizado com o software *Image J* da (a)Área de olho de lombo em amarelo e da indicação da (b) espessura de gordura subcutânea em azul a partir de amostra obtida em bovino CPD. Fonte: autores.

Inicialmente, as imagens obtidas de um mesmo animal foram classificadas, e a partir daí foram selecionadas com base principalmente na nitidez e, conseqüente

viabilidade da qualidade para mensurações. Foram utilizadas somente as imagens classificadas como adequadas, excluindo-se imagens marginais em função da nitidez dos pontos anatômicos que devem ser perceptíveis nas imagens coletadas.

As pesagens foram realizadas em balanças apropriadas, conforme disponibilidade de cada fazenda, primando pelo máximo de conforto e de celeridade nos procedimentos para a pronta liberação dos animais.

A AOL100 foi calculado conforme proposto por Bergen et al. (1997), que é a relação de centímetros quadrados (cm<sup>2</sup>) de AOL para cada 100 Kg de peso vivo.

Dados improváveis foram investigados com uso da ferramenta “identify\_outliers” do pacote “rstatix” (Kassambara, 2021), que utiliza como critério 1,5 vezes a amplitude interquartil, incluindo a mediana. A homogeneidade de variâncias via teste de Levene disponível pelo pacote “car” (Fox and Weisbergm, 2019) tendo como centro da função média.

Após a estatística descritiva, procedeu-se a análise de variância e teste F de Fisher-Snedecor para avaliar o efeito de sexo, sobre as características estudadas Peso, AOL, AOL100 e EGS. Os resíduos foram sujeitos à verificação de normalidade pelo Teste de Shapiro-Wilk. Caso detectadas diferença significativa ( $P < 0,05$ ) entre machos e fêmeas, as médias foram comparadas pelo Teste de Student Newman-Kews (SNK), utilizando os recursos do pacote Agricolae (Mendiburu, 2019).

Os animais amostrados foram estruturados nas categorias Elite, Superior Regular e Inferior para as características de carcaça avaliadas, conforme disposto por Carneiro Junior et al.(2019):

Inferior	Regular	Superior	Elite
$y \leq \bar{x} - 1\sigma$	$\bar{x} - 1\sigma < y \leq \bar{x}$	$\bar{x} < y \leq \bar{x} + 1\sigma$	$y > \bar{x} + 1\sigma$

onde,  $y$  é o desempenho individual do animal para característica considerada,  $\bar{x}$  é a média estimada e  $\sigma$  é o desvio-padrão da característica estudada.

A relação do peso corporal com AOL foi estimada por Modelo de Regressão Linear Generalizados via rotina *glm* sob distribuições Gauseana e Gamma. Utilizou-se o software R (versão 4.3.1 de 2023-06-16) via RStudio (versão 2023.03.1) para todas as análises estatísticas.

### 3. Resultados

Os rebanhos são compostos majoritariamente por fêmeas, com grande amplitude de peso entre os animais, que apresentam AOL desde 14,1 até 68,7 cm<sup>2</sup>, conforme disposto na Tabela 1. Alguns animais foram identificados como *outliers*, e os dados destes foram suprimidos das análises para evitar interpretações espúrias. O teste de Levene indicou que as variâncias de peso e AOL são homogêneas, e as de AOL100 e EGS não.

O maior peso e área de olho de lombo (AOL) foram identificados em macho e a menor em fêmea. As amplitudes de AOL em cada categoria animal foram de 3 a 5 vezes entre o mínimo e o máximo, AOL100 reduziu a amplitude em machos, toda via, fêmeas não seguiram essa tendência. Algumas fêmeas jovens apresentaram-se distintos desenvolvimentos musculares.

Tabela 1. Estatística descritiva de bovinos Curraleiro Pé-duro amostrados machos e fêmeas na categoria recria.

	Fêmeas			Machos			CV (%)
	Min.	$\bar{x}$	Max	Min.	$\bar{x}$	Max	
Peso (Kg)	74	154	221	104	165	326	24,0
AOL (cm <sup>2</sup> )	14,1	28,9	50,3	16	28,4	68,7	31,2
AOL100 (cm <sup>2</sup> )	10,1	18,7	32,4	11,7	17,3	29,4	24,3
EGS (mm)	0,13	1,0	3,1	0,08	1,48	2,9	67,8

Min.: Mínimo,  $\bar{x}$ : média aritmética, CV: coeficiente de variação, Max.: Máximo. AOL: área de olho de lombo, AOL100: centímetro quadrados por unidade de 100 Kg de peso, EGS: espessura de gordura subcutânea.

Os resíduos da Análise de variância (ANOVA) agrupados por sexo, para cada variável respostas: Peso, AOL, AOL100 e EGS apresentaram distribuição não normal pelo teste de Shapiro-Wilk ( $p$ -valor  $\leq 0,05$ ). Inviabilizando uso de métodos baseados em modelos lineares gerais. Recorreu-se aos modelos lineares generalizados (GLM), sob distribuição Gamma cujo modelo apresentou AIC de 2129, 1496, 1208 e 433, respectivamente para peso, AOL, AOL100 e EGS, inferiores aos valores obtidos com GLM sob distribuição Gauseana: 2154, 1538, 1235 e 456, respectivamente.

O teste F via GLM indicou diferenças significativas ( $p$ -valor  $\leq 0,05$ ) entre machos e fêmeas para as características peso, AOL100 e EGS. Considerando semelhantes as medidas de AOL de garrotes e garrotas CPD.

As diferenças em três das quatro características investigadas tornam evidente a necessidade da realização dos testes de *post-hoc* para desdobrar as diferenças. Elegeu-se o teste SNK (Student-Newman-Keuls) com  $\alpha$  0,05 (Tabela 2), considerando os coeficientes de variação (CV) relativamente altos das variáveis (Tabela 1).

Tabela 2. Médias para as características estudadas para machos e fêmeas Curraleiro Pé-duro.

	Fêmeas	Machos
Peso (Kg)	154 <sup>b</sup>	165 <sup>a</sup>
AOL (cm <sup>2</sup> )	28,9 <sup>a</sup>	28,4 <sup>a</sup>
AOL100(cm <sup>2</sup> )	18,7 <sup>a</sup>	17,3 <sup>b</sup>
EGS (mm)	1,0 <sup>b</sup>	1,48 <sup>a</sup>

Médias seguidas de letras diferentes na linha diferem estatisticamente pelo teste de SNK ( $p \leq 0,05$ ).

Machos foram superiores em peso e EGS. Apesar de serem menos pesadas, as fêmeas CPD apresentaram AOL semelhantes e AOL100 superiores aos machos nesta fase de desenvolvimento ( $p$ -valor  $\leq 0,05$ ).

Duas características (AOL100 e EGS) foram utilizadas para ranquear os animais agrupados por sexo a partir do proposto por Carneiro Junior et al.(2019), disposto na (Tabela 3).

Tabela 3. Valores de referência e frequências de Bovinos Curraleiro Pé-duro na recria para classificação para as características de carcaça obtidas por ultrassonografia

Classificação		Fêmeas		Machos	
		AOL100	EGS	AOL100	EGS
<b>Inferior</b>	<i>Ref</i>	< 13,75	< 0,14mm	< 13,85	< 0,77
	<i>Freq</i>	20 (16,3%)	4 (4,2%)	11(12,2%)	18 (20,5%)
<b>Regular</b>	<i>Ref</i>	13,76 a 18,66	0,15 a 1,04	13,86 a 17,28	0,78 a 1,50
	<i>Freq</i>	50 (40,7%)	49 (51,6%)	41 (45,6%)	22(25%)
<b>Superior</b>	<i>Ref</i>	18,67 a 23,58	1,05 a 1,95	17,29 a 20,72	1,51a 2,24
	<i>Freq</i>	36 (29,3%)	23 (24,2%)	26 (28,9%)	34 (38,6%)
<b>Elite</b>	<i>Ref</i>	>23,59	>1,96	>20,73	> 2,25
	<i>Freq</i>	17(13,8%)	19 (20%)	12(13,3%)	14 (15,9%)

Ref: Valor de referência; Freq: Frequência de indivíduos;

Os critérios de classificação são distintos em função de sexo, fêmeas apresentaram AOL100 significativamente superior em relação aos machos e EGS significativamente inferiores ( $P < 0,05$ ), conforme se observa na Tabela 2. Repercutindo indiretamente nos critérios de classificação para AOL100 e EGS, enquanto fêmeas precisaram apresentar pelo menos 23,59 cm<sup>2</sup> para cada 100 Kg para serem eleitas como “Elite”, machos não precisam apresentar a mesma desenvoltura para obter tal classificação, apenas 20,73 para AOL100. Por outro lado, os machos “Elite” para EGS devem apresentar a partir de 2,26 mm de EGS, sendo menos rigoroso para fêmeas: 1,96 EGS.

A relação entre AOL e peso se deu de forma diferente para machos e fêmeas amostradas, bem como os coeficientes de determinação ajustados ( $R^2_{aj}$ ) para os modelos de regressão linear a partir dos amostrados, conforme Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas dos coeficientes lineares de regressão da área de olho de lombo sobre o peso vivo para as diferentes categorias de bovinos Curraleiro Pé-duro a partir da AOL.

<b>Categorias</b>	<b>r</b>	<b>Intercepto</b>	<b><math>\beta</math></b>	<b>p-valor</b>	<b><math>R^2_{aj}</math></b>
Todos	0,64	80,46	2,75	< 0,01	0,41
Fêmeas	0,47	104,41	1,74	< 0,01	0,21
Machos	0,79	59,21	3,73	< 0,01	0,62

r: correlação de Pearson entre AOL e Peso;  $\beta$ : coeficiente linear de regressão.  $R^2_{aj}$ : coeficiente de determinação ajustados.

Cada centímetro quadrado de AOL representa 1,74 e 3,7 Kg de peso vivo (PV), respectivamente para fêmeas e machos. Aplicando uma das equações desenvolvidas por Maeno et al.(2014), Rendimento de Carcaça= “53.512+(0.141\*AOL)-(2.152\*EGS)” estimou rendimentos médio de 57% para os animais CPD.



#### 4. Discussão

Os pesos observados (Tabela 1) são atípicos para bovinos no Brasil. Toda via, dentro do esperado para raças nativas (Bunmee, et al., 2018). O aporte físico dos CPD diferente dos demais animais de corte criados no Brasil (Afonso et al., 2020; Carvalho et al., 2017), projeta-os a ocupar sistemas de criação que demandem com menor demanda nutricional de mantença e que produza cortes cárneos compatíveis com perfil de consumidores que demandem produtos adequados a famílias menores.

Şentürklü et al.(2021) e Hammack (2008), enumeram diversas vantagens na criação de animais menores em relação a maiores: além de ser mais adequados à sistemas com menor investimentos em função das menores taxas de crescimento resultarem em menores custos de produção, apresentam manejo mais fácil, na maioria dos casos são mais adaptados ao clima tropical, com maior gordura de cobertura em sistemas com alimentação a pasto, compreendendo animais mais eficientes.

Obviamente os bovinos CPD menos pesados apresentam menores AOL em relação aos outros grupos genéticos criados no Brasil (Afonso et al., 2020 e Carvalho et al., 2017). No entanto, pode não ser inferior caso seja aplicado alguma proporcionalidade de AOL em relação ao peso vivo, entre os resultados desses últimos autores, pode-se presumir que em média os CPD apresentam 20,12 cm<sup>2</sup> de AOL para cada 100 Kg de peso vivo, enquanto os Nelore e F1(Nelore/CPD) no mesmo experimento apresentaram 15,9 e 19,2, respectivamente. Barbosa et al.(2023) também identificaram maior AOL para CPD em relação a Nelore.

Portanto, em uma releitura, tem-se resultados distintos, em que, diferentemente do publicado até o momento, mudanças de perspectivas resulta em uma melhor relação

de tecidos musculares e peso vivo no CPD, projetando maior rendimento de carcaça (%) em relação ao peso vivo.

A medida Área de Olho de Lombo (AOL) estimada em centímetro quadrados indica o volume muscular do *Longissimus thoracis* que compõe o *Longissimus dorsi*, sendo altamente correlacionado com o rendimento de carcaça (Hausman et al.,2018; Seo et al.,2021; e Silva-Vignato et al.,2017), toda via é influenciada pelos tamanhos corporais dos animais avaliados. Suguisawa, Matos e Suguisawa (2013) indicam a medida AOL100 como mais adequada para reduzir efeitos ambientais, permitindo se comparar animais criados em diferentes sistemas. De acordo com autores supracitados o ideal é que os animais apresentem a partir de 17 cm<sup>2</sup>/ 100 Kg ao sobreano.

Identificou-se na presente pesquisa que em fase de recria a maioria dos CPD atingem essa marca de 17 cm<sup>2</sup>/100 Kg, com garrotas e garrotes apresentando em média 18,7 e 17,3 cm<sup>2</sup>/ 100 Kg (Tabela 1). Outras pesquisas com Curraleiro Pé-duro (CPD) chegaram a resultados semelhantes, 20,64 e 16,02 cm<sup>2</sup>/ 100 Kg, respectivamente por Carvalho et al.(2013) e Afonso et al.(2020).

Outra medida importante a ser considerada é a EGS (espessura de gordura subcutânea), no caso do CPD as medidas foram em geral modestas. Rodas-González et al.(2017) trabalhando em condições semelhantes com bovinos Brahman em pastagens nativas aferiram EGS semelhantes, em média de 1,87 mm para animais jovens. Esse desempenho parece ser recorrente em sistemas de criação preservacionistas, que visam a mínima intervenção do meio ambiente, obtendo alimento com uso de pastagens nativas, comum em sistemas de produção SlowFood.

Peso, AOL100 e EGS foram significativamente distintos entre machos e fêmeas (p<0,05) pelo teste SNK. Machos além de mais pesados, apresentarem mais EGS, foram

superados pelas fêmeas na medida de carcaça proporcional ao peso, AOL100. Interessantemente que dentre os animais Elite para AOL100 a maior parte é apenas regular para EGS (71%), ou seja, os melhores indivíduos para desenvolvimento muscular estão abaixo da média para EGS. Essa é uma tendência recorrentemente identificada entre bovinos, como verificado por Seo et al.(2021) identificaram correlação negativa significativa ( $p < 0,01$ ) entre AOL e gordura da carcaça.

Naserkheil et al.(2021) esclarecem que a correlação negativa entre AOL100 e EGS normalmente é em grande parte de origem genética. Parece haver uma dicotomia com relação ao direcionamento dos recursos corpóreos, em que animais hábeis em hipertrofiar o músculo apresentam baixa deposição de gordura de cobertura. Silva-Vignato et al. (2017) demonstram que o tamanho corporal (frame) pode ajudar a compreender esta condição, onde foi identificado maior habilidade de animais menores, conseqüentemente menor AOL, a apresentarem tecido adiposo mais bem desenvolvido, exatamente o que se verificou com animais CPD estudados.

A remuneração ao produtor brasileiro por acabamento, EGS, não é ampla em todos os frigoríficos, mas todos os animais abatidos regularmente no Brasil são monetizados por rendimento. Entre selecionar os animais para EGS e AOL100, privilegiar a musculabilidade tende a trazer resultados diretos.

Segundo Tarouco et al.(2007) AOL contribui significativamente para prever os cortes comerciais a partir de medidas no animal vivo, sendo a mais intensamente correlacionada ao rendimento corporal total dos cortes do traseiro bovino ( $r=0,33$ ,  $p=0,0006$ ), e segundo Naserkheil et al.(2021) é a medida não invasiva, obtível com animal *in vivo* que melhor está associada ao rendimento de carcaça; dispõe de herdabilidade

mínima de 0,32 e variabilidade genética aditiva suficiente para tornar a seleção para essa característica efetiva, o que tende a produzir considerável aumento na lucratividade.

A metodologia proposta por Carneiro Junior et al.(2019) mostrou-se adequada a seleção com os dados dispostos. Dividindo os animais de cada categoria em quatro classes. Essa estrutura é uma das principais formas de ranqueamento de bovinos há algumas décadas por Ledic et al.(1985) para características morfológicas (Silva et al., 2020) para consumo alimentar residual (CAR) ampliando mais duas classes com mesmo tipo de critério (Bonin et al., 2008).

Os dados coletados projetam que até 1/5 dos animais deveriam ser desconsiderados para função de reprodução, por apresentarem desempenhos “inferiores”. Ficando os animais classificados como “regulares” e “superiores” a serem avaliados de acordo com a intensidade de seleção de cada propriedade, pela pressão de seleção definida pelo criador, junto com os animais classificados como “Elite”.

Portanto quanto maior a intensidade de seleção, espera-se aumento da frequência de alguns alelos de interesse, que por sua vez torna mais provável haver ganhos genéticos; de acordo com a herdabilidade da característica. Para AOL e EGS, 0,52 e 0,61; respectivamente, em taurinos em clima tropical (Torres-Vázquez et al., 2018).

Por outro lado, em rebanhos comerciais há necessidade da manutenção do quantitativo, o que tende a limitar a seleção pela taxa de reposição, principalmente das fêmeas. Neste caso, torna-se factível uma intensidade de seleção maior sobre machos, por exemplo com animais elite, e menos intensa das fêmeas.

Com relação a interpretação biológica da variável AOL sob estimativa de massa corpórea na Tabela 4, a AOL muito contribui para a diferenciação das características de carcaça entre animais. Seo et al.(2021) indicam altas correlações entre AOL e cortes

bovinos. As maiores correlações obviamente com os três cortes do lombo (Tenderloin, Loin e Strip loin), 0,54, 0,68 e 0,73, respectivamente. AOL também têm alta correlação com outras partes nobres dos bovinos: coxão-duro (Top round) e Coxão-mole (Bottom round), ambos 0,59; tidos como sendo altamente influenciados pela AOL (\*\*p<0.001).

Silva et al., (2003) indicam crescimento linear de peso e AOL, com R<sup>2</sup> de 0,69 semelhante ao identificado com garrotes CPD (0,62). Ainda segundo os últimos autores AOL pode refletir sobre outras características de interesse: ganho de peso médio diário (GMD) e peso da carcaça quente (PCQ) são altamente correlacionados à AOL, respectivamente 0,60 e 0,73.

A constituição da carcaça bovina pode ser prevista por medidas ultrassonográficas. Estando a AOL correlacionada com o peso das carcaças de 0,61 e 0,55 (Greiner et al., 2003; Tarouco et al., 2007). Maeno et al.(2014) com animais com alto rendimento de carcaça 54%, obtiveram equações capazes de predizer parcialmente o rendimento das carcaças, com R<sup>2</sup> de 0,47. Não equivale se quer a maior proporção da variação no experimento que gerou a equação, limitando o uso com CPD. Toda via, o rendimento estimado (57%) é superior ao identificado por Carvalho et al.(2013) e um pouco superior a Afonso et al.(2020) com 52% para CPD's.

Outro aspecto relevante é a constituição esperada destas carcaças de CPD, com maior proporção de musculo e menor de ossos em relação as principais raças criadas no Brasil; segundo Barbosa et al.(2023) com o devido atendimento das demandas nutricionais mostra-se capaz de reproduzir as características de carcaça AOL identificadas, melhorar EGS e manter a qualidade nos demais parâmetros.

## 5. Conclusões

Avaliações animais devem se dar por animais agrupados por categoria, individualizados para macho em separado de fêmeas.

O emprego da AOL100 permite que bovinos CPD de diferentes pesos sejam avaliados comparativamente.

Os bovinos Curraleiro Pé-duro (CPD) estudados apresentaram satisfatória AOL, compatível com raças especializadas em produção de carne.

Recomenda-se a classificação dos animais em elite, superior, regular e inferior como ferramenta para orientar a seleção de animais com maior potencial de deposição de músculo e gordura.

## Agradecimentos

À ABCPD, Associação Brasileira de Criadores de Curraleiro Pé-duro e os criadores que aceitaram participar livremente, inclusive proporcionando todos meios necessários, nas fazendas participantes.

## Referências

Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.C., Gonçalves, J.L.M.; Sparovek, G., 2013. Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, DOI: <http://dx.doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>

ABIEC – Associação Brasileira das Industrias Exportadoras de Carnes. **Beef Report** perfil da pecuária no Brasil 2022. <https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2022/>

Afonso, T. M., Carvalho, G. M. C., Hadlich, J. C., Rodrigues, V. D. S., Barros, D. A., Vasconcelos, A. B. D., & Igarasi, M. S. (2020). Use of crosses for sustainability in livestock farming in the Brazilian Meio-Norte region. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 49. <https://doi.org/10.37496/rbz4920190228>

Barbosa, M.C.P., Fioravanti, M. C. S., Peripolli, V., do Egito, A. A., Juliano, R. S., Ramos, A. F., ... & McManus, C. (2023). Performance, carcass, and meat traits of locally adapted Brazilian cattle breeds under feedlot conditions. **Tropical Animal Health and Production**, 55(4), 243. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03656-7>

Bergen, R.D., McKinnon, J.J., Christensen, D.A., Kohle, N., & Belanger, A. (1997). **Journal of Animal Science**, 75(9), 2300-2307.

Bonin, M. D. N., Demarchi, J. J. A. D. A., Mizubuti, I. Y., Ribeiro, E. L. D. A., Manella, M. D. Q., & Pereira, E. S. (2008). Avaliação do consumo alimentar residual em touros jovens da raça Nelore Mocho em prova de desempenho animal. **Acta Sci. Anim. Sci.**, 425-433. <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/vti-2945>

Bunmee, T., Chaiwang, N., Kaewkot, C., & Jaturasitha, S. (2018). Current situation and future prospects for beef production in Thailand—A review. **Asian-Australasian journal of animal sciences**, 31(7), 968. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6039331/>

Campos, B.M., do Carmo, A.S., do Egito, A.A. et al. Genetic diversity, population structure, and correlations between locally adapted zebu and taurine breeds in Brazil using SNP markers. **Trop Anim Health Prod**, 49, 1677–1684 (2017). <https://doi.org.ez17.periodicos.capes.gov.br/10.1007/s11250-017-1376-7>

Carneiro Junior, J. M., Pinheiro, A., Koury Filho, W., & SILVA, M. (2019). Desempenho de reprodutores jovens da Raça Nelore em teste de performance a pasto no Acre. **Comunicado Técnico**. EMBRAPA, Rio Branco. <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1118085/1/26944.pdf>

Carvalho, G. M. C., Fé da Silva, L. R., Almeida, M. J. O., Lima Neto, A. F., & Beffa, L. M. (2013). Avaliações fenotípicas da raça bovina Currealeiro Pé-duro do Semiárido do Brasil. **Archivos de zootecnia**, 62(237), 9-20. <https://dx.doi.org/10.4321/S0004-05922013000100002>

Carvalho, G. M. C., Frota, M. N. L. D., Lima, A. F., Azevêdo, D. M. M. R., Araujo, R. B. D., Araujo, A. M. D., ... & Carneiro, M. S. D. S. (2017). Live weight, carcass, and meat evaluation of Nellore, Curraleiro Pé-Duro, and their crossbred products in Piauí State. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 46, 393-399. <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-92902017000500004>

Carvalho, G., Quirino, C., Paiva, S. R., & BLACKBURN, H. (2022). Distância genética de bovinos Curraleiro Pé-Duro em relação a outras raças criadas no Brasil e nos Estados Unidos avaliadas com microssatélites. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**. 30, (2). [www.doi.org/10.53588/alpa.300202](http://www.doi.org/10.53588/alpa.300202)

Ferreira, T., Rasband, W. **ImageJ user guide**. ImageJ/Fiji, v. 1, p. 155-161, 2012. <https://imagej.nih.gov/ij/docs/guide/user-guide.pdf>

Fioravanti, M. C. S., Juliano, R. S., FELIX, G., da SILVA, M. C., de MOURA, M. I., FREITAS, T., ... & MONTEIRO, E. D. P. (2021). **O uso dos bovinos locais brasileiros em sistemas de produção sustentáveis: raças curraleiro pé-duro e pantaneiro**. Capítulo 18 de OLIVEIRA, I. P.; LEANDRO, W. M.; COSTA, K. de P.; FURTINI NETO, A. E. (org.) Sistema agropecuário de produção sustentável. Goiânia: CegrafUFG. p. 1352-1425. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/226548/1/Bovinos-locais-brasileiros-2021.pdf>

Fox, J., and Weisbergm S. **An R Companion to Applied Regression**, Third Edition, Sage, 2019

Greiner, S. P., Rouse, G. H., Wilson, D. E., Cundiff, L. V., & Wheeler, T. L. (2003). Prediction of retail product weight and percentage using ultrasound and carcass measurements in beef cattle. *Journal of animal science*, 81(7), 1736-1742. <https://doi.org/10.2527/2003.8171736x>

Hausman, G. J., Bergen, W. G., Etherton, T. D., & Smith, S. B. (2018). The history of adipocyte and adipose tissue research in meat animals. **Journal of animal science**, 96(2), 473-486. <https://doi.org/10.1093/jas/skx050>

Kassambara, A. (2021). rstatix: Pipe-friendly framework for basic statistical tests. R package version 0.7.2.

Ledic, I. L., Rosa, A. D. N., Nobre, P. R. C., SILVA, L., Euclides Filho, K., & Mariante, A. D. S. (1985). **Resultados do controle de desenvolvimento ponderal Raça Tabapuã-1975-1984**. <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/317353/1/Resultadosdocontroleracatabupua.pdf>



Maeno, H., Oishi, K., Mitsuhashi, T., Kumagai, H., & Hirooka, H. (2014). Prediction of carcass composition and individual carcass cuts of Japanese Black steers. *Meat Science*, 96(3), 1365-1370. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2013.11.017>

Mendiburu, F. D. (2019). *Agricolae: statistical procedures for agricultural research*. <https://cran.r-project.org/web/packages/agricolae/index.html>.

Mwangi, F. W., Charmley, E., Gardiner, C. P., Malau-Aduli, B. S., Kinobe, R. T., & Malau-Aduli, A. E. (2019). Diet and genetics influence beef cattle performance and meat quality characteristics. *Foods*, 8(12), 648. <https://doi.org/10.3390/foods8120648>

Naserkheil, M., Lee, D. H., Kong, H. S., Seong, J., & Mehrban, H. (2021). Estimation of genetic parameters and correlation between yearling ultrasound measurements and carcass traits in Hanwoo cattle. *Animals*, 11(5), 1425. <https://doi.org/10.3390/ani11051425>

R Core Team (2023). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

RStudio Team (2023). *RStudio: Integrated Development for R*. RStudio, PBC, Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>.

Rocha-Silva, M., de Paula, E. J. H., Oliveira, D. F. P., Cervelati, K. F., & Pinheiro, M. D. S. M. (2011). Uso da técnica de ultrassonografia na avaliação da carcaça de bovinos *in vivo*. *PUBVET*, 5, Art-1130.

Rodas-González, A., Huerta-Leidenz, N., & Jerez-Timaure, N. (2017). Benchmarking Venezuelan quality grades for grass-fed cattle carcasses. *Meat and Muscle Biology*, 1(1). doi:10.22175/mmb2017.04.0022

Seo, H. W., Van Ba, H., Seong, P. N., Kim, Y. S., Kang, S. M., Seol, K. H., ... & Cho, S. (2021). Relationship between body size traits and carcass traits with primal cuts yields in Hanwoo steers. *Animal Bioscience*, 34(1), 127. <https://doi.org/10.5713%2Fajas.19.0809>

Şentürklü, S., Landblom, D., Paisley, S., Wachenheim, C., & Maddock, R. (2021). Frame score, grazing and delayed feedlot entry effect on performance and economics of beef steers from small-and large-framed cows in an integrated crop-livestock system. *Animals*, 11(11), 3270. <https://doi.org/10.3390%2Fani11113270>

Silva, S. D. L., Leme, P. R., Pereira, A. S. C., & Putrino, S. M. (2003). Correlações entre características de carcaça avaliadas por ultra-som e pós-abate em novilhos Nelore, alimentados com altas proporções de concentrado. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 32, 1236-1242. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982003000500026>

Silva, M. S., CARNEIRO JUNIOR, J. M., PINHEIRO, A., RANUCCI, R., Silva, M. S., Pinheiro, A. K., & Ranucci, R. C. (2020). Avaliação de índices como ferramenta de seleção em provas de ganho de peso no estado do Acre. [27051.pdf \(embrapa.br\)](#)

Silva-Vignato, B., Coutinho, L. L., Cesar, A. S., Poleti, M. D., Regitano, L. C., & Balieiro, J. C. (2017). Comparative muscle transcriptome associated with carcass traits of Nellore cattle. *BMC genomics*, 18, 1-13. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3897-x>

Suguisawa, L., Matos, B. C., & Suguisawa, J. M. (2013). **Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e de qualidade da carne**. Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa. Rosa, AN, 97-107. [https://old.cnpqg.embrapa.br/mkt/geneplus29/capitulos-livro/Cap09\\_Ultrassonografia\\_Carca%C3%A7a.pdf](https://old.cnpqg.embrapa.br/mkt/geneplus29/capitulos-livro/Cap09_Ultrassonografia_Carca%C3%A7a.pdf)

Tarouco, J. U., Lobato, J. F. P., Tarouco, A. K., & Massia, G. I. D. S. (2007). Comparação entre medidas ultra-sônicas e da carcaça na predição da composição corporal em bovinos: estimativas do peso e da porcentagem dos cortes comerciais do traseiro. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 36, 2092-2101. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982007000900020>

Torres-Vázquez, J. A., van der Werf, J. H., & Clark, S. A. (2018). Genetic and phenotypic associations of feed efficiency with growth and carcass traits in Australian Angus cattle. *Journal of Animal Science*, 96(11), 4521-4531. <https://doi.org/10.1093/jas/sky325>

Yokoo, M., Magnabosco, C. D. U., Gonzalez, R., de Faria, C. U., Araujo, F. D. C., Rosa, G., Cardoso, F.F. & de Albuquerque, L. G. (2011). Avaliação genética de características de carcaça utilizando a técnica do ultrassom em bovinos de corte. Embrapa Pecuária Sul, <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/922961/1/DT115.pdf>.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Constatou-se que há satisfatória diversidade genética, e baixa endogamia, as que existem foram identificadas para os criadores, que foram orientados em seus cruzamentos há como manter a homozigose controlada.

A hipótese que provocou a segunda investigação foi aceita, extrapolar o uso de medidas morfométricas para toda a população de CPD é possível através de modelos lineares generalizados, resultado também em um produto aos criadores disponível em <https://doi.org/10.5281/zenodo.8024838> para acesso por meio de computador, que logo também estará disponível em versão para Android e iOS com apoio do Programa Centelha promovido pelo Ministério de Ciência, Tecnologia e Inovação.

A terceira hipótese levantava no capítulo de justificativa (página 17) também foi aceita, os bovinos CPD apresentaram satisfatória área de olho de lombo (AOL), comparativamente semelhante as melhores raças de bovinos para produção de carne, no entanto, a espessura de gordura subcutânea (EGS) apresentou-se muito irregular e raramente adequada para os padrões brasileiros de qualidade de carne, levando-nos a deduzir a necessidade de promover ajustes no manejo, principalmente nutricional destes animais.

Conclusivamente, existe diversidade genética e fenotípicas suficientes para subsidiar a seleção animal e o melhoramento genético da raça, pontos importantes foram elucidados e as informações obtidas publicizadas corroboram com a manutenção dos rebanhos atuais e contribuem para modernização e aperfeiçoamentos dos atuais sistemas de produção envolvidos.

Existe diversidade e pouca estrutura genética, é perfeitamente possível prever o peso de todo e qualquer bovino da raça CPD a partir de medidas morfométricas, há animais com satisfatória AOL, aptos a compor rebanhos com índices produtivos competitivos, cabendo ajustes alimentar com vistas à otimizar a expressão da EGS.

## Anexos - Parecer CEUA



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E INOVAÇÃO  
COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS**



Campus Universitário Ministro Petrônio Portela, Bairro Ininga, Teresina, Piauí, Brasil; CEP: 64049-550  
Telefone (86) 3215-5734 \_e-mail: ceepi@ufpi.edu.br

**CERTIFICADO**

Certificamos que a proposta intitulada "**Contribuição ao Melhoramento Genético de bovinos Curraleiro Pé-duro para características de importância econômica**", registrada nº 683/21, sob a responsabilidade do **Prof. Dr. JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO** do **Departamento de Zootecnia/CCA/UFPI** que envolve a produção, manutenção ou utilização de animais pertencentes ao filo Chordata, subfilo Vertebrata (exceto humanos), para fins de Pesquisa Científica, encontra-se de acordo com os preceitos da Lei nº 11.794, de 8 de outubro de 2008, do Decreto nº 6.899, de 15 de julho de 2009, e com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA), e foi **Aprovado** pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA/UFPI) da Universidade Federal do Piauí, em Reunião na presente data **12/07/2021**.

Finalidade	( ) Ensino (X) Pesquisa Científica
Vigência da Autorização	06/09/2021 a 19/12/2026
Espécie/Linhagem/raça	Bovino/ Curraleiro Pé-duro
Nº de Animais	2.000
Peso/ Idade	Todas
Sexo	500 Machos e 1500 Fêmeas
Origem	Fazendas e instituições de pesquisa que irão ser selecionadas com o início do projeto e conforme seleção da Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Curraleiro Pé-Duro. Nos Estados do Maranhão, Goiás e Piauí.
Local de alojamento dos animais durante o experimento	Fazendas que optarem por participar do projeto Montevidéu. A ser definido conforme adesão das Fazendas.
Grau de Invasividade	2

Teresina, 13 de Julho de 2021.

  
**Prof.ª Ivete L. de Mendonça**  
 Comitê de Ética em Experimentação Animal-UFPI  
 Coordenadora

## Anexo - Financiamento público ao produto gerado pela investigação:

Disponibilizado em: 17/07/2023 19:03:56

DOEE/PI - ANO XCIII - 134 DA REPUBLICA

Publicado em: 16/07/2023 00:00:00

Secretário de Estado do Meio Ambiente e Recursos Hídricos

### EDITAL DE NOTIFICAÇÃO

Pelo presente Edital, e em virtude de fiscalização ambiental realizada pela SEMARH, onde foi lavrado o AUTO DE INFRAÇÃO de número 3530, com a aplicação da sanção de MULTA, conforme ART. 70 § 1º E 72 II E IV da Lei Federal 9605/98 e ART. 47 §1º do Decreto Federal nº 6514/08, em função de transportar madeira serrada sem licença para todo o tempo da viagem, fica notificado(a) JOSÉ PEREIRA DOS SANTOS, para exercer o seu direito ao contraditório e ampla defesa, no prazo de 20 (vinte) dias, a contar da publicação deste edital.

DANIEL CARVALHO OLIVEIRA VALENTE

Secretário de Estado do Meio Ambiente e Recursos Hídricos

### EDITAL DE NOTIFICAÇÃO

Pelo presente Edital, e em virtude de fiscalização ambiental realizada pela SEMARH, onde foi lavrado o AUTO DE INFRAÇÃO de número 4152, com a aplicação da sanção de MULTA, conforme ART. 70 § 1º E 72 II E VII Lei Federal 9605/98 e ART 66 do Decreto Federal nº 6514/08, em função de fazer funcionar atividade utilizadora de recursos naturais considerada efetivamente poluidora, fica notificado(a) ICOR DE SENA MONÇÃO, para exercer o seu direito ao contraditório e ampla defesa, no prazo de 20 (vinte) dias, a contar da publicação deste edital.

DANIEL CARVALHO OLIVEIRA VALENTE

Secretário de Estado do Meio Ambiente e Recursos Hídricos

REF.14672

### FUNDAÇÃO DE AMPARO À PESQUISA DO ESTADO DO PIAUÍ - FAPEPI

CONVOCAÇÃO DOS CLASSIFICADOS DA LISTA DE SUPLENTE AO EDITAL nº 02/2022  
PROGRAMA NACIONAL DE APOIO À GERAÇÃO DE EMPREENDIMENTOS INOVADORES - CENTELHA 2 PIAUÍ  
Processo nº 00110.000317/2020-51

O Governo do Estado do Piauí, através da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí - FAPEPI, em conformidade com os dispositivos da Lei n.º 4.664 de 20, de dezembro de 1993, e, do Decreto, n.º 9.240 de 17 de novembro de 1994 e suas modificações posteriores, torna público a presente CONVOCAÇÃO DOS CLASSIFICADOS DA LISTA DE SUPLENTE AO EDITAL, no âmbito do Contrato de Descentralização de Recursos destinados à Subvenção Econômica nº 03.20.0198.00, acordado entre Financiadora de Estudos e Projetos - Finep e a FAPEPI, considerando o disposto no item 14 do Edital e item 2.c) do Contrato supracitado:

TÍTULO DA IDEIA (EM ORDEM CLASSIFICATÓRIA)	NOME DO PROPONENTE
72 Syslae Health	Laecyo Marcello Araújo Moura
73 Kimipet - O App Completo Para O Seu Pet.	Guilherme Lima Oliveira
74 Balança De Bolso CPD	Mérik Rocha Silva
75 Transformação Digital Via Whatsapp	Renan Soares Sampaio

Teresina, 17 de julho de 2023.

João Xavier da Cruz Neto  
Presidente da FAPEPI

REF.14684