

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CAMPUS PROFESSORA CINOBELINA ELVAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA TROPICAL
DOUTORADO EM ZOOTECNIA TROPICAL

ALAN OLIVEIRA DO Ó

**PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS GENÔMICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE
CARCAÇA E TAMANHO CORPORAL EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO ADULTOS**

TERESINA – PI

2026

ALAN OLIVEIRA DO Ó

**PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS GENÔMICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE
CARCAÇA E TAMANHO CORPORAL EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO ADULTOS**

Tese de Doutorado apresentado ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Tropical – PPGZT da Universidade Federal do Piauí – UFPI, na área de concentração em Produção Animal nos Trópicos e linha de pesquisa Genética, Melhoramento Genético e Reprodução Animal nos Trópicos, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

Orientador: José Lindenberg Rocha Sarmiento

TERESINA – PI

2026

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial Campus Professora Cinobelina Elvas
Setor de Processamento Técnico

O10p Ó, Alan Oliveira do.

Predição de valores genéticos genômicos para
características de carcaça e tamanho corporal em bovinos
curraleiro pé-duro adultos / Alan Oliveira do Ó. -- 2026.
117 f.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Piauí.
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Tropical, Piauí,
2026.

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

1. Zootecnia. 2. Bovinos nativos. 3. DEPs genômicas. I.
Sarmiento, José Lindenberg Rocha. II. Título.

CDD 636

ALAN OLIVEIRA DO Ó

PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS GENÔMICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE
CARÇA E TAMANHO CORPORAL EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO ADULTOS

Tese de Doutorado apresentado ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Tropical – PPGZT da Universidade Federal do Piauí – UFPI, na área de concentração em Produção Animal nos Trópicos e linha de pesquisa Genética, Melhoramento Genético e Reprodução Animal nos Trópicos, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

Orientador: Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento
Orientador

Documento assinado digitalmente
 JOSE LINDENBERG ROCHA SARMENTO
Data: 26/06/2026 17:42:53-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Natanael Pereira da Silva Santos
Examinador interno

Documento assinado digitalmente
 NATANAEL PEREIRA DA SILVA SANTOS
Data: 26/06/2026 17:36:10-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Luiz Antonio Silva Figueiredo Filho
Examinador Externo

Documento assinado digitalmente
 LUIZ ANTONIO SILVA FIGUEIREDO FILHO
Data: 28/06/2026 21:14:29-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Geraldo Magela Cortes Carvalho
Examinador Externo

Documento assinado digitalmente
 GERALDO MAGELA CORTES CARVALHO
Data: 29/06/2026 09:10:23-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Alexandre Floriani Ramos
Examinador Externo

Documento assinado digitalmente
 ALEXANDRE FLORIANI RAMOS
Data: 26/06/2026 16:51:15-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, gostaria de agradecer a Deus pela saúde, vitalidade e por me favorecer a disposição de ter enfrentado mais esse desafio para o meu crescimento pessoal, profissional e acadêmico.

Agradecer ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí (IFPI) por oportunizar a minha pós-graduação. Instituição pelo qual tenho apreço e faço parte do seu quadro de servidores.

Agradecer ao programa de Pós-Graduação em Zootecnia Tropical (PPGZT – UFPI), pela oportunidade de realizar o curso, em nome especial ao meu orientador Professor Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento, pelo incentivo, orientação e amizade.

Agradeço aos produtores de Curraleiro Pé-Duro a quem extendo à Associação Brasileira de Criadores de Curraleiro Pé-Duro, pela formalização e disponibilidade de abrir as portas e receber-me para proceder e realizar as coletas de campo, sem o apoio, esta pesquisa não teria sido consolidada.

Agradeço aos pesquisadores da Embrapa, Dr. Geraldo Magela e Dr. Alexandre Floriani pela parceria, orientação e direcionamento nestes quatro anos de coletas de campo e de trabalho árduo.

Agradeço a cada um dos alunos, ex-alunos, amigos e colegas de trabalho na consolidação da pesquisa. Se não fossem vocês, seria inviável realizar tais atividades. Afinal o Grupo de Estudos em Melhoramento Animal, ao qual fazemos parte, é forte e sólido.

Agradeço ao casal de amigos, Regis Lima e Ana Alves, pelos meses em que pude me hospedar em suas residências.

Em especial, agradeço a base sólida de minha vida, a fortaleza que me mantém em pé e o motivo ao qual luto todo os dias para proporcionar orgulho, minha família: meus pais Aldenir e Anísia; meus irmãos Altair e Aldenísia; meus três sobrinhos, cunhados e cunhada, sogro e sogra; minha esposa Taynara pela compreensão e auxílio. Sem o apoio de vocês, tudo se tornaria mais difícil.

Enfim, agradeço a todos que de alguma forma contribuíram para a concretização deste sonho. A importância e o reconhecimento são muito maiores do que as palavras escritas.

MEU MUITO OBRIGADO!

SUMÁRIO

1. Introdução	19
Referencial Teórico	20
2.1 Origem do gado bovino Pé-Duro	20
2.2 Seleção Genômica	22
2.3 Métodos de estimação dos parâmetros genéticos	26
2.4 Estratégias de seleção para o melhoramento genético de características de carcaça em bovinos de corte	28
Referências Bibliográficas	32
Capítulo 1: Selection for muscularity in cattle: genetic parameters for ribeye area adjusted for body weight in Curraleiro Pé-Duro cattle	37
Introdução	40
Materiais e Métodos	43
Resultados	48
Discussão	53
Referências Bibliográficas	66
Capítulo 2: Genomic parameters reveal favorable genetic associations among carcass traits in Curraleiro Pé-Duro cattle.	71
Introdução	73
Materiais e Métodos	74
Resultados	77
Discussão	83
Conclusões	87
Referências Bibliográficas	88
Capítulo 3: Predição genômica do mérito genético e otimização da seleção para características de carcaça e conformação corporal em bovinos Curraleiro Pé-Duro	91
Introdução	94
Materiais e Métodos	95
Resultados	101
Discussão	107
Conclusões	113
Referências Bibliográficas	113

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Animais adultos da raça Curraleiro Pé-Duro criados em Presidente-Dutra, Maranhão	22
Figura 2: Processo básico da Seleção Genômica (GS)	24
Figura 3: Ultrassonografia para a avaliação de carcaça em bovinos	28
Figura 4: Local de coleta das medidas de ultrassonografia	29
Figura 5 :Imagem da área de olho de lombo, de bovino Curraleiro Pé-duro, coletada por meio de ultrassonografia	30

CAPÍTULO III

Figura 1: Composição relativa de machos Curraleiro Pé-Duro DECA1 (10%) pelo Índice_CPD por estado.	101
Figura 2: Composição relativa de fêmeas Curraleiro Pé-Duro DECA1 (10%) pelo Índice_CPD por estado.	102
Figura 3. Dispersão das DEPS genômicas, concordância entre a seleção individual (AOL100c, EGS e Peso Adulto) e o mérito genético total (Índice CPD) para machos e fêmeas adultas da raça Curraleiro Pé-Duro.	103
Figura 4. Matriz de correlação de Spearman entre as DEPs para características de conformação corporal de carcaça e o índice de seleção da raça Curraleiro Pé-Duro (Índice_CPD).	104
Figura 5: Concordância seletiva de animais (DECA1) identificados pelo ICPD em comparação à seleção direta para peso adulto DEP_Peso, área de olho de lombo corrigida DEP_AOL100c e espessura de gordura subcutânea DEPS_EGS em bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro.	105
Figura 6: Tendências genéticas médias das DEPs para o índice de seleção (ICPD), peso adulto (PA), área de olho de lombo ajustada (AOL100c) e espessura de gordura subcutânea (EGS) em função do ano de nascimento.	106
Figura 7: Comparativo entre resposta direta genômica (RDg) e resposta correlacionada genômica (RCg) para característica de carcaça (AOL100c, EGS100c), peso adulto (PA) e conformação corporal de bovinos Curraleiro Pé-Duro (DECA1).	107

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Tabela 1 Estatística descritiva para características de carcaça mensuradas ao sobreano por meio da ultrassonografia em bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro	69
Tabela 2 Estimate means of additive genetic variance (σ_{α}^2), residual variance (σ_e^2), phenotypic variance (σ_p^2), and heritability (h^2) for carcass and body size traits in Curraleiro Pé-Duro cattle, estimated using Bayesian inference	69
Tabela 3 Estimates of genetic correlations (above the diagonal) and phenotypic correlations (below the diagonal) among carcass traits measured by ultrasonography and body size traits in Curraleiro Pé-Duro cattle.	70

CAPÍTULO II

Tabela 1 Descriptive statistics for carcass traits measured by ultrasonography in adult Curraleiro Pé-Duro cattle, stratified by sex -----	78
Tabela 2 Descriptive statistics of body size traits in adult Curraleiro Pé-Duro cattle.....	78
Tabela 3 Posterior mean estimates of additive genetic, residual, and phenotypic variances, and heritability for carcass and body size traits in Curraleiro Pé-Duro cattle.	79
Tabela 4: Genetic correlations (above the diagonal) and phenotypic correlations (below the diagonal) among carcass and body size traits in adult Curraleiro Pé-Duro cattle..	82

CAPÍTULO III

Tabela 1 Estimativas de acurácia média para valores genéticos de machos e fêmeas avaliados para as medidas de carcaça e de conformação corporal em Bovinos Curraleiro Pé-Duro	101
---	-----

RESUMO

Predição de valores genéticos genômicos para características de carcaça e tamanho corporal em bovinos Curraleiro Pé-Duro adultos

Alan Oliveira do Ó

Tese (Doutorado em Zootecnia Tropical) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2026.

A avaliação in vivo de carcaça, associada à utilização de dados genômicos, apresenta-se como uma ferramenta promissora para acelerar o melhoramento genético de bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro, permitindo maior resposta à seleção e a identificação precoce de animais geneticamente superiores para características de relevância econômica. Esta pesquisa teve como objetivos: (1) estimar parâmetros genéticos para características de carcaça e medidas corporais; (2) propor e validar ajustes para as características de musculosidade e acabamento de carcaça; e (3) predizer valores genéticos genômicos para essas características, visando à seleção genômica. Foram analisados dados de 2643 animais dos quais 1.899 animais possuem informações genômicas, incluindo medidas de carcaça, Área de Olho de Lombo (AOL) e Espessura de Gordura Subcutânea (EGS), de tamanho e conformação corporal e Peso Adulto (PA). A estimação dos parâmetros genéticos foi realizada por meio de modelo animal em análises tricaracterísticas, utilizando inferência Bayesiana com o software GIBBSF90+. No Capítulo I, demonstrou-se que os ajustes propostos para AOL (AOL100c e AOL300c), que consideram o tamanho corporal, foram superiores ao método tradicional utilizado AOL100. Essas novas medidas permitem uma seleção mais precisa e biologicamente relevante para musculosidade, sem promover um aumento indesejado no porte dos animais. No Capítulo II, aprofundou a compreensão das relações genéticas entre as características de carcaça e as diversas medidas de tamanho e conformação, com ênfase em suas implicações adaptativas para a raça. Foram estimadas herdabilidades de moderadas a altas para a maioria das características, indicando considerável potencial de melhoramento genético. Um achado de particular relevância foi a correlação genética positiva e de alta magnitude (0,78) entre AOL e EGS, contrastando com o antagonismo frequentemente reportado em outras raças de gado de corte. No Capítulo III, foram preditos valores genéticos genômicos e proposto um índice de seleção genômico (ICPD), ponderando as características ajustadas de carcaça (AOL100c e EGS100c), o Peso Adulto (PA) e a razão entre a profundidade torácica e a altura da cernelha (PTAC). As acurácias médias das predições genômicas foram próximas de 0,30. A análise de tendência genética revelou oscilações nos ganhos, o que indica a ausência de um processo de seleção sistemático e efetivo para características produtivas na raça. Conclui-se que o índice desenvolvido se mostrou eficaz em identificar animais geneticamente superiores para o objetivo de seleção. Os resultados fornecem ferramentas metodológicas e insights fundamentais que pavimentam o caminho para a implantação de um programa de avaliação genética, permitindo a seleção estratégica de reprodutores e matrizes que otimizem a produção sem comprometer as características de rusticidade e adaptação que são patrimônio da raça.

Palavras-chave: AOL, bovinos nativos; DEPs genômicas, GBLUP.

ABSTRACT

Prediction of genomic genetic values for carcass traits and body size in adult Curraleiro Pé-Duro cattle

Alan Oliveira do Ó

Thesis (Tropical Animal Science) – Federal University of Piauí, Teresina, 2026.

In vivo carcass evaluation, associated with the use of genomic data, stands as a promising tool to accelerate the genetic improvement of Curraleiro Pé-Duro cattle, allowing for greater selection response and early identification of genetically superior animals for economically relevant traits. This research aimed to: (1) estimate genetic parameters for carcass traits and body measurements; (2) propose and validate adjustments for carcass muscularity and finishing traits; and (3) predict genomic breeding values for these traits, targeting genomic selection. Data from 2,643 animals were analyzed, of which 1,899 had genomic information, including carcass measurements—Rib Eye Area (REA) and Backfat Thickness (BF)—as well as body size, conformation, and Mature Weight (MW). Genetic parameter estimation was performed using an animal model in multi-trait (three-trait) analyses, employing Bayesian inference with the GIBBSF90+ software. In Chapter I, it was demonstrated that the proposed adjustments for REA (REA100c and REA300c), which account for body size, were superior to the traditionally used REA100 method. These new measurements allow for more precise and biologically relevant selection for muscularity without promoting an undesired increase in the animals' frame size. In Chapter II, the understanding of the genetic relationships between carcass traits and various size and conformation measurements was deepened, emphasizing their adaptive implications for the breed. Moderate to high heritabilities were estimated for most traits, indicating considerable potential for genetic improvement. A particularly relevant finding was the high-magnitude positive genetic correlation (0.78) between REA and BF, contrasting with the antagonism frequently reported in other beef cattle breeds. In Chapter III, genomic breeding values were predicted, and a genomic selection index (ICPD) was proposed, weighting adjusted carcass traits (REA100c and BF100c), Mature Weight (MW), and the ratio between heart girth and wither height (HGWH). The average accuracies of genomic predictions were near 0.30. Genetic trend analysis revealed fluctuations in gains, indicating the absence of a systematic and effective selection process for productive traits in the breed. It is concluded that the developed index proved effective in identifying genetically superior animals for the selection objective. The results provide methodological tools and fundamental insights that pave the way for the implementation of a genetic evaluation program, allowing for the strategic selection of sires and dams that optimize production without compromising the rusticity and adaptation traits that constitute the breed's heritage.

Keywords: REA, native cattle, genomic EBVs, GBLUP.

1. Introdução

A avaliação genética de populações bovinas é um dos grandes desafios da zootecnia moderna, especialmente para raças adaptadas a sistemas extensivos, como o Curraleiro Pé-Duro. A raça se destaca pela rusticidade, tolerância a ambientes de clima tropical e resistência a endoparasitas, atributos desenvolvidos ao longo de séculos de seleção natural sob manejo pouco tecnificado (TORRES et al., 2018; FIORAVANTI et al., 2021).

Tradicionalmente, os programas de melhoramento genético fundamentam-se na predição de valores genéticos a partir de informações de pedigree e fenotípicas para características que compõem o objetivo de seleção. O modelo animal clássico, baseado na metodologia BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), requer uma base robusta de dados genealógicos e produtivos para prever valores genéticos estimados (EBVs) com acurácia, bem como para estimar parâmetros como herdabilidade e correlações genéticas (CARDONA et al., 2024).

A ausência de registros, principalmente de pedigrees completos, em rebanhos Curraleiro Pé-Duro, dificulta a predição de valores genéticos e limita a implementação de programas de melhoramento, comprometendo o avanço genético da raça para características economicamente relevantes. A aplicação de métodos convencionais torna-se limitada nessas populações pequenas ou manejadas extensivamente, onde o controle genealógico é precário, afetando a correta estimação das relações de parentesco (VANRADEN, 2008).

A seleção genômica surge como uma alternativa tecnológica. O método GBLUP (*Genomic Best Linear Unbiased Prediction*) propõe contornar a falta de pedigree incorporando informação de marcadores moleculares do tipo SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) para construir a matriz de parentesco genômico (Matriz G), baseada na real similaridade genética entre indivíduos (MEUWISSEN et al., 2001). A popularização de técnicas de genotipagem, como os *SNP chips*, ampliou a viabilidade dessa abordagem (HAYES et al., 2009).

Contudo, a aplicação da seleção genômica em raças locais e de efetivo reduzido impõe desafios particulares. A superioridade do GBLUP sobre o BLUP tradicional não é garantida *a priori* nessas condições, pois a acurácia das predições genômicas é fortemente dependente da estrutura de Desequilíbrio de Ligação (LD) histórico e do tamanho efetivo da população de referência (GODDARD, 2009; HABIER et al., 2010). Em populações pequenas, há riscos aumentados de viés nas estimativas e de sobreajuste (*overfitting*) dos modelos aos dados (GIANOLA, 2013). Dessa forma, a presente pesquisa configura-se como um estudo piloto para a raça Curraleiro Pé-Duro, buscando explorar a viabilidade e as limitações da implementação de avaliações genômicas,

considerando a estrutura populacional existente e a necessidade de validação dos métodos em cenários de escassez de dados.

A condução da avaliação genética nesta raça exige uma abordagem cautelosa quanto à relação antagônica que pode existir entre adaptação e ganho produtivo. O aumento do desempenho em características de carcaça e tamanho corporal não deve comprometer a rusticidade o principal ativo biológico do Curraleiro Pé-Duro. A ferramenta genômica, neste contexto, deve ser utilizada não apenas para acelerar o ganho genético, mas para monitorar e assegurar que a seleção para produtividade não eroda os complexos gênicos responsáveis pela adaptação e resiliência da raça ao ambiente tropical ((FABBRI et al., 2019).

O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para características de carcaça e tamanho corporal em bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro e prever os valores genéticos genômicos (GEBVs) com base nas medidas avaliadas, visando otimizar a avaliação genética da raça.

A Tese está estruturada conforme as normas do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Tropical da UFPI (Resolução 138/2019 PPGZT), apresentando-se da seguinte forma: Parte introdutória, composta pela Introdução Geral e Revisão de Literatura; Capítulo I, referente ao artigo *Selection for muscularity in cattle: genetic parameters for ribeye area adjusted for body weight in Curraleiro Pé-Duro cattle*; Capítulo II, constituído pelo artigo *Genomic parameters reveal favorable genetic associations among carcass traits in Curraleiro Pé-Duro cattle.*; e Capítulo III, contendo o artigo *Predição Genômica do mérito genético e otimização da seleção para características de carcaça e conformação corporal em bovinos Curraleiro Pé-Duro*".

2 Referencial Teórico

2.1 Origem do gado bovino Pé-Duro

O bovino Curraleiro Pé-Duro é resultante de processos seculares de seleção natural no Brasil. Sua origem remonta ao período colonial, com a introdução de bovinos de raças com descendência ibérica, africana e de diferentes grupos genéticos no nordeste brasileiro (PRIMO, 2010). Os animais, trazidos pelos colonizadores portugueses no século XVI, foram inicialmente desembarcados em São Vicente, São Paulo, provenientes da Ilha da Madeira e Cabo Verde (MARIANTE; CAVALCANTE, 2006; CARVALHO, et al., 2013; VERARDO et al., 2021; FREITAS et al., 2022).

Análises robustas de marcadores uniparentais e autossômicos têm evidenciado uma significativa e direta influência africana na composição genética da raça. Observa-se a prevalência de linhagens maternas raras na Península Ibérica, mas comuns no continente africano, bem como o compartilhamento de haplótipos do cromossomo Y entre gado africano e crioulos sul-americanos.

Essa introgressão africana pode ter sido mediada por paradas estratégicas em ilhas atlânticas ou por rotas comerciais vinculadas ao tráfico transatlântico de escravizados (GINJA et al., 2019).

Em estágios subsequentes, especialmente a partir do século XX, ocorreu uma extensiva introgressão de material genético de *Bos indicus* (zebu) de origem indiana, particularmente em regiões tropicais, conferindo novas camadas ao pool genético crioulo (GINJA et al., 2019; VERARDO et al., 2024). Essa complexa amálgama de origens posiciona as raças crioulas brasileiras em uma localização intermediária no espectro genético entre as raças africanas e europeias, resultando em alta diversidade genética que sublinha sua resiliência e adaptabilidade intrínseca aos diversos ecossistemas locais (GINJA et al., 2019).

A diferenciação em distintas raças locais deveu-se à diversidade ambiental brasileira, com seleção fenotípica específica em cada bioma, levando ao surgimento de raças distintas, incluindo o Caracu (compreendendo a linhagem Caracu Caldeano para fins leiteiros e Caracu para carne), Crioulo Lageano (e uma linhagem distinta criada no Estado do Rio Grande do Sul conhecida como Franqueiro), Curraleiro Pé-Duro e Pantaneiro (SERRANO, et. al., 2007; VERARDO et al., 2024).

O Curraleiro Pé-Duro foi reconhecido oficialmente pelo MAPA em 2012. O nome “pé-duro” decorre da robustez dos cascos, parâmetro adaptativo essencial às condições de solos pedregosos do sertão brasileiro (CARVALHO et al., 2010). Caracteriza-se por pelagem amarela a amarelo-avermelhada, chifres curtos, cabeça pequena e dimorfismo sexual acentuado, com médias de peso adulto entre 280 e 350 kg para fêmeas e 400 e 550 kg para machos, com fertilidade acima de 80% (BIACHINI et al., 2006; FIOVARABTI et al., 2011).

Com o advento das tecnologias de genômica, a importância do Curraleiro Pé-Duro e de outras raças nativas tornou-se ainda mais evidente. Estudos de diversidade genética empregando marcadores de DNA, SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) e sequenciamento de genoma inteiro demonstraram que o Curraleiro Pé-Duro possui alta variabilidade genética e diferenciação populacional, refletindo sua longa história sob seleção natural e cruzamentos controlados ou naturais (FREITAS, et al., 2022).



Figural. Animais adultos da raça Curraleiro Pé-Duro Presidente-Dutra, Maranhão. Fonte: Autor

A raça integra um dos principais núcleos de diversidade genética entre bovinos terrestres do Brasil, compondo uma importante base para garantir resiliência em sistemas de produção diante de doenças emergentes e mudanças climáticas (BRITTO et al., 2021). Diversos estudos de varredura genômica demonstraram que genes associados à resistência a parasitas, adaptações nutricionais, termotolerância e capacidade de conversão alimentar estão presentes e ativos nas populações do Curraleiro Pé-Duro, características relevantes para programas de melhoramento, cruzamentos industriais e sustentabilidade (FREITAS et al., 2021; DA SILVA et al., 2022; SANTOS, 2021).

Abordagens com o uso de SNP chips revelaram que as populações de Curraleiro Pé-Duro detêm níveis de heterozigosidade superiores a muitos rebanhos comerciais, sinalizando preservação de variabilidade adaptativa, fator crítico para a manutenção da biodiversidade zootécnica (FREITAS, et. al., 2022). Os estudos ressaltam a necessidade de manter bancos genéticos vivos e criopreservados, ao mesmo tempo em que ampliam a compreensão da história evolutiva e dos fluxos gênicos entre raças ibéricas e raças locais brasileiras.

A extinção das raças adaptadas poderá acarretar a perda de importantes características de interesse econômico, enquanto a sua utilização poderá significar uma alternativa para melhoria da rusticidade de raças bovinas de alta produtividade, porém com baixa capacidade de adaptação, podendo ser indicadas como estratégias de cruzamento para a complementariedade de características de produção em animais oriundos dos cruzamentos (SERRANO, et. al., 2007).

2.2 Seleção Genômica

Tradicionalmente, a avaliação genética de características econômicas em animais de produção depende fundamentalmente da estruturação de pedigrees e de registros fenotípicos detalhados. Essas informações são cruciais para estimar o parentesco e a herdabilidade das características de interesse,

permitindo a predição dos valores genéticos dos indivíduos (HENDERSON, 1975; MEUWISSEN et al., 2001).

O método BLUP (Best Linear Unbiased Prediction), introduzido por Charles Roy Henderson na década de 1970, consolidou-se como a principal metodologia estatística para avaliação genética animal. Ao utilizar modelos lineares mistos, o BLUP integra simultaneamente dados de várias gerações, assumindo que os efeitos genéticos aditivos seguem uma distribuição normal e que os efeitos ambientais são aleatórios e independentes. Essa abordagem estatística torna o método robusto para populações complexas, gerando predições acuradas e livres de viés (HENDERSON, 1975; WRAY et al., 2007; VANRADEN, 2008).

O modelo tradicional considera as relações genealógicas expressas na matriz de parentesco aditiva (Matriz A), além de um modelo de variâncias e covariâncias que aproveita informações de parentes para aumentar a acurácia das estimativas genéticas, mesmo em cenários de dados desbalanceados (LOURENÇO et al., 2020). Contudo, uma limitação inerente à Matriz A é basear-se no parentesco esperado (médias genealógicas), falhando em capturar as variações estocásticas decorrentes da segregação mendeliana. Consequentemente, indivíduos com o mesmo parentesco esperado, como irmãos completos, podem apresentar, na realidade, diferentes proporções de genoma compartilhado. Além disso, em muitos sistemas produtivos, o registro genealógico é limitado ou inexistente, comprometendo a aplicabilidade do BLUP tradicional.

Para superar essas restrições, a Seleção Genômica (GS) foi proposta como uma ferramenta para facilitar a seleção de características econômicas através do mérito genético líquido, utilizando efeitos de marcadores densos distribuídos por todo o genoma (MEUWISSEN et al., 2001). A ascensão das tecnologias de genotipagem de alto rendimento permitiu a coleta massiva de marcadores do tipo SNP (Single Nucleotide Polymorphism), viabilizando o cálculo dos valores genéticos genômicos (GEBV) pela soma aditiva dos efeitos estimados de cada marcador (BUDHLAKOTI et al., 2022).

O GBLUP (*Genomic Best Linear Unbiased Prediction*) emerge como a extensão natural do método tradicional. Sua principal inovação reside na substituição da Matriz A pela matriz de parentesco genômico (Matriz G). Calculada diretamente a partir dos marcadores de DNA, a Matriz G estima o parentesco realizado entre os indivíduos, refletindo a proporção exata de genoma compartilhado (VANRADEN, 2008).

Ao incorporar essa informação genômica detalhada, o GBLUP mantém a estrutura de modelos mistos, mas utiliza uma matriz de covariância genética mais precisa. Isso resulta em maior acurácia nas predições, especialmente para animais jovens ou sem fenótipo próprio, superando o BLUP tradicional ao reduzir problemas decorrentes de erros de pedigree e permitir a incorporação direta de indivíduos não fenotipados na avaliação (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2016). Dessa forma,

a metodologia possibilita a seleção precoce e acelera o progresso genético, reduzindo o intervalo de gerações (MISZTAL et al., 2009).

O modelo assume distribuição normal para os efeitos genéticos aditivos e homogeneidade da variância entre marcadores, sendo representado pela equação:

$$y = Xb + Zu + e$$

em que y é o vetor de fenótipos, Xb representa os efeitos fixos, Zu os efeitos aleatórios genéticos e e o erro residual.

Conforme descrito por MEUWISSEN et al. (2001), o processo é constituído por três etapas fundamentais: a estimação e validação, que utiliza uma população de treinamento (ou referência) composta por indivíduos com dados genotípicos e fenotípicos conhecidos para estimar os efeitos dos marcadores e construir o modelo preditivo; a predição, etapa na qual se aplica a equação desenvolvida aos candidatos à seleção (população de teste), que possuem apenas informações genotípicas, para calcular seus Valores Genéticos Genômicos (GEBVs); e, por fim, a seleção, momento em que se identificam os genótipos superiores com base nas predições estimadas (Figura 2).

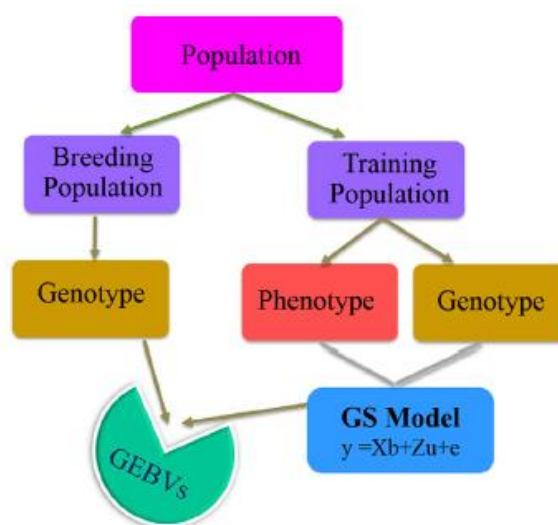


Figura 2: Esquema básico do processo da seleção genômica (BUDHLAKOTI et al., 2022)

A equação obtida, composta pela combinação entre os genótipos de cada SNP e as estimativas dos efeitos dos marcadores, é então empregada na predição dos valores genéticos aditivos genômicos (GEBVs) de animais pertencentes a outra população, denominada população de validação. Esta população dispõe de informações genotípicas, mas necessariamente não precisa ter todos os dados fenotípicos. Após validada, tal equação pode ser utilizada para prever os GEBVs dos candidatos à seleção (HAYEES et al, 2020). Dessa forma, a soma de todos os efeitos estimados dos SNPs serve

como preditor do mérito genético dos animais avaliados, proporcionando maior precisão ao processo seletivo (MEUWISSEN et al., 2001).

A eficácia da previsão genômica é influenciada por uma multiplicidade de fatores, incluindo o tamanho efetivo das populações de treinamento e de seleção, a diversidade genética existente, a herdabilidade das características, a densidade dos marcadores moleculares e a magnitude da interação genótipo x ambiente (GxE). Além disso, o grau de parentesco genético entre a população de treinamento e os candidatos à seleção desempenha papel determinante na acurácia das predições. Recentemente, estudos têm destacado que o emprego de abordagens de aprendizado de máquina e métodos bayesianos possuem potencial para incrementar a precisão preditiva, especialmente em cenários de alta complexidade genética e variabilidade ambiental (SÁNCHEZ et al., 2021).

A implementação da seleção genômica em populações de tamanho efetivo reduzido enfrenta o desafio crítico da acurácia de predição limitada pela estrutura da população de referência. Como demonstrado por DAETWYLER et al. (2008) e GODDARD (2009), a escassez de animais fenotipados em relação ao número de marcadores (SNPs) predispõe os modelos a um superajuste (*overfitting*), onde a acurácia estimada é artificialmente alta, mas a capacidade real de prever animais jovens não aparentados é baixa. Além disso, a intensidade de seleção genômica pode acelerar drasticamente a perda de variabilidade genética e a fixação de alelos, correndo o risco de "varrer" genes de rusticidade e adaptação que não estejam em forte desequilíbrio de ligação com os marcadores dos chips comerciais, desenhados majoritariamente para raças cosmopolitas (HOFFMANN ET AL., 2013; JANNINK, 2010).

No que tange ao controle da endogamia, a substituição da matriz de parentesco baseada em pedigree (A) pela matriz genômica (G) representa um avanço fundamental, pois permite mensurar a consanguinidade realizada em vez da esperada. Enquanto o pedigree assume que irmãos completos compartilham sempre 50% dos alelos, a matriz G captura a variação real decorrente da segregação mendeliana (VANRADEN, 2008; HAYES et al., 2009). Isso possibilita identificar e acasalar indivíduos que, embora parentes no papel, herdaram frações genômicas distintas, mitigando o aumento da homozigose na progênie.

Para equilibrar o progresso genético com a conservação da raça, a estratégia mais robusta é a aplicação da Seleção de Contribuição Ótima (OCS) utilizando informações genômicas. Fundamentada em MEUWISSEN (1997) e SONESSON et al. (2012), essa abordagem utiliza a matriz G para definir a contribuição genética ideal de cada reprodutor para a próxima geração, maximizando o ganho genético sob uma restrição rígida de incremento da endogamia. Em populações pequenas como a do Curraleiro Pé-Duro, a OCS genômica é superior à seleção massal, pois penaliza o uso

excessivo de famílias superiores que compartilham os mesmos segmentos cromossômicos, garantindo a manutenção da variabilidade genética aditiva e a sustentabilidade da raça a longo prazo.

Embora o procedimento de etapa única (*Single-Step* GBLUP ou ssGBLUP) seja frequentemente apontado como superior por integrar simultaneamente fenótipos, pedigree e genótipos, resultando em maior acurácia na avaliação de gado de corte (LOPEZ-CRUZ et al., 2019), sua aplicação pressupõe a existência de conexões genealógicas. O método de múltiplas etapas (GBLUP), por sua vez, baseia-se em suposições que nem sempre são atendidas, como a genotipagem total dos animais, e pode apresentar menor precisão comparativa. Contudo, em cenários específicos onde o pedigree é incompleto ou inexistente, inviabilizando a construção da matriz de parentesco híbrida (H) requerida pelo ssGBLUP, o método GBLUP permanece como a abordagem mais indicada e robusta.

Esses desafios metodológicos e estruturais refletem-se nos resultados práticos observados entre diferentes aptidões. Enquanto para bovinos leiteiros são frequentemente reportadas acurácias superiores a 0,80 para características produtivas e próximas a 0,70 para reprodutivas (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2016), em bovinos de corte o cenário é distinto. A menor disponibilidade de dados fenotípicos de alta qualidade e a maior diversidade genética das populações de corte têm limitado historicamente a acurácia das predições genômicas, que oscilam frequentemente entre 0,30 e 0,50 para características complexas (VEERKAMP et al., 2016; NASERKHEIL et al., 2021).

Contudo, é imperativo salientar que tais magnitudes de acurácia não constituem uma propriedade biológica intrínseca à espécie, mas são fortemente condicionadas pela estrutura e representatividade da população de referência. A eficácia da predição reside na capacidade da população de treinamento em capturar o desequilíbrio de ligação entre marcadores e locus de características quantitativas (QTLs), sendo maximizada quando há uma estreita relação genômica entre a base de dados e os candidatos à seleção. Portanto, a acurácia genômica deve ser compreendida como uma variável dinâmica, dependente da robustez estatística e da proximidade genética da população de referência frente à diversidade da população-alvo.

2.3 Métodos de estimação dos parâmetros genéticos

O método de Máxima Verossimilhança (MV) e, em particular, sua variação no contexto de modelos mistos, a Máxima Verossimilhança Restrita (REML), são abordagens estatísticas predominantes e fundamentais no melhoramento animal moderno. Estes métodos frequentistas formam a base para a estimação de componentes de (co)variância e a predição de valores genéticos, BLUP/GBLUP, (PATTERSON; THOMPSON, 1971; HENDERSON, 1975)

Conceitualmente, o método de Máxima Verossimilhança, introduzido por FISHER (1922), busca estimar os parâmetros que maximizam a probabilidade de ocorrência dos dados amostrais observados, avaliando o quão bem o modelo estatístico explica o fenótipo dado um conjunto de parâmetros genéticos e ambientais. Contudo, para a aplicação em modelos mistos, o procedimento padrão e preferencial é o REML. Proposto por PATTERSON e THOMPSON (1971), o REML aprimora o método original ao considerar a função de verossimilhança dos contrastes dos dados (resíduos), em vez dos dados originais. Essa abordagem particiona a variância fenotípica e corrige o viés nas estimativas dos componentes de variância decorrente da estimação dos efeitos fixos, resultando em estimativas consistentes e não viesadas.

Paralelamente, métodos estatísticos baseados em inferência bayesiana têm ganhado destaque na literatura devido à sua capacidade de acomodar arquiteturas genéticas complexas, especialmente em cenários de alta densidade de marcadores. Diferentemente dos modelos tradicionais que assumem variância constante para todos os loci, o método BayesA utiliza distribuições *a priori* para permitir que cada marcador possua sua própria variância, ajustando-se melhor à heterogeneidade dos efeitos genéticos (MEUWISSEN et al., 2001).

Os modelos de seleção bayesiana têm se destacado como alternativas robustas na estimação de valores genéticos, especialmente em contextos de alta densidade de marcadores. O Bayesian LASSO (BayesL), por exemplo, emprega uma penalização baseada na distribuição de Laplace, o que favorece a seleção de marcadores mais informativos ao impor uma restrição nos efeitos dos demais marcadores, promovendo assim maior parcimônia no modelo (PARK; CASELLA, 2012; DE LOS CAMPOS et al., 2009).

Outras variantes, como BayesB, BayesC e BayesC π , diferenciam-se principalmente pelo tratamento dado à inclusão de marcadores e às suposições sobre a fração de loci com efeito nulo. O modelo BayesB pressupõe que apenas uma pequena parcela dos marcadores influencia a característica, atribuindo efeito zero à maioria (MEUWISSEN et al., 2001). Já as abordagens BayesC e BayesC π flexibilizam essa premissa, permitindo que a proporção de marcadores efetivos seja um parâmetro fixo ou estimado a partir dos próprios dados, respectivamente, ampliando o potencial adaptativo da metodologia (GIANOLA, 2013). Adicionalmente, o Bayesian LASSO (BayesL) destaca-se pelo emprego de uma penalização baseada na distribuição de Laplace, favorecendo a seleção de marcadores mais informativos e promovendo maior parcimônia no modelo (PARK; CASELLA, 2012; DE LOS CAMPOS et al., 2009).

A confiabilidade das estimativas geradas por esses modelos depende intrinsecamente do monitoramento da convergência das cadeias de Markov Monte Carlo (MCMC), exigindo a definição rigorosa de um período de descarte inicial (*burn-in*) para mitigar a influência dos valores de partida

e garantir a estacionariedade da distribuição (GELMAN et al., 2013). Adicionalmente, deve-se avaliar a autocorrelação entre as amostras sucessivas para determinar o intervalo de amostragem (*thinning*) adequado, bem como conduzir análises de sensibilidade às distribuições *a priori* para assegurar que as inferências não sejam excessivamente conduzidas por hiperparâmetros subjetivos, utilizando-se critérios estatísticos formais, como os testes de Geweke ou Heidelberger e Welch, para validar a qualidade do processo de amostragem (SORENSEN; GIANOLA, 2002).

Essas abordagens bayesianas mostram-se particularmente eficazes em cenários onde se presume que um número restrito de marcadores exerce efeitos substanciais, permitindo a identificação de loci específicos com maior impacto sobre as características fenotípicas (GIANOLA, 2013).

2.4 Estratégias de seleção para o melhoramento genético de características de carcaça em bovinos de corte

O melhoramento genético para a qualidade de carcaça tem sido auxiliado pelo uso da tecnologia de ultrassonografia. Visa aprimorar atributos como rendimento de carne, marmoreio e espessura de gordura subcutânea, garantindo maior eficiência produtiva e valor comercial (SILVA, et al., 2017). Desta forma o rendimento dos cortes cárneos e a padronização das carcaças, foram incluídos nos programas de seleção como características que permitem a identificação de animais superiores e que resultarão no atendimento dos objetivos da seleção. A técnica não é recente no Brasil, os primeiros estudos datam da década de 1990 (TAROUCO et. al., 1993).

O principal objetivo é possibilitar a seleção de animais com carcaças uniformes e específicas para determinados mercados. A carcaça ideal é aquela com maior proporção de músculo, mínimo de osso e quantidade ideal e distribuição uniforme da gordura, adequada para atender as exigências do mercado consumidor (SILVA et al., 2017).



Figura 3 – Ultrassonografia para a avaliação de carcaça em bovinos. Autor)

A ferramenta da ultrassonografia para a avaliação de carcaça é usada para quatro finalidades em animais vivos: avaliação da composição corporal dos reprodutores (machos e fêmeas) e seus descendentes; avaliação dos lotes (grupos de contemporâneos) quanto à deposição de gordura, para fins de determinação do momento ótimo de abate; seleção na fazenda, do gado para o mercado e abate; valorização do rebanho comercial por meio de lotes de reprodutores e medidas positivas para o rendimento da carcaça (SUGSAWA et al., 2013).

A técnica de ultrassonografia consiste em uma alta frequência de ondas sonoras, acima da capacidade auditiva (16.000 ciclos/segundo), e, em animais vivos, são utilizadas frequências entre 1,0 e 5MHz, sendo a mais frequente entre 3 e 3,5 MHz (SILVA et al., 2017). Três são os principais indicadores de medidas em carcaça de animais vivos: espessura de gordura subcutânea (EGS), área de olho de lombo (AOL) e marmoreio (MAR) que se refere a porcentagem de gordura intramuscular (SUGISAWA et al., 2003).

A espessura de gordura subcutânea (EGS), representa a gordura localizada entre a 12ª e 13ª vértebra torácica (Figura 4), no músculo *longissimus dorsi*. (SILVA et. al, 2017; PISTILLO, et. al., 2022). A medida tem grande importância na industrialização da carne, sendo fundamental no processo de resfriamento da carcaça, por proporcionar proteção ao tecido muscular contra a perda de líquidos durante o processo de refrigeração, principalmente pela influência da temperatura e velocidade do vento dentro das câmaras de resfriamento. O mercado brasileiro de carnes exige que carcaça de bovinos tem espessura de gordura de no mínimo 3mm (VAZ, et. al., 2013).

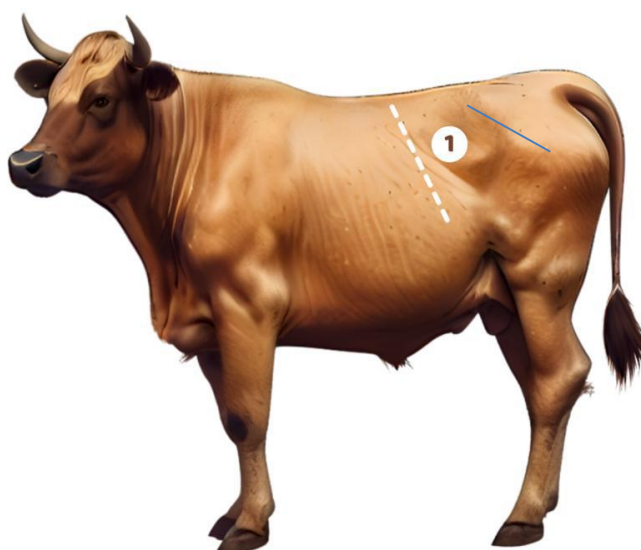


Figura 4 – Local de coleta das medidas de ultrassonografia (MORAIS, 2025)

A gordura da picanha (EGP) é uma medida complementar a EGS, torna-se importante avaliá-la quando animais possuem deposição de gordura subcutânea inadequada, por fatores nutricionais, como é o caso de animais em sistemas extensivos de manejo (SUGSAWA et al., 2013).

EGS e EGP possuem correlação positiva com a precocidade animal (DIBIASI et al., 2010), ou seja, animais que iniciam a deposição de gordura mais cedo, tendem a ser mais precoces, sexualmente, e apresentarem carcaças prontas para o abaré em menores idades. Assim, ambas as características são indicativas de precocidade sexual e acabamento da carcaça (SUGUISAWA et al., 2013), sendo esta última um fator decisivo na determinação do melhor momento para abater o animal, contribuindo assim para a qualidade da carcaça.

A área de olho de lombo (AOL), medida obtida sobre o músculo *longissimus dorsi*, entre a 12ª e 13ª costela, também é um indicador de rendimento de carcaça (Figura 4 e 5). A técnica consiste em um corte transversal do músculo ao se posicionar o acoplador acústico entre a 12ª e 13 costela. AOL possui correlação positiva e moderada com a musculosidade do animal (DIBIASI et al., 2010).

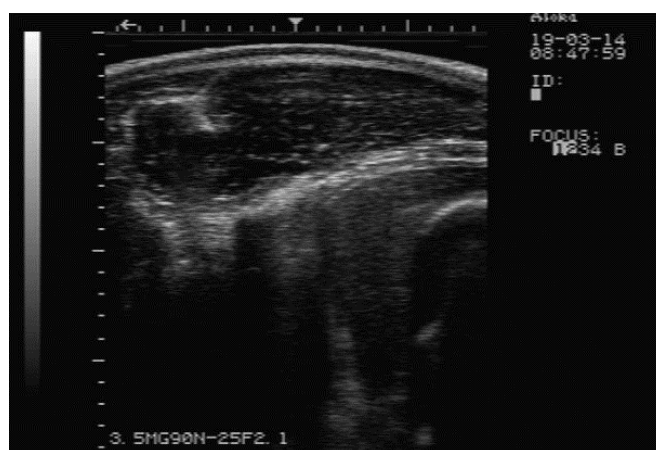


Figura 5 – Imagem da área de olho de lombo, de bovino Curraleiro Pé-duro, coletada por meio de ultrassonografia (Fonte: Autor)

Uma alternativa à utilização das medidas de AOL em valores brutos, é o uso da relação largura x altura do músculo contrafilé, conhecida como RATIO. Essa está associada ao formato do músculo, estando relacionada a carcaças mais volumosas, ou seja, com musculatura mais convexa, sendo considerados adequados, animais com RATIO superior a 0,40 (SUGSAWA, et al., 2013)

Em bovinos de corte preconiza-se animais com medidas de 75 cm² de AOL possuem grande potencial de musculosidade e rendimento de carcaça (SUGSAWA, et al., 2013). Uma abordagem para promover o melhoramento da qualidade da carcaça de bovinos sem aumentar o tamanho seria a adoção de AOL ajustada para o peso corporal (TURNER et al., 1990; BERGEN et al., 1997; RODRIGUES et al., 2010).

A relação da AOL com o peso vivo é expressa em AOL/100 kg, medida expressa que leva em consideração o peso do animal, indicando a proporção de carne em relação ao peso total, ou seja, valores altos de AOL/100kg são excelentes indicativos de musculosidade e rendimento de carcaça. Tal relação (AOL/100kg) é utilizada para reduzir o efeito ambiental, quando se comparam animais de diferentes sistemas de alimentação e, também para aferir o potencial do animal para o rendimento de cortes cárneos, desta forma, valores superiores a 17cm²/100kg são considerados ideais (SUGSAWA, et al., 2013).

MARESTONE et al. (2022), encontraram correlação genética e fenotípica entre estimada entre AOL100 e peso ajustados aos 550 dias, resultados de menor magnitude e na mesma direção dos resultados relatados por Turner et al. (1990). Os autores afirmaram que AOL100 é inversamente relacionado ao peso corporal, e existe uma provável limitação no uso de AOL100 como um indicador de musculosidade. Uma metodologia para contornar o problema, buscando um indicador de musculosidade da carcaça, denominado área do olho do lombo ajustada para uma U.A (450 kg) de peso corporal, denominada AOL450, através da seguinte equação

$$AOL450 = AOLx(\sqrt[3]{\frac{AOL}{Peso}})^2$$

Através do AOL450, torna-se possível unificar unidades de magnitude das características de AOL (cm²) e peso corporal (kg). A raiz cúbica dos pesos é primeiro extraída e depois elevada ao quadrado neste cálculo, transformando o peso (tridimensional) em uma característica bidimensional compatível com a unidade de medida de AOL, sendo o valor de 450 como um fator ponderador (referência) que pode ser substituído por qualquer outro valor de ajuste para comparação do animais (MARESTONE et al., 2022).

OLIVEIRI et al (2017) obtiveram correlação genética entre AOL e peso ajustado aos 450 dias (P450) de 0,49, já para EGS e peso ajustado aos 450 dias, o valor foi de 0,43. Os resultados indicam que a seleção para a característica de P450 acarretará em ganho genético para AOL e EGS.

A deposição de tecido adiposo ocorre de forma sistemática. De acordo com BERG e BUTTERFIELD (1976), a deposição de gordura perirrenal e interna ocorre primeiro, seguida pelo preenchimento de gordura intermuscular, o depósito de gordura subcutânea e, finalmente, a deposição de gordura intramuscular. Devido a esta ordem preferencial de deposição, um animal pode ter uma quantidade significativa de gordura renal e pélvica, mas não marmoreio suficiente (gordura intramuscular) (LUCHIARI FILHO, 2000).

A literatura apresenta valores que variam de moderados a elevados para a herdabilidade para MAR, indicando considerável potencial de resposta à seleção. Estudos reportam herdabilidades para marmoreio de 0,29 a 0,63, enquanto revisões envolvendo metanálises em populações Zebuínas

brasileiras, indicam valores entre 0,30 e 0,42 (YOKOO et al., 2009; FERNANDES et al., 2015). No entanto, essa característica não é um alvo de seleção na maioria das fazendas brasileiras, ainda é pouco explorada para seleção e melhoramento genético, com a maior ênfase sendo colocada na deposição de gordura subcutânea (MARESTONE et al., 2022).

A avaliação das características de carcaça em bovinos de corte é recomendada principalmente entre 12 e 24 meses de idade, fase em que os animais apresentam desenvolvimento fisiológico adequado e deposição satisfatória de gordura subcutânea, favorecendo estimativas mais precisas para a seleção de reprodutores (RESTLE et al., 1999; SOUZA et al., 2018). Recentemente, a adoção da idade de ajuste padrão para características avaliadas por ultrassonografia tem se consolidado em programas de melhoramento, sendo 550 dias (sobreano) (WEIK et al., 2021). Esse padrão possibilita a comparação acurada entre indivíduos de diferentes idades ao momento da avaliação, contribuindo para maior consistência nos dados fenotípicos e nas decisões seletivas.

As correlações genéticas entre as principais características de carcaça são geralmente positivas, destacando-se os valores obtidos entre a área de olho de lombo ajustada para 100 kg de peso corporal (AOL100) e os escores visuais de estrutura, precocidade e musculosidade, que variam de 0,54 a 0,61 (YOKOO et al., 2009). Esses resultados vêm sendo confirmados em relatórios e meta-análises mais recentes (FERNANDES et al., 2015; AMERICAN ANGUS ASSOCIATION, 2025), evidenciando que a seleção para maior AOL pode proporcionar ganhos correlacionados relevantes em outros atributos zootécnicos desejáveis, como precocidade sexual e desenvolvimento muscular.

3. Referências Bibliográficas

AMERICAN ANGUS ASSOCIATION. Heritabilities and Genetic Correlations. *Angus Trait Heritabilities (on-diagonal) and Genetic Correlations (upper off-diagonals)*, 2025.

BERG, R.T.; BUTTERFIELD, R.M. New concepts of cattle growth. Sydney: **Sydney University Press**, 1976.

BERGEN, R.D.; MCDONNELL, J.J.; LECLOUX, M.G. et al. Relationship between ribeye area measured in vivo and other carcass traits in beef cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v.77, p.393-398, 1997.

BIANCHINI, E.; McMANUS, C.; LUCCHI, C. M.; FERNANDES, M. C. B.; PRESCOTT, E.; MARIANTE, A. S.; EGITO, A. A. Características corporais associadas com a adaptação ao calor em bovinos naturalizados brasileiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 9, p. 1443-1448, 2006.

BUDHLAKOTI, N.; KUSHWAHA, A. K.; RAI, A.; CHATURVEDI, K. K.; KUMAR, A.; PRADHAN, A. K.; KUMAR, U.; KUMAR, R. R.; JULIANA, P.; MISHRA, D. C.; KUMAR, S. Genomic selection: a tool for accelerating the efficiency of molecular breeding for development of climate-resilient crops. **Frontiers in Genetics**, v. 13, 2022.

CARDONA, S. J. C.; GARCÍA-BACCINO, C. A.; ESCOBAR-RESTREPO, C. S.; CADAVID, H. C.; ÁLVAREZ, J. D. C.; DUARTE, J. L. G.; ROGBERG-MUÑOZ, A. Genetic evaluations of dairy

goats with few pedigree data: different approaches to use molecular information. **Tropical Animal Health and Production**, v. 56, n. 3, p. 109, 2024.

CARVALHO, G. M. C.; ALMEIDA, M. J. de O.; AZEVEDO, D. M. M. R.; ARAÚJO NETO, R. B. de; LEAL, T. M.; MONTEIRO, F. das C.; FROTA, M. N. L. da; LIMA NETO, A. F. **Origem, formação e conservação do gado Pé-Duro, o bovino do Nordeste brasileiro**. Teresina: Documentos / Embrapa Meio-Norte, 25 p., 2010.

CARVALHO, G. M. C.; FE DA SILVA, L. R.; ALMEIDA, M. J. O.; LIMA NETO, A. F.; BEFFA, L. M. Avaliações fenotípicas da raça bovino Curraleiro Pé-Duro no semiárido do Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v. 62, n. 237, p. 9-20, 2013.

CHEN, R.; HAN, W.; ZHANG, H.; SU, H.; WANG, Z.; LIU, X.; JIANG, H.; OUYANG, W.; DONG, N. An Embarrassingly Simple Approach to Enhance Transformer Performance in Genomic Selection for Crop Breeding. **Proceedings of the Thirty-Third International Joint Conference on Artificial Intelligence (IJCAI)**, p. 7215-7223, 2024.

COWLES, M. K.; CARLIN, B. P. Markov Chain Monte Carlo Convergence Diagnostics: A Comparative Review. **Journal of the American Statistical Association**, v. 91, n. 434, p. 883–904, 1996.

DAETWYLER, H. D., VILLANUEVA, B., & WOOLLIAMS, J. A. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach. **PLoS One**, v.3, n.10, e3395, 2008.

DE LOS CAMPOS, G; NAYA, H; GIANOLA, D.; CROSSA, J; LEGARRA, A.; MANFREDI, E; WEIGEL, K; COTES, J. M. Predicting quantitative traits with regression models for dense molecular markers and pedigree. **Genetics**, v. 182, n. 1, p. 375-385, 2009.

DIBIASI, N.F. et al. Estimativas de correlações genéticas entre características de carcaça medidas por ultrassonografia e por escores visuais em touros Brangus. **ARS Veterinária**. v.26, n.1, p.32-37, 2010.

FERNANDES, A.F.A.; NEVES, H.H.R.; CARVALHEIRO, R.; OLIVEIRA, J.A.; QUEIROZ, S.A. Body condition score of Nellore beef cows: a heritable measure to improve the selection of reproductive and maternal traits. **Animal**, v.9, p.1278-1284, 2015.

FIORAVANTI, M. C. S.; JULIANO, R. S.; COSTA, G. L.; ABUD, L. J.; CARDOSA, V. S.; CARPIO, M. G.; COSTA, M. F. O. Conservación del bovino Curraleiro: cuantificación del censo y caracterización de los criadores. **Animal Genetic Resources**, v. 48, p.109-116, 2011.

FREITAS, T. C.; VENTURA, H. T.; SILVA, F. F.; VERONEZE, R.; COSTA, E. V.; SILVA, D. A.; MARQUES, D. B. D.; LOPES, P. S. Genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Tabapuã cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 51, e20210188, 2022.

GELMAN, A. et al. Bayesian Data Analysis. 3. ed. Boca Raton: CRC Press, 2013.

GIANOLA D. Priors in whole-genome regression: the bayesian alphabet returns. **Genetics**, v. 194, n.3, p.573 -596, 2013.

GODDARD, M. Genomic selection: prediction of accuracy and maximization of long term response. **Genetica**, v.136, n.2, p. 245-257, 2009.

HAYES, B. J.; VISSCHER, P. M.; GODDARD, M. E. Increased accuracy of artificial selection by using the realized relationship matrix. **Genetics Research**, v. 91, n. 1, p. 47–60, 2009.

HAYES, B.J., COPLEY, J., DODD, E.; ROSS, E. M.; SPEIGHT, S.; FORDYCE, G. I. Multi-breed genomic evaluation for tropical beef cattle when no pedigree information is available. **Genetic Selection Evolution**, v. 55, n.71, 2023.

- HENDERSON, C. B. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.
- HOFFMANN, I. Adaptation to climate change – exploring the potential of locally adapted breeds. **Animal Frontiers**, v.3, n.1, p.34-41, 2013.
- JANNINK, J. L. Dynamics of long-term genomic selection. **Genetics Selection Evolution**, v.42, n.1, p.35, 2010.
- LEGARRA, A.; DUCROCQ, V. Computational strategies for national integration of phenotypic, genomic, and pedigree data in a single-step best linear unbiased prediction. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 8, p. 4629–4645, 2012.
- LOPEZ-CRUZ, M.; CROSSA, J.; BONNETT, D.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; DE LOS CAMPOS, G. Multi-generation genomic prediction of maize yield using parametric and non-parametric sparse selection indices. **G3: Genes Genomes Genetics**, v. 10, n. 12, p. 4409-4422, 2020.
- LOURENÇO, Daniela A. L.; Tsuruta, Shogo; Fragomeni, Bernardo O.; Lourenco, Dalton A. L.; Misztal, Ignacy. Single-Step Genomic Evaluations from Theory to Practice: Using SNP Chips and Sequence Data in BLUPF90. **Genes**, Basel, v. 11, n. 7, p. 790, jul. 2020.
- LUCHIARI FILHO, A. A pecuária da carne bovina. **LinBife**, 2000.
- MALDONADO, F. Utilização da ultra-sonografia para predição de características de carcaças bovinas. **Infobibos**, 2007.
- MARESTONE, B. S.; et al. Genetic parameters for tradicional and móvel ultrasound carcass traits in Nellore cattle. **Tropical Animal Health and Production**, v. 54, n. 34, 2022.
- MARIANTE, A. S.; CAVALCANTE, N. **Animais do descobrimento: raças domésticas da história do Brasil**. 2. ed. Brasília: Embrapa, 232 p., 2006.
- MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, n. 4, p. 1819–1829, 2001.
- MEUWISSEN, T., EIKJE, L.S. & GJUVSLAND, A.B. GWABLUP: genome-wide association assisted best linear unbiased prediction of genetic values. **Genetics Selection Evolution**, v. 56, n.17, 2024.
- MEUWISSEN, T.; HAYES, B. J.; GODDARD M. E. Prediction of total genetic values using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, p. 1819-1829, 2001.
- MEUWISSEN, T.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. **Animal Frontiers**, v.6, n.1, p. 6-14, 2016.
- MORAIS, N. P. Avaliação de características de carcaça e tamanho corporal em bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro. 2025. **Trabalho de Conclusão de Curso** (Graduação em Zootecnia) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2025.
- NASERKHEIL, Masoumeh; MEHRBAN, Hossein; LEE, Deukmin; PARK, Mi Na. Evaluation of genome-enabled prediction for carcass primal cut yields using single-step genomic best linear unbiased prediction in Hanwoo cattle. **Genes**, v. 12, n. 12, p. 1886, 2021.
- NASSU, R. T.; TULLIO, R. R.; ESTEVES, S. N.; BERNARDI, A. C. C. Características da carcaça e qualidade da carne de bovinos terminados em sistema de integração lavoura-pecuária. **Veterinária e Zootecnia**, v. 23, n. 4, p. 637-641, 2016.
- OLIVIERI, B. F.; KLUSKA, S.; DI CROCE, F.; OSTERSTOCK, J.; MAGNABOSCO, C. U.; SILVA, R. M. O.; BALDI, F.; LÔBO, R. B. Correlações genéticas entre a área de olho de lombo com características de crescimento e reprodução do índice bioeconômico (MGTe) do programa de

melhoramento Nelore Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2017, Ribeirão Preto. **Anais [...]**. Ribeirão Preto: SBMA, 2017.

PARK, T.; CASELLA, G. The Bayesian Lasso. **Journal of the American Statistical Association**, v. 103, n. 482, p. 681-686, 2012.

PERIPOLLI, V.; OLIVEIRA, G. A.; SILVA, J. A. V.; DO NASCIMENTO, G. B.; SOUSA, G. M.; ALVES, B. R. C.; PRADO, I. N.; MENEZES, G. R. O uso da ultrassonografia na avaliação da qualidade da carne em bovinos. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, n. 3, p. 656-667, 2017.

PISTILLO, L. Z.; CAMARGO, A. C.; SOUZA, L. Correlação e regressão entre mensurações corporais e características de carcaça em bovinos da raça Nelore. **Diversitas Journal**, v. 7, n. 1, 2022.

PRIMO, A. T. **América: conquista e colonização**. Porto Alegre: Movimentos, 184 p,

RESTLE, J. et al. Desempenho e características de carcaça de novilhos de diferentes grupos genéticos terminados em confinamento e abatidos com diferentes idades. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n.6, p.1200-1208, 1999.

RODERO, A.; DELGADO, J. V.; RODERO, E. Primitive Andalusian livestock and their implications in the discovery of America. **Archivos de Zootecnia**, v. 41, p. 383-400, 1992.

RODRIGUES, F.H.; EUCLIDES FILHO, K.; ALENCAR, M.M. et al. Correlação entre área de olho de lombo ajustada ao peso corporal e rendimento de carcaça em bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1920-1927, 2010.

SALLES, P.A. Estado atual de conservação da raça bovina Curraleiro Pé Duro na região Nordeste brasileira. **Documentos Técnicos**, Campina Grande: Instituto Nacional do Semiárido – INSA, n.3, 15p, 2013.

SÁNCHEZ, I. Y.; AKDEMIR, D. Training set optimization for sparse phenotyping in genomic selection: A conceptual overview. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 715 - 910, 2021.

SERRANO, G. M.; EGITO, A. A.; MCMANUS, C.; MARIANTE, A. da S. **Genetic diversity and population structure of Brazilian native bovine breeds**. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 2, p. 171–178, 2007.

SILVA, M. J. F. B.; LINS, L. F.; LINS, N. B. O.; SIQUEIRA, M. G. F. M. de; MOURA, A. P. B. L. de; NETO, P. M. de C.; BARBOSA, S. B. P.; DUTRA JÚNIOR, W. M. Avaliação de carcaça bovina: uma revisão sobre o uso do ultrassom. **Medicina Veterinária**, v. 11, n. 4, p. 1961, 2018.

SONESSON, A. K.; WOOLLIAMS, J. A.; MEUWISSEN, T. H. E. Genomic selection requires genomic control of inbreeding. **Genetics Selection Evolution**, v. 44, n.1, 27p. 2012.

SUGISAWA, L.; MATOS, B.C.; SUGISAWA, J.M. Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e de qualidade da carne. In: ROSA, N. A.; MARTINS, N. E.; MENEZES, G.R.O.; SILVA, L.O.C. **Melhoramento Genético Aplicado em Gado de Corte. Programa Geneplus**. Embrapa, 256 p., 2013.

SUGISAWA, L.; MATTOS, W.R.S.; OLIVEIRA, H.N. DE; SILVEIRA, A.C.; ARRIGONI, M. DE B.; HADDAD, C.M.; CHARDULO, L.A.L.; MARTINS, C. L. Ultrasonography as a Predicting Tool for Carcass Traits of Young Bulls. **Scientia Agricola**, v. 60, n.4, p.779-784, 2003.

TAROUÇO, J. U.; LOBATO, J. F. P.; TAROUÇO, A. Relação entre medidas ultra-sônicas e espessura de gordura subcutânea ou área de olho de lombo na carcaça em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 22, n. 6, p. 1001-1008, 1993.

- TORRES, M. T.; CHIPASSA, C. A.; SIMÃO, M. F.; CAMELA, E. S. C. Indicadores da eficiência reprodutiva em vacas autóctones. **Revista Científica de Medicina Veterinária**, v.13, p.1-15, 2018.
- TURNER, J.W.; HETZER, H.O.; YOUNG, L.D. Use of adjusted ribeye area for selection for muscularity in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.68, p.796-803, 1990.
- VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 2008.
- Vaz, F. N.; Restle, J.; Pádua, J. T.; Fonseca, C. A; Pacheco, P. S. Características de carcaça e receita industrial com cortes primários da carcaça de machos nelore abatidos com diferentes pesos. *Ciência Animal Brasileira*, v.14, p. 199-207, 2013.
- VEERKAMP, R. F.; BOUWMAN, A. C.; SCHROOTEN, C.; CALUS, M. P. L. Genomic prediction using preselected DNA variants from a GWAS with whole-genome sequence data in Holstein–Friesian cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, n. 95, 2016.
- VERARDO, L. L.; SILVA, F. F. E.; MACHADO, M. A.; PANETTO, J. C. do C.; FAZA, D. R. de L. R.; OTTO, P. I.; REGITANO, L. C. de A.; SILVA, L. O. C. ; EGITO, A. A. ; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; ZANELLA, R.; SILVA, M. V. G. B. Genome-Wide Analyses Reveal the Genetic Architecture and Candidate Genes of Indicine, Taurine, Synthetic Crossbreds, and Locally Adapted Cattle in Brazil. **Frontiers in Genetics**, v. 12, artigo 702822, 2021.
- VERARDO, L. L.; OTTO, P.I.; MACHADO, M. A.; PANETTO, J. C.C.; FAZA, D. R. L. R.; EGITO, A. A.; VITORINO, A. S. M.; CAROLINO, M. I. C.M; CAROLINO, N. P; SILVA, M. V. G. B. Exploring the genetic origin of Brazilian locally adapted breeds: admixture, population history and relationship with Portuguese and indicine cattle. **Livestock Science**, v. 282, p. 105455, 2024
- VIEIRA, R. A.; LOUVANDINI, H.; BARCELLOS, J. O. J.; MCMANUS, C. Path and logistic analysis for heat tolerance in adapted breeds of cattle in Brazil. **Livestock Science**, v. 258, 104888, 2022.
- WEIK, J. A. et al. Genetic Parameters for Growth, Ultrasound and Carcass Traits in New Zealand Beef Cattle and Their Correlations with Maternal Performance. **Animals**, v.11, n.12, 2021.
- WRAY, N. R.; GODDARD, M. E.; VISSCHER, P. M.; Prediction of individual genetic risk to disease from genome-wide association studies. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v. 17, n. 10, p. 1520-1528, 2007.
- YOKOO, M. J. I.; MEIRELLES, S. L. A.; CURY, R. A.; OLIVEIRA, H. N.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R. Genetic parameters for carcass traits measured by real-time ultrasound in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 122, n. 2–3, p. 127–133, 2009.
- YOKOO, M.J. et al. Avaliação genética de características de carcaça utilizando a técnica do ultrassom em bovinos de corte. **Documentos 115**, EMBRAPA. 36p. 2011.

CAPÍTULO I

Selection for muscularity in cattle: genetic parameters for ribeye area adjusted for body weight in Curraleiro Pé-Duro cattle

1 Selection for muscularity in cattle: genetic parameters for ribeye area adjusted for
2 body weight in *Curraleiro Pé-Duro* cattle

3 A.O. Do Ò ^a, J.L.R. Sarmiento ^b, A.F. Ramos ^c, G.M.C. Carvalho ^d, G.V. Santos ^e, L.M.S.
 4 Basílio ^f, J.M.V. Silva ^g, N.P.S. Santos ^h

5
 6 ^a *Coordination of the Technical Course in Agriculture, Federal Institute of Piauí, Corrente*
 7 *Campus, Corrente, Piauí, Brazil, CEP 64980-000*

8 ^b *Agricultural Science Center, Federal University of Piauí, Tropical Animal Science*
 9 *Graduate Program, Ministro Petrônio Portella University Campus, Teresina, Piauí, Brazil,*
 10 *CEP 64049-550*

11 ^c *Embrapa Genetic Resources and Biotechnology, Biological Station Park, Federal District,*
 12 *Brasília, Brazil, CEP 70770-917*

13 ^d *Embrapa Mid-North, Duque de Caxias Ave, Teresina, Piauí, Brazil, CEP 64008-780*

14 ^e *Agricultural Science Center, Piauí State University, Deputado Jesualdo Cavalcanti*
 15 *Campus, Corrente, Piauí, Brazil CEP 64980-000*

16 ^f *Agricultural Science Center, University of Brasília, Darcy Ribeiro University Campus*
 17 *Faculty of Agronomy and Veterinary Medicine (FAV), Federal District, Brasília, Brazil,*
 18 *CEP 70910-900*

19 ^g *Agricultural Science Center, Federal University of Piauí, Tropical Animal Science*
 20 *Graduate Program, Ministro Petrônio Portella University Campus, Teresina, Piauí, Brazil,*
 21 *CEP 64049-550*

22 ^h *Agricultural Science Center, Federal University of Piauí, Tropical Animal Science*
 23 *Graduate Program, Ministro Petrônio Portella University Campus, Teresina, Piauí, Brazil,*
 24 *CEP 64049-550*

26 Corresponding author: Alan Oliveira do Ó. Email: alanoliveiradoo@gmail.com

27 **Abstract**

28 This study aimed to estimate genetic parameters for carcass traits, specifically ribeye area
29 (REA), under different adjustments for body weight (BW) in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle
30 (CPD). Data on adult body weight (AW), rump height (RH), and carcass measurements were
31 obtained from records of 2,643 adult animals across 31 farms. REA measurements were
32 taken between the 12th and 13th ribs of the Longissimus dorsi muscle using ultrasound
33 equipment. Three body weight-adjusted REA traits were generated: REA100, REA100c,
34 and REA300. For the estimation of genetic parameters, fixed effects of contemporary groups
35 and age (as a covariate) were considered, using multi-trait Bayesian inference analyses
36 implemented in GIBBSF90+. A genomic relationship matrix (G), constructed from SNP data
37 of 1,853 genotyped animals, was used. Heritability estimates for the adjusted traits ranged
38 from low to moderate magnitude (0.48, 0.21, 0.32, and 0.31, respectively). AW showed high
39 heritability (0.48). Genetic correlations between REA, REA100, REA100c, and REA300 with
40 AW and RH ranged from low and negative to high and positive values. Selection based on
41 unadjusted REA may lead to an increase in animal size over generations. In contrast,
42 REA100 showed moderate and negative genetic correlations with AW. REA100c and
43 REA300 provided more effective adjustments, better decoupling carcass muscularity from
44 body size. REA100c is recommended as a selection criterion for muscularity in adult
45 *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

46 **Keywords:** Ribeye area, Beef cattle, Genomic relationship, Native cattle, Multi-trait
47 analysis

48

49 **Implications**

Direct selection for carcass muscularity, as indicated by ribeye area (REA) measured via ultrasonography, may lead to undesirable increases in body size, elevate nutritional requirements, and compromise the adaptive efficiency of breeds such as the *Curraleiro Pé-Duro* cattle. Adjusted measures are therefore essential to decouple muscularity from unintended increases in body size. Incorporating such adjusted traits into breeding programs would enable the identification of animals with superior muscular efficiency without compromising biological resilience. The use of muscularity indicators in genomic selection represents a strategic advancement toward ensuring the sustainable productivity of native genetic resources under environmental challenges.

Introduction

In cattle breeding programs, the evaluation of carcass traits using ultrasonography enables the measurement of phenotypes that stand out as important selection criteria in beef production. Among these traits, ribeye area (REA) is widely used because it provides a reliable, non-invasive estimate of muscularity and yield of primal cuts in live animals (Marestone et al., 2022).

Direct selection for increased REA tends to concomitantly increase body weight and overall animal size (Paula et al., 2015). In tropical production systems, where feed resources are often seasonal and limited, selection for higher carcass yield without considering adaptive efficiency may result in animals with high metabolic demands and reduced resilience (Visser, 2025). To address this challenge, adjusting REA to standardized body weight units, thereby decoupling carcass yield from undesirable increases in body size, has been recommended (Bergen et al., 1997; Sugisawa et al., 2006; Sugisawa et al., 2013). One such approach is REA100, which allows fair comparison among animals of different biotypes and weights by standardizing REA to a reference body weight of 100 kg.

However, recent evidence suggests that the use of REA100 as a selection criterion may present important practical limitations. Findings by Marestone et al. (2022) demonstrated that REA100 is an ineffective indicator of muscularity due to its moderate and negative genetic correlation with yearling weight (-0.38). This negative association arises because REA is a two-dimensional measure, whereas body weight, related to volume, is three-dimensional; thus, weight increases at a proportionally greater rate than area, potentially reducing REA100 values without actual changes in muscularity. As a more effective alternative to decouple muscularity from body size, Marestone et al. (2022) proposed REA adjusted to 450 kg (REA450). This indicator shows a low-magnitude correlation with yearling weight (-0.12), making it a more precise tool for carcass improvement without compromising adaptive efficiency in tropical environments. However, that study did not estimate the genetic association of REA100 and REA450 with adult body weight and body size.

Despite the strong theoretical basis and scientific recommendation for the use of adjusted ribeye area measures, such as REA100 (Bergen et al., 1997; Suguisawa et al., 2006) or REA450 (Marestone et al., 2022), as more accurate selection criteria for muscularity, their incorporation into major beef cattle breeding programs in Brazil remains limited. Reference programs such as the Brazilian Zebu Breeders Association Breeding Program (PMGZ, 2026) and Geneplus (2026) have established the use of expected progeny differences (EPDs) for unadjusted REA in their genetic evaluations, employing it as a primary indicator of carcass yield. However, although the literature highlights the advantages of body weight-adjusted measures, REA100 and REA450 are not yet included as official criteria in these program summaries (Marestone et al., 2022).

This lack of adoption may be attributed to practical constraints and the historical reliance on absolute growth metrics. Unadjusted REA shows a moderate and positive

99 genetic correlation (0.43) with yearling weight (Marestone et al., 2022), making it an effective
100 predictor of total muscle mass and carcass weight. However, this association implies that
101 direct selection for REA tends to increase body size and, consequently, nutritional
102 requirements. A key challenge lies in the fact that body weight increases at a proportionally
103 greater rate than muscle area, which may mask the animal's true efficiency. Transitioning to
104 indicators such as REA450, or to adjustments based on body weights more compatible with
105 the size of *Curraleiro Pé-Duro* cattle, that exhibit low genetic correlations with adult body
106 weight and size may represent a necessary paradigm shift to ensure sustainability and
107 productive adaptation in tropical systems under environmental pressures (Marestone et al.,
108 2022).

109 Additionally, the scientific literature still lacks studies correlating genetic parameters
110 of REA (either unadjusted or adjusted) with adult body size, as most reference studies focus
111 primarily on yearling weight (Marestone et al., 2022). This gap is particularly critical for native
112 breeds such as the *Curraleiro Pé-Duro* cattle, where the scarcity of *in vivo* ultrasonographic
113 evaluations and specific EPDs limits the selection of animals that combine muscularity with
114 the adaptive efficiency required in tropical environments. The predominance of studies
115 based on post-slaughter carcass data further underscores the need for early selection tools
116 that do not depend on animal slaughter to identify genetic potential. Therefore, defining
117 balanced selection criteria based on muscularity indicators with low genetic correlation to
118 body weight and adult size represents a key advancement toward maximizing carcass yield
119 without increasing the nutritional demands associated with undesirable increases in mature
120 size.

121 The objective of this study was to generate genetic insights to support the selection
122 of muscularity independent of increases in body size in *Curraleiro Pé-Duro* cattle, by
123 estimating genetic parameters for ribeye area (REA), both unadjusted and under

adjustments that account for allometric proportionality, aiming to improve adaptive efficiency and carcass yield.

Material and methods

The data analyzed in this study were derived from a database developed within the project “Conservation, characterization, and development of the *Curraleiro Pé-Duro* cattle”, conducted by Embrapa Mid-North and Embrapa Genetic Resources and Biotechnology in collaboration with the Brazilian Association of *Curraleiro Pé-Duro* cattle Breeders (ABCPD), in partnership with the Federal University of Piauí (UFPI), and supported by the National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) through the project “Genetic management of *Curraleiro Pé-Duro* cattle aiming at development and selection for economically important traits.”

Study design

The study was conducted between 2023 and 2025 through technical visits to 31 farms located in the North, Northeast, and Midwest regions of Brazil, covering the main breeding areas of the *Curraleiro Pé-Duro* cattle. The final dataset included 2,895 animals registered in ABCPD, of which 1,663 had ribeye area (REA) measurements, 2,529 had body weight records, and 2,149 had rump height records. Additionally, 1,889 animals were genotyped using the GGP Bovine 100K panel (Neogen).

Description of critical methods

Blood samples were collected using vacuum tubes containing EDTA. Samples were kept refrigerated on ice and transported to Embrapa Genetic Resources and Biotechnology, where they were processed and subsequently submitted for genotyping.

Measurements of ribeye area (REA), body weight, and rump height were obtained. REA measurements (cm²) were taken from the *Longissimus dorsi* muscle between the 12th and 13th ribs using an Aloka SSD-500 ultrasound device equipped with a 3.5 MHz linear probe. To optimize image quality, a stand-off pad and vegetable oil were used as an acoustic coupling medium. Images were stored in digital format and later analyzed using ImageJ software (version 1.54), allowing precise determination of REA in square centimeters.

Animals were weighed using scales attached to the handling facilities on each farm. Rump height (RH) was measured using a metal measuring stick (hipometer), and it was defined as the vertical distance from the ground to the sacral tuberosity of the ilium, located in the rump region.

Based on the unadjusted REA, three different body weight adjustments were applied: REA100 (standardized to 100 kg body weight), REA100c (a specific adjustment proposed for 100 kg), and REA300 (a specific adjustment for 300 kg, approximately the average adult weight of *Curraleiro Pé-Duro* cattle animals). The proposed adjustments in this study (REA100c and REA300) were adapted from the methodology described by Marestone et al. (2022), considering both the widely used 100 kg standard in beef cattle production and the approximate average body weight (300 kg) of this breed.

The equation traditionally used to calculate REA100 was as follows (Bergen et al., 1997):

$$REA100 = \frac{REA}{Weight} \times 100$$

where REA100 represents ribeye area (REA) adjusted to a standard body weight of 100 kg, expressed in cm²; REA is the unadjusted ribeye area measured in the animal, expressed in cm²; and weight corresponds to the animal's body weight at the moment of measurement, expressed in kilograms.

The two proposed adjustments for REA (REA100c and REA300) aim to harmonize the dimensional scales of ribeye area and body weight. REA is measured in cm² from a two-dimensional cross-sectional area, whereas body weight, expressed in kilograms, is a three-dimensional measure. This dimensional inconsistency may contribute to biased negative genetic correlations between REA100 and adult body weight, as demonstrated by Marestone et al. (2022) for yearling weight. To address this incompatibility, the adjusted measures REA100c and REA300 were proposed, as described below:

$$REA100c = REAx \left(\sqrt[3]{\frac{100}{Weight}} \right)^2 ; REA300 = REAx \left(\sqrt[3]{\frac{300}{Weight}} \right)^2$$

Thus, REA100c corrects the dimensional incompatibility by harmonizing the measurement scales, transforming REA into a metric that is compatible and directly comparable with body weight. This adjustment enables the evaluation of the animal's intrinsic muscularity independently of its overall size. The approach involves extracting the cube root, converting the ratio of body weights into a ratio of linear (one-dimensional) measures; by subsequently squaring this linear ratio, it is converted back into a two-dimensional scale. In this context, a standard weight of 100 kg was adopted, consistent with REA100, which is widely used in ultrasound-based carcass evaluation. For comparative purposes, a standard weight of 300 kg, approximately the average adult body weight of *Curraleiro Pé-Duro* cattle, was also used, providing an adjustment more tailored to the breed profile.

In the preliminary data editing and consistency analysis of phenotypic records, only animals with complete information on year of birth, farm, sex, and age at the moment of measurement were retained for subsequent analyses. Animals were assigned to contemporary groups defined by sex (1 = male, 2 = female), year of data collection (2023 to 2025), and farm (1 to 31). Age at measurement was included as a covariate (linear effect). Observations exceeding ± 3 standard deviations from the mean within each contemporary

group were excluded. In total, 328, 328, 328, 521, and 500 observations were retained for REA, REA100c, REA300, AW, and RH, respectively, for statistical analyses.

Modelling and Statistical Analysis of data

Genomic data quality control was performed using R software (version 4.5.2). SNPs located on unknown genomic positions or non-autosomal chromosomes were removed ($n = 1,192,401$). Markers with minor allele frequency (MAF) lower than 0.05 ($n = 5,779$), call rate below 0.95 ($n = 2,844$), and extreme deviation from Hardy-Weinberg equilibrium ($P < 10^{-6}$; $n = 1,999$) were also excluded. After quality control, 78,335 SNPs and 1,853 samples remained for analysis.

The general statistical model used for the three-trait analyses can be described by the following matrix equation:

$$y = X\beta + Z\alpha + e$$

where: $\mathbf{y}$ is the vector of phenotypic observations for each animal; $\boldsymbol{\beta}$ is the vector of fixed effects (contemporary groups and animal age as a covariate); $\boldsymbol{\mu}$ is the overall mean of the trait; $\mathbf{X}$ is the incidence matrix relating observations to fixed effects; $\mathbf{Z}$ is the incidence matrix for additive genetic effects; $\boldsymbol{\alpha}$ is the vector of genomic additive genetic values; and $\mathbf{e}$ is the vector of random residual effects.

It is assumed that $\boldsymbol{\alpha}$ and $\mathbf{e}$ follow a multivariate normal distribution with mean zero and (co)variance matrices defined as follows:

$$Var(\boldsymbol{\alpha}) = \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{G}$$

$$Var(\mathbf{e}) = \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I}$$

where: $\mathbf{G}_0$ is the additive genetic (co)variance matrix among the three traits (3×3); $\mathbf{G}$ is the genomic kinship matrix ($N \times N$); $\mathbf{R}_0$ is the residual (co)variance matrix among the three traits

(3 × 3); I is an identity matrix of dimension $N \times N$, corresponding to the number of observations; and $\otimes$ denotes the Kronecker product operator.

The genomic kinship matrix (G) quantifies the genetic similarity among individuals based on SNP data and was computed according to Method 1 of VanRaden (2008):

$$G = \frac{ZZ'}{k}$$

where Z is the centered genotype matrix, obtained as $Z = M - 2P$; M is the genotype matrix coded as 0, 1, and 2, representing the count of the reference allele; P is the matrix of allele frequencies expressed as $2p_j$; and k is the scaling constant, defined as $2\sum p_j(1 - p_j)$, corresponding to the sum of expected variances across all loci. Due to the absence of pedigree information for the studied population, the genomic kinship matrix (G) fully replaced the traditional pedigree-based kinship matrix (A).

The incorporation of genomic information into the evaluation models was performed by replacing the inverse of the pedigree-based kinship matrix (A^{-1}) with the inverse of the genomic kinship matrix (G^{-1}). For the multi-trait model, the system of equations incorporates the inverses of the genetic (co)variance matrix (G_0^{-1}) and the residual (co)variance matrix (R_0^{-1}), and can be expressed as follows:

$$\begin{bmatrix} X'(R_0^{-1})X & X'(R_0^{-1})Z \\ Z'(R_0^{-1})X & Z'(R_0^{-1})Z + (G_0^{-1}G^{-1}) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'(R_0^{-1})y \\ Z'(R_0^{-1})y \end{bmatrix}$$

where: R_0^{-1} and G_0^{-1} represent the inverses of the residual and genetic (co)variance matrices, respectively; G^{-1} is the inverse of the genomic kinship matrix; X' and Z' denote the transpose matrices of X and Z , respectively; and $\hat{\beta}$ and $\hat{\alpha}$ are the estimates and predictions of fixed and genetic effects, respectively.

(Co)variance components were estimated using Bayesian inference implemented in the GIBBSF90+ software (Misztal et al., 2014). Combined analyses were performed using “anchor” traits (REA, REA100, REA100c, and REA300), resulting in a total of 20 three-trait

combinations to enable the estimation of all (co)variances, as well as genetic and phenotypic correlations among the studied traits. A Markov chain of 2,000,000 iterations was used, with a burn-in period of 1,000,000 iterations and thinning applied every 20 cycles, yielding 50,000 effective samples. Convergence was assessed using the Geweke diagnostic, and Monte Carlo error was evaluated using the postgibbsf90 program. Final estimates of heritability and correlations were obtained from the posterior means of the (co)variance components estimated across the different analyses in which each trait was included.

Results

Descriptive statistics for traits indicative of carcass muscular yield, including ribeye area (REA) and its different body weight-adjusted versions, as well as adult weight (AW) and rump height (RH), are summarized in Table 1, stratified by sex.

As expected for the species, pronounced sexual dimorphism was observed, with males presenting higher average adult weight (367.4 kg vs. 260.1 kg) and greater rump height (119.3 cm vs. 113.4 cm) compared to females (Table 1). This pattern was also reflected in unadjusted REA, with males showing substantially higher mean values (46.6 cm²) than females (31.6 cm²).

However, when REA is adjusted for body weight, the relationship between sexes is reversed or becomes more balanced, highlighting the importance of standardization for fair comparisons of muscularity potential. Using the traditional adjustment to 100 kg body weight (REA100; Bergen et al., 1997), mean values were similar between males (13.0 cm²) and females (12.7 cm²). When applying the alternative methodologies proposed in this study (REA100c and REA300) females outperformed males under both criteria: for REA100c, the mean was 23.5 cm² in females compared to 20.4 cm² in males; and for REA300, females reached 48.1 cm², whereas males showed 41.6 cm² (Table 1).

269 Regarding variability, coefficients of variation (CV) for the adjusted measures
270 (REA100c and REA300) were consistently lower in males (20.5% for both) than in females
271 (23.5%), suggesting greater relative homogeneity among males for these traits (Table 1). In
272 contrast, REA100 exhibited the highest CV among muscularity measures (27.5% in males
273 and 26.1% in females), indicating that this specific adjustment may amplify phenotypic
274 variability in the studied population.

275 In summary, the results reveal an important contrast between absolute and relative
276 measures of muscularity in *Curraleiro Pé-Duro* cattle. Males exhibited higher average adult
277 weight, larger body size (rump height), and greater unadjusted ribeye area (REA),
278 confirming the expected sexual dimorphism for traits related to body size and absolute
279 muscular development (Table 1). However, when REA was adjusted for body weight, using
280 the proposed methodologies REA100c (adjusted to 100 kg) and REA300 (adjusted to 300
281 kg), females outperformed males under both criteria. This finding indicates that, although
282 males possess greater absolute mass, females exhibit higher relative efficiency in
283 converting body weight into muscularity, a desirable attribute in production systems that
284 prioritize meat yield relative to body size.

285 Regarding variability, coefficients of variation revealed distinct patterns across sexes
286 and adjustment criteria. REA100 (traditional adjustment) showed the highest relative
287 variability in both sexes (27.5% in males; 26.1% in females), suggesting that this specific
288 adjustment may amplify phenotypic dispersion. In contrast, the proposed measures
289 (REA100c and REA300) were more homogeneous in males (CV = 20.5%) than in females
290 (CV = 23.5%), indicating greater relative uniformity in the male group for adjusted
291 muscularity traits, as shown in Table 1. These differences in variability across sexes and
292 adjustment methods have direct implications for breeding program design, as they influence

selection intensity and the accuracy of genetic gain predictions, particularly when aiming to increase muscularity while maintaining adaptation and efficiency in tropical systems.

For muscularity-related traits, heritability estimates ranged from moderate to high magnitude (0.21 to 0.48), as presented in Table 2, indicating substantial potential for response to selection. Unadjusted REA showed the highest estimate ($h^2 = 0.48$), followed by REA100c (0.32) and REA300 (0.31), whereas REA100 (traditional adjustment) had the lowest estimate (0.21). This pattern reflects the differing contributions of additive genetic variance (σ_α^2) to total phenotypic variance (σ_p^2): unadjusted REA exhibited the highest proportion of genetic variance ($\sigma_\alpha^2 = 15.6$; 48% of σ_p^2), while REA100 showed substantially lower genetic variance ($\sigma_\alpha^2 = 1.2$; 21% of σ_p^2).

Across all muscularity traits, residual variance (σ_e^2), which includes environmental, management, and non-additive effects, was the predominant component of total phenotypic variance, accounting for 52% to 79% of σ_p^2 . This highlights the strong influence of non-genetic factors on the phenotypic expression of muscularity, particularly for REA100, where residual variance ($\sigma_e^2 = 4.6$) represented 79% of the total phenotypic variance. For REA and its adjusted forms, additive genetic variance contributed between 21% and 48% of total phenotypic variance, with specific values of 48% for REA, 21% for REA100, 32% for REA100c, and 31% for REA300.

In contrast to muscularity traits, body size-related traits exhibited the highest heritability estimates: 0.51 for RH and 0.48 for AW, both considered high in magnitude. For both traits, additive genetic variance (σ_α^2) was the predominant component, accounting for 51% (RH) and 48% (AW) of the total phenotypic variance (Table 2), equaling or exceeding the contribution of residual variance. This pattern suggests that body size in the studied population is strongly determined by additive genetic factors, with comparatively lower influence from temporary environmental effects.

318 The results highlight important contrasts among the different criteria used to evaluate
319 muscularity. Unadjusted REA, although highly heritable, is influenced by overall body size.
320 In contrast, adjusted measures, particularly REA100, showed lower genetic contribution and
321 higher residual influence, which may reflect both the nature of the adjustment and the
322 sensitivity of these measures to environmental variation. The superior performance of
323 REA100c and REA300 relative to REA100 in terms of heritability suggests that the
324 adjustment methodologies proposed in this study more effectively capture genetic variability
325 for relative muscularity, making them potentially more suitable criteria for selection programs
326 aimed at combining muscular efficiency with adaptation to tropical production systems.

327 Genetic correlations among the different expressions of ribeye area revealed distinct
328 patterns depending on the type of adjustment applied (Table 3). Positive and high-
329 magnitude genetic correlations were observed between unadjusted REA and the proposed
330 adjusted measures, REA100c (0.92) and REA300 (0.85), indicating that, to a large extent,
331 the same genes control muscularity expressed in both absolute and relative terms when
332 these specific adjustments are used. This pattern was even more pronounced between the
333 proposed adjusted measures themselves: the genetic correlation between REA100c and
334 REA300 was virtually perfect (1.00), suggesting that, from a genetic standpoint, these two
335 variables convey essentially the same information about relative muscularity, differing only
336 in the scaling constant (100 kg vs. 300 kg).

337 In contrast, the genetic correlation between unadjusted ribeye area (REA) and
338 REA100 (the traditional adjustment proposed by Bergen et al. (1997)), was low in magnitude
339 (0.34; Table 3). This result indicates that REA100 captures a partially distinct genetic
340 dimension compared to unadjusted REA, suggesting that selection based on either criterion
341 may lead to divergent genetic responses in terms of muscularity and its relationship with
342 body size.

343 Phenotypic correlations among muscularity measures (Table 3, below the diagonal)
 344 followed a pattern similar to genetic correlations, although with slightly lower magnitudes.
 345 Notably, high phenotypic correlations were observed between REA100c and REA300
 346 (0.93), as well as between these measures and REA100 (0.92 to 0.95), reflecting the strong
 347 linear association resulting from the adjustment procedures themselves.

348 Genetic correlations between muscularity measures and body size traits (RH and
 349 AW) revealed important contrasts across evaluation criteria (Table 3). Unadjusted REA
 350 showed positive genetic correlations with rump height (0.37) and, particularly, with adult
 351 weight (0.68), confirming the expected association between greater absolute muscular
 352 development and larger body size.

353 The proposed adjusted measures, REA100c and REA300, exhibited a distinct
 354 pattern: null genetic correlations with RH (0.00 for both) and positive, moderate-magnitude
 355 correlations with AW (0.30 for both), as shown in Table 3. These results suggest that such
 356 adjustments are effective in decoupling muscularity from skeletal body structure (height),
 357 while maintaining a favorable genetic association with body weight.

358 The most pronounced contrast, however, was observed for REA100. This measure
 359 showed negative genetic correlations with RH (-0.50) and AW (-0.23), indicating that
 360 selection for increased REA100 would tend to reduce body size and weight. This pattern is
 361 consistent with the theoretical rationale underlying the development of adjusted measures:
 362 the search for muscularity indicators that are not positively associated with body size,
 363 thereby enabling the selection of animals that are more efficient in converting body weight
 364 into muscle.

365 Phenotypic correlations (Table 3, below the diagonal) reinforce these findings, with
 366 REA100 showing moderate negative associations with RH (-0.27) and AW (-0.48), whereas
 367 unadjusted REA maintained positive phenotypic correlations with both body size measures.

A key finding is that the proposed adjustment methodologies (REA100c and REA300) reduced the observable phenotypic association between muscularity and body weight, consistent with the objective of establishing selection criteria for muscularity and carcass yield that are independent of body size.

Discussion

The higher mean values of REA and its adjusted forms observed in males compared to females confirm the characteristic sexual dimorphism of the species (Table 1). This pattern is consistently attributed to the action of androgenic hormones, particularly testosterone, which promote protein anabolism and result in greater deposition of muscle tissue and total body mass in males (Lima et al., 2016). The magnitude of these differences may also reflect the historical selection of *Curraleiro Pé-Duro* cattle, traditionally raised in extensive systems with minimal human intervention (Rocha-Silva et al., 2023).

The evaluation of muscularity using absolute REA measures, although informative, presents limitations due to its strong dependence on body weight. As shown in Table 1, absolute REA values were higher than those obtained using REA100 and REA100c adjustments but lower than REA300 values in females. This variation highlights that unadjusted evaluation may introduce significant bias, as phenotypic expression is strongly influenced by non-genetic factors such as developmental stage (Crews and Kemp, 2001).

The reversal observed when considering adjusted means (REA100c), with females outperforming males (23.5 cm² vs. 20.4 cm²), indicates that, on a body weight-adjusted scale, adult females exhibited greater relative muscularity in the present study (Table 1). The mean REA adjusted to 100 kg body weight (REA100) was lower than values typically reported in the literature. This discrepancy may be attributed to the heterogeneity of the

391 analyzed population, composed of adult animals of varying ages, differing from the usual
392 reference population of younger animals.

393 The mean REA100 was consistently lower than the averages obtained using
394 REA100c and REA300 (Table 1). This reflects the inversely proportional relationship
395 established by the traditional methodology: as body weight increases, REA100 tends to
396 decrease. This phenomenon limits the representativeness of REA100 as an accurate
397 indicator of the true genetic expression of muscularity and carcass yield, as noted by
398 Luchiari Filho (2000) and Marestone et al. (2022).

399 One of the key findings of this study was the discrepancy between REA100 and
400 REA100c values within the same group of animals (Table 1). Although both metrics
401 nominally represent adjustments of ribeye area to a standardized body weight of 100 kg, the
402 resulting values differ substantially. In males, mean REA100 was $13.0 \pm 3.6 \text{ cm}^2$, whereas
403 REA100c reached $20.4 \pm 4.0 \text{ cm}^2$, representing a difference of 7.4 cm^2 (a 56.9% increase).
404 In females, this disparity was even more pronounced: REA100 averaged $12.7 \pm 3.3 \text{ cm}^2$,
405 compared to $23.5 \pm 5.4 \text{ cm}^2$ for REA100c, a difference of 10.8 cm^2 , corresponding to an
406 85.0% increase.

407 This discrepancy demonstrates that the traditional methodology and the approach
408 proposed in this study, although sharing the same nominal objective, operate under
409 fundamentally different mathematical and biological principles. REA100, based on the
410 model of Bergen et al. (1997), applies a simple linear relationship that tends to penalize
411 heavier animals, artificially compressing values and potentially underestimating the true
412 potential of the trait. In contrast, REA100c, proposed herein, employs an adjustment model
413 that preserves the biological dimensionality of the trait, maintaining the original REA scale
414 and likely providing a more accurate representation of muscle phenotypic expression.

415 A particularly relevant aspect is that females exhibited a substantially greater
416 percentage increase (85.0%) compared to males (56.9%). This difference suggests that the
417 traditional methodology (REA100) disproportionately penalizes females. A plausible
418 explanation for this bias lies in the lower average body weight of females relative to males.
419 When applying a linear weight-based adjustment, females are more severely affected by the
420 inherent penalization of the traditional model, resulting in artificially reduced values. In this
421 context, REA100c emerges not only as a methodological refinement but also as a potentially
422 more equitable criterion for direct comparison of muscular potential between sexes,
423 eliminating bias that could compromise the accuracy of genetic selection and performance
424 evaluation.

425 The adoption of the proposed adjustments (REA100c and REA300) may enhance
426 the essential standardization required for comparisons among individuals at different
427 developmental stages and body weights, minimizing biases associated with differences in
428 physiological maturity. These adjustments aim to harmonize the measurement scales of
429 REA (cm²) and body weight (kg), effectively transforming a three-dimensional measure
430 (weight) into a two-dimensional scale (Marestone et al., 2022). In this sense, the adjusted
431 measures (REA100c and REA300) not only align dimensional units but also promote a more
432 accurate association between ribeye area and body weight, supporting their use as more
433 robust reference indicators of muscularity for genetic selection.

434 The mean values of REA300 were substantially closer to those of unadjusted REA
435 (Table 1). This proximity suggests that, under the proposed adjustments, REA300 more
436 accurately reflects the morphology and muscular potential of *Curraleiro Pé-Duro* cattle. This
437 biological relevance is further supported by the fact that the average adult body weight of
438 the studied population is close to 300 kg, making REA300 a more appropriate and
439 meaningful parameter for evaluating this trait.

Heritability for ribeye area (REA) was of moderate to high magnitude ($h^2 = 0.48$; Table 2). This result indicates that a substantial proportion of the observed phenotypic variance in REA is attributable to additive genetic factors, suggesting strong potential for genetic improvement through selection. In a comparative study with Nellore cattle, Pinheiro et al. (2011) reported heritability estimates for REA ranging from 0.33 to 0.46, values close to those observed in the present study which reinforce the consistency of these findings.

Heritability estimates for the adjusted carcass traits were moderate: 0.21 for REA100, 0.32 for REA100c, and 0.31 for REA300 (Table 2). These results suggest that genetic progress through selection is feasible for these traits, although environmental effects still exert a significant influence on the observed performance. The lower estimate for REA100 (0.21) indicates that this specific adjustment captures a smaller proportion of additive genetic variance, likely due to its strong dependence on body weight and greater sensitivity to temporary environmental factors. In this context, the implementation of integrated environmental management strategies alongside genetic selection becomes essential (Oliveira et al., 2017).

Heritability values reported in the literature for REA100 have been consistently classified as moderate to high. In beef cattle, previous studies have reported estimates ranging from 0.22 to 0.42 for Zebu and composite breeds such as Nellore and Canchim (Yokoo et al., 2009; Marestone et al., 2022). The results obtained in this study, together with those reported in the literature, reinforce the substantial genetic contribution to the determination of REA100 and, by extension, other adjusted carcass traits.

In a comparative study with Nellore cattle, Soares et al. (2024) reported a higher heritability estimate for REA (0.42), suggesting that additive genetic effects may exert an even stronger influence on carcass yield in other breeds. Differences between the heritability estimates observed here and those reported in the literature may be attributed to variations

465 in the genetic background of the populations, production environments, and measurement
466 methodologies.

467 To date, no studies have reported heritability estimates for ribeye area using the
468 specific methodologies proposed in this research (REA100c and REA300). This gap
469 highlights the originality and methodological contribution of the present study, particularly in
470 the context of a native breed such as *Curraleiro Pé-Duro* cattle, for which genetic studies
471 remain limited (Freitas et al., 2022b; Rocha-Silva et al., 2023).

472 The importance of adjusting carcass traits for body weight is supported by previous
473 studies. Marestone et al. (2022) reported a heritability estimate of 0.38 for REA adjusted to
474 an animal unit (AU = 450 kg) in Nellore cattle. Although based on a different adjustment
475 weight, this finding reinforces the fundamental premise that standardizing traits relative to
476 body weight is essential for achieving more accurate comparisons among individuals.

477 Heritability estimates for AW ($h^2 = 0.48$) and RH ($h^2 = 0.51$) were high in magnitude
478 (Table 2). These results indicate that a substantial proportion of the phenotypic variation
479 observed among individuals is attributable to additive genetic variability. Consequently, such
480 magnitudes reinforce the potential for significant genetic gain through individual selection
481 for these traits (Lopes et al., 2012). In the literature, heritability estimates for body weight in
482 beef cattle show considerable variation, generally ranging from 0.22 to 0.45 (Yokoo et al.,
483 2009; Koetz Junior et al., 2019; Freitas et al., 2022a; Marestone et al., 2022), placing the
484 findings of this study within the expected range for the evaluated population.

485 Genetic correlations among the different expressions of ribeye area revealed distinct
486 patterns depending on the type of adjustment applied (Table 3). Positive and high-
487 magnitude genetic correlations were observed between unadjusted REA and the adjusted
488 measures proposed in this study, indicating that, to a large extent, the same genes control
489 muscularity expressed in both absolute and relative terms when these adjustments are

490 used. This pattern was even more pronounced among the adjusted measures themselves:
491 the genetic correlation between REA100c and REA300 was virtually perfect (1.00; Table 3),
492 suggesting that, from a genetic perspective, these two traits provide equivalent information
493 on relative muscularity, differing only in the adjustment constant (100 kg vs. 300 kg). This
494 equivalence arises from the adjustment methodology employed, which standardizes the
495 relationship between REA and body weight using the same mathematical framework.

496 In contrast, the genetic correlation between unadjusted REA and REA100 (Bergen et
497 al., 1997) was moderate (0.34; Table 3). This finding indicates that REA100 captures a
498 partially distinct genetic dimension compared to unadjusted REA, suggesting that selection
499 based on one or the other criterion may lead to divergent genetic responses in terms of
500 muscularity and its association with body size.

501 In the literature, correlations between REA and REA100 have generally been positive
502 and higher than those reported in this study. Marestone et al. (2022) reported a correlation
503 of 0.45 between REA and REA100 in Nellore cattle. Similarly, Yokoo et al. (2009) found
504 positive and moderately high coefficients (0.68 to 0.85) when analyzing different Zebu
505 breeds. The lower magnitude observed in *Curraleiro Pé-Duro* cattle may reflect specific
506 features of the breed's genetic architecture, possibly associated with its history of natural
507 selection under challenging environmental conditions.

508 Phenotypic correlations among muscularity measures (Table 3, below the diagonal)
509 followed a pattern similar to genetic correlations, although with slightly lower magnitudes.
510 Notably, high phenotypic correlations were observed between REA100c and REA300
511 (0.93), as well as between these measures and REA100 (0.92 to 0.95), reflecting the strong
512 linear relationships inherent to the adjustment procedures.

513 Genetic correlations between muscularity measures and body size traits (rump height
514 and adult weight) revealed important contrasts across evaluation criteria (Table 3), with
515 direct implications for the design of selection strategies.

516 The genetic correlation between REA and adult weight (AW) (0.68) was positive and
517 of moderate magnitude, indicating a strong genetic association between these traits (Table
518 3). These values are consistent with those reported in the literature (Prado et al., 2006; Lima
519 Neto et al., 2009; Marestone et al., 2022). However, direct selection for increased REA not
520 only promotes greater muscularity but also tends to result in animals with higher body weight
521 and, consequently, larger body size. This outcome may have indirect effects on production
522 systems, as larger animals generally have higher nutritional requirements for maintenance
523 and growth, increasing feeding costs and potentially reducing overall system efficiency
524 (Marestone et al., 2022). For native breeds such as the *Curraleiro Pé-Duro* cattle, historically
525 raised under seasonal feed restrictions (Rocha-Silva et al., 2023), increases in body size
526 may compromise the very traits of hardiness and adaptability that make these genetic
527 resources valuable.

528 The genetic correlations observed between REA100 and AW (-0.23) and between
529 REA100 and RH (-0.50) were negative and of low to moderate magnitude (Table 3). These
530 results can be largely explained by the nature of the REA100 adjustment itself, which makes
531 this indicator inversely proportional to body weight. Consequently, animals with greater
532 absolute muscularity, expressed by higher REA and, therefore, greater body weight, may
533 exhibit lower REA values when adjusted to 100 kg body weight (REA100), limiting its
534 effectiveness as an indicator of true genetic expression of muscularity.

535 This pattern is consistent with previous findings: animals of similar conformation and
536 size tend to gain weight at a proportionally greater rate than REA, resulting in a decrease in
537 REA100 values without any actual change in muscularity (Marestone et al., 2022). Earlier

538 studies have also reported negative genetic correlations between REA100 and body weight
539 (Turner et al., 1990; Bergen et al., 1997; Rodrigues et al., 2010), supporting the results of
540 the present study.

541 The genetic correlations observed between REA100c, REA300, and body size traits
542 (0.00 with RH and 0.30 with AW) represent one of the most relevant findings of this study
543 for practical breeding applications (Table 3). These results indicate the possibility of
544 selecting animals with improved carcass yield without promoting substantial changes in
545 body size, given the near-neutral behavior of these correlations. Specifically, the null
546 correlation with RH suggests that selection based on REA100c or REA300 would not alter
547 skeletal structure, allowing maintenance of body conformation adapted to tropical
548 environments. The positive but low correlation with AW indicates that improvements in
549 relative muscularity may be accompanied by modest increases in weight, but without the
550 magnitude observed for unadjusted REA.

551 The REA100 trait is genetically identical or nearly identical to the proposed measures
552 (REA100c and REA300), yet it behaves in a diametrically opposite manner in relation to
553 body size. This apparent contradiction arises from the fundamentally different nature of the
554 adjustment methods. The near-perfect genetic correlations among these traits indicate that
555 the same set of genes controls ribeye area expression, regardless of the adjustment
556 methodology used. However, the way these genes are expressed phenotypically is
557 modulated differently depending on the mathematical standardization procedure applied.

558 In this context, REA100, which is calculated using a simple linear model that adjusts
559 ribeye area to a fixed body weight, inherently embeds an inverse relationship with body
560 weight. In practical terms, heavier animals tend to have their ribeye area values penalized
561 by the traditional model, resulting in artificially lower adjusted values. This intrinsic feature
562 of the calculation leads REA100 to produce spurious negative genetic correlations with body

size traits, even when the underlying biological relationship between muscularity and body weight is positive or neutral.

This finding has critical implications for the interpretation of the existing literature and for the definition of genetic selection criteria. It demonstrates that REA100, although widely used in scientific studies and breeding programs, may provide a distorted view of the genetic relationships between muscularity and body size. By masking the true underlying positive association between these traits, the traditional methodology may have led, over time, to misinterpretations and potentially suboptimal selection decisions. In contrast, the newly proposed measures, by preserving the biological dimensionality of the trait or adopting more appropriate reference standards, appear more suitable for accurately describing the genetic architecture of muscularity and its true associations with body size.

Thus, the proposed model represents a relevant methodological advancement, enabling the selection of genetically superior animals for carcass traits while optimizing meat yield without compromising the sustainability and efficiency of production systems. Similar findings were reported by Marestone et al. (2022), who proposed a measure adjusted to an animal unit, demonstrating the feasibility of decoupling gains in muscularity from increases in total body weight.

Although animal breeding programs predominantly rely on unadjusted ultrasonographic measures (REA) as selection criteria, the results of this study demonstrate that adopting adjusted measures represents a necessary methodological evolution, particularly for native breeds such as the *Curraleiro Pé-Duro* cattle, which are raised under challenging environmental conditions and increasing pressure from climate change.

Unadjusted REA inherently carries a scale effect: larger and heavier animals will naturally exhibit greater ribeye area. Therefore, selecting based on unadjusted REA does not necessarily identify animals that deposit more muscle relative to carcass size, but rather

588 those that are structurally larger. The concept underlying the use of adjusted measures
589 (REA100c and REA300), as proposed in this study, is to function as a filter that removes the
590 confounding effect of body size, allowing breeding programs to identify individuals that truly
591 possess genetic potential for enhanced muscle deposition, regardless of their overall size.

592 The adjusted models REA100c and REA300 enable a more precise distinction
593 between true muscularity and body weight, making these measures less susceptible to the
594 confounding effects of animal size (Table 3). By standardizing muscularity using a consistent
595 mathematical framework, albeit at different reference weights, additional variation among
596 measures is reduced. Therefore, the results highlight the importance of methodological
597 adjustments to assess muscularity more independently of body weight, despite the
598 widespread use of REA100 in the literature (Marestone et al., 2022; Suguisawa et al., 2015;
599 Yokoo et al., 2009).

600 The criteria based on ribeye area adjusted to 100 kg body weight (REA100c) and to
601 300 kg (REA300) demonstrated genetic equivalence for selection purposes, as evidenced
602 by the high genetic correlation between these traits (1.00; Table 3). This equivalence
603 indicates that both measures capture the same underlying genetic information related to
604 muscularity. However, the adoption of REA100c is recommended as the standard criterion
605 for breeding programs in *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

606 The recommendation to adopt REA100c is based on three key factors. First, ease of
607 implementation: REA100c maintains dimensional values close to the widely used REA100
608 metric, facilitating interpretation and adoption by professionals and farmers. Second,
609 comparability: standardization at 100 kg body weight enables comparisons among animals
610 of different categories and ages, improving genetic evaluation throughout animal
611 development. Third, preservation of the adapted biotype: the null genetic correlation with
612 rump height ensures that selection for improved muscular efficiency does not compromise

the body structure that confers adaptation to harsh tropical conditions, an essential attribute for the conservation and valorization of this breed.

Studies on the genetic structure of *Curraleiro Pé-Duro* cattle indicate that the breed retains substantial genetic variability (observed heterozygosity of 0.74), with most variation occurring within herds (98.5%) and low differentiation among populations (Rocha-Silva et al., 2023). This scenario is favorable for the implementation of breeding programs based on the criteria proposed here, as it indicates sufficient genetic diversity to support selection response and the potential for disseminating genetic gains across herds.

Additionally, the conservation of native breeds such as the *Curraleiro Pé-Duro* cattle has gained global relevance in the context of food security and the preservation of genetic resources, as these populations represent reserves of adaptive alleles for traits such as disease resistance, feed efficiency, and tolerance to environmental stress (Freitas et al., 2022b; Rocha-Silva et al., 2023). Selection for relative muscularity, as proposed in this study, aligns with this objective by promoting productivity without compromising adaptation.

This approach integrates methodological innovation with practical applicability, enhancing the likelihood of field adoption and contributing to the recognition and valorization of the first cattle breed developed in Brazil (Rocha-Silva et al., 2023).

Heritability estimates obtained for unadjusted ribeye area (REA) and its adjusted measures confirm the existence of sufficient additive genetic variability to support selection for muscularity in *Curraleiro Pé-Duro* cattle, enabling genetic improvement of carcass yield in this population.

Selection based solely on unadjusted REA leads to undesirable increases in body size, which contradicts the goal of preserving the breed's adaptive efficiency. In contrast, the proposed REA adjustments effectively decouple gains in muscularity from increases in body size.

638 The evaluated adjustment methodologies proved to be more suitable than the
639 traditional approach for selecting relative muscularity in *Curraleiro Pé-Duro* cattle. The
640 genetic equivalence between REA100c and REA300 indicates that both capture the same
641 underlying genetic information, supporting the recommendation of REA100c as the
642 preferred selection criterion due to its dimensional compatibility with established metrics,
643 thereby facilitating its practical implementation in breeding programs.

644 **Ethics approval**

645 All experiments and procedures were conducted with approval from the Animal Ethics
646 Committees (CEUA) of Embrapa (Certificate No. 03/2023) and the Federal University of
647 Piauí (UFPI; Approval No. 683/21), respectively.

648 **Data and model availability statement**

649 The data were not deposited in a public repository but are available from the authors upon
650 reasonable request.

651 **Declaration of generative AI and AI-assisted technologies in the writing process**

652 During the preparation of this manuscript, the authors did not use any generative AI or AI-
653 assisted technologies.

654 **Author ORCIDs**

655 Alan Oliveira do Ó <https://orcid.org/0000-0002-2826-6906>.

656 José Lindenberg Rocha Sarmiento <https://orcid.org/0000-0002-4215-1515>.

657 Alexandre Floriani Ramos <https://orcid.org/0000-0002-9668-8529>.

658 Geraldo Magela Cortes Carvalho <https://orcid.org/0000-0001-7719-9837>.

659 Gleyson Vieira dos Santos <https://orcid.org/0000-0003-3351-0632>.

660 Lucas Macêdo Santos Basílio <https://orcid.org/0000-0003-1165-4352>.

661 José Maria Vanderley da Silva <https://orcid.org/0009-0008-7540-8517>.

662 Natanael Pereira da Silva Santos <https://orcid.org/0000-0002-7538-5000>.

663 **Declaration of interest**

664 The authors declare no conflict of interest.

665 **Acknowledgements**

666 Federal University of Piauí, Federal Institute of Piauí, Embrapa Genetic Resources,
667 Embrapa Mid-North, Brazilian Association of *Curraleiro Pé-Duro* Cattle Breeders, National
668 Council for Scientific and Technological Development (CNPq). Coordination for the
669 Improvement of Higher Education Personnel - CAPES (ROR identifier: 00x0ma614)

670 **Financial support statement**

671 Financial support was provided by the National Council for Scientific and Technological
672 Development (CNPQ), the financial and institutional support, specifically through the Call
673 CNPq/MCTI No. 10/2023 - Category B.

674 The Article Processing Charge (APC) for this publication was funded by the Coordination
675 for the Improvement of Higher Education Personnel - CAPES (ROR identifier: 00x0ma614).

676 For the purpose of open access, the authors have applied a Creative Commons Attribution
677 (CC BY) license to any Author Accepted Manuscript version arising from this submission.

678 **References**

- 679 Bergen, R.D., Mckinnon, J.J., Christensen, D.A., Kohle, N., Belanger, A., 1997. Use of real-time
680 ultrasound to evaluate live animal carcass traits in young performance-tested beef bulls.
681 Journal of Animal Science 75, 2300-2307.
- 682 CREWS, D.H., KEMP, R.A., 2001. Genetic parameters for ultrasound and carcass measures of
683 yield and quality among replacement and slaughter beef cattle. Journal of Animal Science
684 79, 3008-3020.
- 685 Freitas, T.C., Ventura, H.T., Silva, F.F., Veroneze, R., Costa, E.V., Silva, D.A., Marques, D.B.D.,
686 Lopes, P.S., 2022a. Genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in
687 Tabapuã cattle. Revista Brasileira de Zootecnia 51, e20210188.
- 688 Freitas, T.M.S., Dias, J.M., Veríssimo, A.C.F., Lobo, J.R., Costa, G.L., Moura, M.I., Landi, V.,
689 Martínez, A.M., Carmo, A.S., Fioravanti, M.C.S., 2022b. Population Structure of Curraleiro
690 Pé-Duro Cattle and its Relationship With the Serological Profile Against Pathogens of
691 Economic and Zoonotic Interest. Frontiers in Genetics 13, 872660.
- 692 Geneplus, 2026. Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte: Sumário de Touro da
693 Raça Nelore Genômica – Janeiro/2026. Retrived on March 03, 2026
694 <https://gppluson.geneplus.com.br/publico/sumario/1>
- 695 Koetz Junior, C., Roso, V.M., Fávaro, P.C., Pereira, G.R., Borges, M.H.F., Barca Junior, F.A.,
696 Barcellos, J.O.J., Ribeiro, E.L.A., 2019. Heritability estimation and genetic correlations for
697 mature weight, visual scores, and growth traits in Nellore cattle. Revista Brasileira de
698 Zootecnia 48, e20170246.
- 699 Lima Neto, H.R., Bergmann, J.A.G., Gonçalves, T.M., Araújo, F.R.C., Bezerra, L.A.F., Saiz,
700 R.D., Lôbo, R.B., Silva, M.A., 2009. Parâmetros genéticos para características de carcaça
701 avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá. Arquivo Brasileiro de Medicina
702 Veterinária e Zootecnia 61(1), 251-258.
- 703 Lima, C.C., Dullius, J.L., Moreira, P.S., 2016. Crescimento de bezerros lactantes da raça Nelore
704 suplementados com cromo. Scientific Electronic Archives 9, 5.

- 705 LOPES, F.B., MAGNABOSCO, C.U., PAULINI, F., SILVA, M.C., MIYAGI, E.S., LOBO, R.B., 2012.
 706 Analysis of longitudinal data of Nellore cattle from performance test of young bulls using
 707 random regression models. *Revista Brasileira de Zootecnia* 41, 1657-1665.
- 708 Luchiari Filho, A.A., 2000. *Pecuária da carne bovina*. LinBife, São Paulo.
- 709 Marestone, B.S., Torres Junior, R.A.A., Silva, L.O.C., Menezes, G.R.O., Muniz, C.A.S.D., Ribeiro,
 710 E.L.A., 2022. Genetic parameters for tradicional and móvel ultrasound carcass traits in
 711 Nellore cattle. *Tropical Animal Health and Production* 54, 34.
- 712 Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D.A.L., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z.G., 2014. Manual for
 713 BLUPF90 family of programs. University of Georgia, USA.
- 714 Oliveira, H.R., Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.S., Siqueira,
 715 O.H.G.B.D., Silva, F.F., 2017. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for
 716 reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model.
 717 *Animal Production Science* 58(9), 1575-1583.
- 718 Paula, E.J.H., Martins, E.N., Oliveira, C.A.L., Magnabosco, C.U., Sainz, R.D., Geron, L.J.V., Souza
 719 Neto, E.L., Porto, E.P., Miguel, G.Z., 2015. Associations between reproductive and carcass
 720 traits in Nellore. *Semina: Ciências Agrárias* 36, 4423–4434.
- 721 Pinheiro, T.R., Mercadante, M.E., Albuquerque, L.G., Cyrillo, J.N., Branco, R.H., 2011. Phenotypic
 722 and genetic parameters compared during repeated measures of longissimus muscle area
 723 and subcutaneous fat thickness in Nelore cattle. *Genetics and Molecular Research* 10(4),
 724 2944-2952.
- 725 PMGZ, 2026. Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos: Sumário Raça Nelore. Retrieved
 726 on March 03, 2026.
 727 https://www.abczstat.com.br/comunicacoes/sumario/apresentacao/raca_nelore.pdf.
- 728 Prado, C.S., Pádua, J.T., Chediak Corrêa, M.P., Ferraz, J.B.S., Miyagi, E.S., Resende, L.S., 2006.
 729 Comparação de diferentes métodos de avaliação da área de olho de lombo e cobertura de
 730 gordura em bovinos de corte. *Ciência Animal Brasileira* 5(3), 141-148.

- 731 Rocha-Silva, M., Sarmiento, J.L.R., Britto, F.B., Nascimento, G.V., Silva, L., Carvalho, G.,
732 Medeiros, G.R., 2023 . A primeira raça bovina brasileira: estrutura e diversidade genética do
733 Curraleiro Pé-duro. PeerJ 11, e14768.
- 734 Rodrigues, E., Arrigoni, M.B., Jorge, A.M., Bianchini, W., Martins, C.L., Andrighetto, C., 2010.
735 Crescimento dos tecidos muscular e adiposo de fêmeas bovinas de diferentes grupos
736 genéticos no modelo biológico superprecoce. Revista Brasileira de Zootecnia 39, 625-632.
- 737 Soares, B.B., Brunes, L.C., Baldi, F., Do Carmo, A.A., Pereira, L.S., Carvalho, R.A., Marciso, M.G.,
738 Amorim, S.T., Sainz, R.D., Magnabosco, C.U., 2024. Genetic parameters for visual scores,
739 growth and carcass traits in Nellore cattle. Anais Academia Brasileira de Ciência 96(1),
740 e20230010.
- 741 Suguisawa, L., Mattos, W.R.S., Oliveira, H.N., Silveira, A.C., Arrigoni, M.B., Souza, A.A., 2006.
742 Correlações simples entre as medidas de ultra-som e a composição da carcaça de bovinos
743 jovens. Revista Brasileira de Zootecnia 35, 169-176.
- 744 Suguisawa, L., Matos, B.C., Suguisawa, J.M., 2013. Uso da ultrassonografia na avaliação de
745 características de carcaça e qualidade de carne. In Rosa, A.N., Martins, E.N., Menezes,
746 G.R.O., Silva, L.O.C., 2013. Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa
747 Geneplus (Embrapa), Brazil, p. 97–107.
- 748 Turner, J.W., Pelton, L.S., Cross, H.R., 1990. Using live animal ultrasound measures of ribeye
749 area and fat thickness in yearling Hereford bulls. Journal of Animal Science 68, 3502-3506.
- 750 Vanraden, P.M., 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. Journal of Dairy Science
751 91(11), 4414-4423.
- 752 Visser, C., 2025. The impact of genetic selection for increased production on fitness traits of small
753 ruminants. Small Ruminant Research 247(107491), 1-8.
- 754 Yokoo, M.J.I., Werneck, J.N., Pereira, M.C., Albuquerque, L.G., Koury Filho, W., Sainz, R.D.,
755 Lobo, R.B., Araujo, F.R.C., 2009. Genetic correlations between visual scores and carcass
756 traits measured by real-time ultrasound in beef cattle. Pesquisa Agropecuária Brasileira 44,
757 197-202.

Table 1

Descriptive statistics for carcass traits measured by ultrasonography in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle, stratified by sex.

Sex	Trait	N	Mean $\pm$ SD	Minimum	Maximum	CV (%)
Male	REA (cm ²)	110	46.6 $\pm$ 9.5	22.8	74.5	20.3
	REA100 (cm ²)	110	13.0 $\pm$ 3.6	5.5	29.9	27.5
	REA100c (cm ²)	110	20.4 $\pm$ 4.0	8.9	39.6	20.5
	REA300 (cm ²)	110	41.6 $\pm$ 8.5	18.5	82.4	20.5
	RH (cm)	138	119.3 $\pm$ 6.5	100.0	136.0	5.6
	AW (kg)	156	367.4 $\pm$ 98.7	159.0	640.0	26.9
Female	REA (cm ²)	798	31.6 $\pm$ 8.0	10.8	54.7	25.4
	REA100 (cm ²)	798	12.7 $\pm$ 3.3	4.9	24.5	26.1
	REA100c (cm ²)	798	23.5 $\pm$ 5.4	5.4	30.0	23.5
	REA300 (cm ²)	798	48.1 $\pm$ 8.4	16.6	62.4	23.5
	RH (cm)	700	113.4 $\pm$ 5.0	95.0	135.0	5.0
	AW (kg)	1019	260.1 $\pm$ 57.0	101.5	450.0	21.9

Abbreviations: REA = ribeye area; REA100 = ribeye area adjusted to 100 kg body weight (Bergen et al., 1997); REA100c = ribeye area adjusted to 100 kg body weight (proposed method); REA300 = ribeye area adjusted to 300 kg body weight; RH = rump height; AW = adult body weight.

Table 2

Estimate means of additive genetic variance (σ_{α}^2), residual variance (σ_e^2), phenotypic variance (σ_p^2), and heritability (h^2) for carcass and body size traits in *Curraleiro Pé-Duro* cattle, estimated using Bayesian inference.

Trait	σ_{α}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
REA	15.6	17.2	32.9	0.48
REA100	1.2	4.6	5.9	0.21
REA100c	2.6	5.6	8.1	0.32
REA300	11.2	24.4	35.6	0.31
RH	9.6	9.4	19.0	0.51
AW	694.2	747.5	1441.7	0.48

Abbreviations: REA = ribeye area; REA100 = ribeye area adjusted to 100 kg body weight (Bergen et al., 1997); REA100c = ribeye area adjusted to 100 kg body weight (proposed method); REA300 = ribeye area adjusted to 300 kg body weight; RH = rump height; AW = adult body weight.

Table 3

Estimates of genetic correlations (above the diagonal) and phenotypic correlations (below the diagonal) among carcass traits measured by ultrasonography and body size traits in *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

Trait	REA	REA100	REA100c	REA300	RH	AW
REA	-	0.34	0.92	0.85	0.37	0.68
REA100	0.52	-	1.00	0.98	-0.50	-0.23
REA100c	0.53	0.95	-	1.00	0.00	0.30
REA300	0.53	0.92	0.93	-	0.00	0.30
RH	0.18	-0.27	-0.16	-0.14	-	0.80
AW	0.30	-0.48	-0.14	-0.14	0.59	-

Abbreviations: REA = ribeye area; REA100 = ribeye area adjusted to 100 kg body weight (Bergen et al., 1997); REA100c = ribeye area adjusted to 100 kg body weight (proposed method); REA300 = ribeye area adjusted to 300 kg body weight; RH = rump height; AW = adult body weight.

CAPÍTULO II

**Genomic parameters reveal favorable genetic associations among carcass traits in Curraleiro
Pé-Duro cattle.**

Estimativas genômicas de herdabilidade e correlações entre características de carcaça e tamanho em bovinos Curraleiro Pé-Duro

Alan Oliveira do Ó

Resumo: O objetivo com esta pesquisa foi estimar parâmetros genéticos para características de carcaça e medidas de tamanho corporal em bovinos adultos da raça Curraleiro Pé-Duro. Os dados foram oriundos de 31 fazendas localizadas em diferentes regiões do Brasil, 951 fêmeas e 142 machos adultos e 1.889 foram genotipados com painel 100 k de SNP para construção da matriz de parentesco genômico (matriz G). As características foram mensuradas via ultrassonografia e ajustadas para 100 kg de peso vivo (AOL100c e EGS100c). Os componentes de (co)variância foram estimados por inferência bayesiana, utilizando o *software* GIBBF90+ e o critério de Geweke para avaliar a convergência das cadeias de Gibbs. As estimativas de herdabilidade para AOL (0,38), EGS (0,40) e peso corporal (0,45) foram de magnitude moderada a alta, indicando potencial para seleção. As características ajustadas para (AOL100c: 0,30 e EGS100c: 0,33) também apresentaram herdabilidades moderadas. Entre as medidas de tamanho corporal, destacam-se as herdabilidades para altura da cernelha (0,55) e profundidade torácica (PT: 0,51). Observou-se correlação genética positiva e de alta magnitude entre AOL e EGS (0,78), o valor contrasta com o antagonismo frequentemente relatado na literatura para outras raças, sugerindo um padrão genético distinto em relação a raças comerciais, que merece investigação adicional sob a perspectiva evolutiva e adaptativa. Adicionalmente, verificou-se uma correlação genética positiva de magnitude moderada (0,59) entre EGS e Peso Adulto (PA). Conclui-se que as características avaliadas apresentam variabilidade genética suficiente para a seleção na raça Curraleiro Pé-Duro, e a associação genética favorável entre musculosidade e acabamento permite ganhos simultâneos sem comprometer a manutenção das reservas energéticas dos animais adultos.

Palavras-chave: Bovinos de corte, correlação genética, GIBBF90+, herdabilidade, inferência bayesiana, SNP

Genomic parameters reveal favorable genetic associations among carcass traits in *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

*Alan Oliveira do Ó^{2*}; Geraldo Magela Cortes Carvalho³, Alexandre Floriani Ramos⁴; Natanael Pereira da Silva Santos¹; Gleyson Vieira dos Santos⁵; Luiz Antonio Silva Figueiredo Filho¹; Natália Pereira de Morais¹; José Lindenberg Rocha Sarmiento¹

*<https://orcid.org/0000-0002-2826-6906>; <https://orcid.org/0000-0001-7719-9837>; <https://orcid.org/0000-0002-9668-8529>, <https://orcid.org/0000-0003-3351-0632>; <https://orcid.org/0000-0003-3204-1109>; <https://orcid.org/0009-0007-3990-2211> <https://orcid.org/0000-0002-4215-1515>

¹UFPI, Tropical Animal Science Graduate Program; ²Federal Institute of Education, Science and Technology of Piauí;

³ Embrapa Mid - North ⁴Embrapa Genetic Resources; ⁵Piauí State University

*Corresponding author: alanoliveiradoo@gmail.com

Abstract: The objective of this study was to estimate genetic parameters for carcass traits and body size measurements in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle. Data were collected from 31 farms located across different regions of Brazil, and 1,889 animals were genotyped using a 100K SNP panel to construct the genomic kinship matrix (G matrix). Ribeye area (REA) and subcutaneous fat thickness (SFT) were measured by ultrasonography and adjusted to 100 kg of body weight. (Co)variance components were estimated using Bayesian inference implemented in GIBBSF90+, and convergence of the Gibbs chains was assessed using the Geweke criterion. Heritability estimates for REA (0.38), SFT (0.40), and body weight (0.45) were moderate to high, indicating potential for genetic selection. The adjusted traits also exhibited moderate heritabilities (REA100c: 0.30 and SFT100c: 0.33). Among the body size measurements, withers height (0.55) and thoracic depth (0.51) showed the highest heritability estimates. A strong positive genetic correlation was observed between REA and SFT (0.78). This finding contrasts with the antagonistic relationship commonly reported in the literature for other cattle breeds, suggesting a distinct genetic pattern in *Curraleiro Pé-Duro* cattle that warrants further investigation from evolutionary and adaptive perspectives. Additionally, a moderate positive genetic correlation (0.59) was found between SFT and adult body weight. The evaluated traits exhibited sufficient genetic variability to achieve genetic progress through selection in the *Curraleiro Pé-Duro* breed. The favorable genetic association between muscling and fat deposition allows simultaneous genetic gains without compromising the maintenance of energy reserves in adult animals.

Keywords: beef cattle, genetic correlation, heritability, Bayesian inference, SNP

Implications

The *Curraleiro Pé-Duro* cattle breed is valued for its hardiness and adaptability, although its potential for beef production remains underexplored. The results of this study indicate sufficient genetic variability to promote changes in carcass and body size traits through selection, as evidenced by moderate to high heritability estimates. The favorable genetic correlation between ribeye area and subcutaneous fat thickness demonstrates that simultaneous genetic gains in these traits can be achieved in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle. These findings provide support for the inclusion of this breed in breeding programs, reconciling the conservation of genetic resources with the enhancement of productive performance. The results are relevant to breeders, technical advisors, and policymakers involved in the conservation and sustainable use of native cattle breeds.

Introduction

The beef cattle industry faces the challenge of increasing production efficiency to meet the growing global demand for animal protein. In this context, animal breeding relies on the identification of animals with superior genetic merit for traits that influence carcass yield and biological efficiency, particularly carcass and body size traits (Evangelista et al. 2020; Reis et al. 2024). Animals that stand out for functionality within beef production systems are typically characterized by a well-developed skeletal structure, moderate frame size, evident carcass length and conformation, as well as adequate rib depth and spring (Soares et al. 2024).

Estimates of genetic parameters, such as heritability and genetic correlations, provide the foundation for predicting selection response, enabling the estimation of direct and indirect genetic gains, the calculation of breeding values, and the development of selection indices (Kluska et al. 2018). Therefore, obtaining these estimates using robust methodologies and reliable data is essential for the genetic characterization of populations undergoing selection.

Understanding the relationship between skeletal structure and indicators such as ribeye area (REA) and subcutaneous fat thickness (SFT) allows the identification of biological types that reach physiological maturity more efficiently. Without this knowledge, selection focused exclusively on body size may inadvertently increase maintenance nutritional requirements and delay fat deposition, resulting in less precocious animals and carcasses with insufficient finish to meet industry standards and the requirements for high-quality beef production.

In breeds with a long history of selection, the literature indicates that REA and SFT exhibit distinct associations with body size. In general, animals with larger skeletal structures tend to present greater REA values but may exhibit

lower SFT at a given age due to differences in age, physiological stage, production systems (nutritional management), and breed characteristics (Sugisawa et al. 2013; McPhee et al. 2020).

The current scientific literature lacks genetic parameter estimates for native cattle populations such as the *Curraleiro Pé-Duro* breed. Although this breed possesses considerable adaptive value, no studies have reported genetic parameters for carcass and body size traits. This knowledge gap hinders the development of breed-specific selection indices as well as the prediction of breeding values that simultaneously account for the breed's inherent adaptability and its potential for high-quality beef production.

Knowledge of the genetic associations between carcass and body size traits makes it possible to determine whether selection for increased carcass yield can be achieved without altering the breed's average body structure, ensuring that genetic progress in carcass performance does not occur at the expense of hardiness and moderate body size, which are essential adaptive characteristics for survival in semi-arid environments. Understanding these relationships will provide valuable insights for identifying biological types that combine the breed's inherent resilience with competitive productive performance, thereby enhancing the value of this native genetic resource.

Therefore, the objective of this study was to estimate genomic-based genetic parameters (heritability values and genetic correlations) for carcass traits and body size measurements in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle in order to support the development of selection strategies capable of improving productive performance without compromising the breed's hardiness.

Materials and Methods

The data analyzed in this study were obtained from a database developed within the framework of the project “Conservation, Characterization, and Development of the *Curraleiro Pé-Duro* Breed”, conducted by Embrapa Mid-North and Embrapa Genetic Resources and Biotechnology in partnership with the Brazilian Association of *Curraleiro Pé-Duro* Cattle Breeders (ABCPD) and the Federal University of Piauí (UFPI), with financial support from the National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) through the project “Genetic Management of *Curraleiro Pé-Duro* Cattle Aimed at the Development and Selection of Economically Important Traits”. The study was approved by the Animal Ethics Committees (CEUA) of Embrapa (Certificate No. 03/2023) and UFPI (Protocol No. 683/21).

The study was conducted between 2023 and 2025 through technical visits to 31 farms located in the North, Northeast, and Central-West regions of Brazil, covering the main breeding nuclei of the *Curraleiro Pé-Duro* breed affiliated with ABCPD. The final database included 2,895 registered animals, of which 1,663 had records for ribeye area

(REA), 2,529 had body weight records, 2,149 had rump height records, and 1,653 had subcutaneous fat thickness (SFT) measurements. Additionally, 1,889 animals were genotyped using the GGP Bovine 100K SNP panel (Neogen).

Blood samples were collected in vacuum tubes containing EDTA. Samples were kept refrigerated on ice and transported to Embrapa Genetic Resources and Biotechnology, where they were processed and subsequently submitted for genotyping.

Carcass traits, namely ribeye area (REA) and subcutaneous fat thickness (SFT), were measured in the *Longissimus dorsi* muscle between the 12th and 13th ribs using an Aloka SSD-500 ultrasound scanner equipped with a 3.5-MHz linear-array transducer. To optimize image quality, a stand-off pad and vegetable oil were used as acoustic coupling media. Images were digitally stored and subsequently analyzed using ImageJ software version 1.54 (Rasband 2018), allowing precise determination of REA (cm²) and SFT (mm).

The body size traits evaluated were: withers height (WH, cm), defined as the vertical distance from the highest point of the withers to the ground, measured perpendicular to the floor using a measuring stick; rump height (RH, cm), defined as the vertical distance from the midpoint of the sacrum to the ground, measured perpendicular to the floor using a measuring stick; body length (BL, cm), measured as the horizontal distance between the point of the shoulder (scapulohumeral joint) and the pin bone using a non-elastic measuring tape kept parallel to the ground; thoracic circumference (TC, cm), measured immediately caudal to the scapula (approximately between the fourth and fifth intercostal spaces) using a non-elastic measuring tape; thoracic depth (TD, cm), defined as the vertical distance from the dorsal line at the level of the withers to the most ventral point of the sternum, measured perpendicular to the floor using a measuring stick; thoracic depth-to-withers height ratio (TD/WH, %), calculated as TD divided by WH and multiplied by 100; and rump angle (RA, degrees), measured using a goniometer between the last lumbar vertebra and the first sacral vertebra.

The REA and SFT measurements were adjusted to 100 kg of body weight, using equations developed by the authors and adapted from the methodology proposed by Marestone et al. (2022), considering the smaller body size of the *Curraleiro Pé-Duro* breed, as follows:

$$REA_{100c} = REA_x \left(\sqrt[3]{\frac{100}{Weight}} \right)^2, \quad SFT_{100c} = SFT_x \left(\sqrt[3]{\frac{100}{Weight}} \right)^2$$

where REA_{100c} and SFT_{100c} represent ribeye area (REA) and subcutaneous fat thickness (SFT) adjusted to a standard body weight of 100 kg, expressed in cm² and mm, respectively.

For phenotypic data editing and consistency, only animals with complete records for year of birth, farm, sex, and age at data collection were retained for subsequent analyses. Contemporary groups were defined based on the following fixed effects: animal sex (male or female), year of data collection (2023 to 2025), and farm (1 to 31). Animal

age at the time of measurement was included in the model as a covariate (linear effect). Records with values exceeding ± 3 standard deviations from the mean of their respective contemporary group were excluded.

Genomic quality control was performed using R software (version 4.5.2). Single nucleotide polymorphisms (SNPs) located on unknown genomic positions or non-autosomal chromosomes were removed ($n = 1,192,401$). Markers with a minor allele frequency (MAF) lower than 0.05 ($n = 5,779$), a call rate lower than 0.95 ($n = 2,844$), or extreme deviation from Hardy-Weinberg equilibrium ($P < 10^{-6}$; $n = 1,999$) were also excluded. After quality control, the final dataset used for analysis consisted of 78,335 SNPs and 1,853 animals.

Genetic parameters were estimated using a three-trait animal model under a Bayesian framework. The general model can be described in matrix notation as follows:

$$y = X\beta + Z\alpha + e$$

here y is the vector of phenotypic observations for each animal; X is the incidence matrix relating observations to fixed effects; β is the vector of fixed effects (contemporary group and animal age as a covariate); Z is the incidence matrix associated with genomic genetic effects; α is the vector of genomic breeding values; and e is the vector of random residual effects.

The vectors α and e were assumed to follow a multivariate normal distribution with mean zero and (co)variance matrices defined as follows:

$$Var(\alpha) = G_0 \otimes G$$

$$Var(e) = R_0 \otimes I$$

where G_0 is the additive genetic (co)variance matrix among the three traits (3×3); G is the genomic relationship matrix ($N \times N$); R_0 is the residual (co)variance matrix among the three traits (3×3); I is an identity matrix of dimension $N \times N$ corresponding to the number of observations; and $\otimes$ denotes the Kronecker product operator.

The genomic kinship matrix (G) quantifies the genetic similarity among individuals based on SNP information and was constructed according to Method 1 proposed by Van Raden (2008):

$$G = \frac{ZZ'}{k}$$

where Z is the centered genotype matrix, obtained as $Z = M - 2P$; M is the genotype matrix, with genotypes coded as 0, 1, and 2 according to the number of reference alleles; P is the matrix containing allele frequencies expressed as $2pj$; and k is the scaling factor, defined as $2\sum pj(1 - pj)$, corresponding to the sum of the expected variances across all loci. Because pedigree information was unavailable for the studied population, the genomic kinship matrix (G) was used as a complete replacement for the traditional numerator relationship matrix (A).

Genomic information was incorporated into the genetic evaluation model by replacing the inverse of the pedigree-based kinship matrix (A^{-1}) with the inverse of the genomic kinship matrix (G^{-1}). For the multi-trait model, the mixed model equations incorporate the inverses of the additive genetic (co)variance matrix (G_0^{-1}) and the residual (co)variance matrix (R_0^{-1}), and can be expressed as follows:

$$\begin{bmatrix} X'R_0^{-1}X & X'R_0^{-1}Z \\ Z'R_0^{-1}X & Z'R_0^{-1}Z + (G_0^{-1} \otimes G^{-1}) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R_0^{-1}y \\ Z'R_0^{-1}y \end{bmatrix}$$

where R_0^{-1} and G_0^{-1} represent the inverses of the residual and additive genetic (co)variance matrices, respectively; $\hat{\beta}$ is the vector of estimated fixed effects; and $\hat{\alpha}$ is the vector of predicted genomic breeding values.

(Co)variance components were estimated using Bayesian inference implemented in GIBBSF90+ (Miszta et al. 2014). Three-trait analyses were performed using REA, REA100c, SFT, and SFT100c as anchor traits, each analyzed in combination with one of the body size traits (WH, RH, BL, TC, TD, TD/WH%, and RA). This procedure resulted in 42 different trait combinations, allowing the estimation of (co)variance components and the corresponding genetic parameters for all traits evaluated.

Markov chain Monte Carlo (MCMC) chains of 2,000,000 iterations were generated, with a burn-in period of 1,000,000 iterations and thinning every 20 cycles, resulting in 50,000 effective posterior samples. Convergence was assessed using the Geweke diagnostic and Monte Carlo error estimates through the POSTGIBBSF90 program (Miszta et al. 2014). Final estimates of heritability and genetic correlations were obtained from the posterior means across all analyses in which each trait was included.

Results

In adulthood, males exhibited a greater REA in absolute terms ($46.6 \pm 9.5 \text{ cm}^2$) than females ($31.6 \pm 8.0 \text{ cm}^2$), as shown in Table 1. However, after adjustment to 100 kg of body weight (REA100c), this relationship was reversed, with females exhibiting greater relative muscling ($23.5 \pm 5.4 \text{ cm}^2$) compared with males ($20.4 \pm 4.0 \text{ cm}^2$).

For SFT, females also presented a higher absolute mean value ($2.5 \pm 1.7 \text{ mm}$) than males ($2.2 \pm 1.1 \text{ mm}$). The same pattern was observed after adjustment for body weight (SFT100c), with mean values of $1.3 \pm 0.8 \text{ mm}$ for females and $0.9 \pm 0.5 \text{ mm}$ for males (Table 1). Variability in fat-related traits was high, with CV ranging from 51.9% to 67.8%.

Sexual dimorphism in ABW was evident, with males ($367.4 \pm 98.7 \text{ kg}$) averaging approximately 110 kg heavier than females ($258.7 \pm 56.9 \text{ kg}$). Body weight exhibited moderate variability, with CV values of 26.9% for males and 21.9% for females (Table 1).

Table 1. Descriptive statistics for carcass traits assessed by ultrasonography and adult body weight in *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

Sex	Trait	N	Mean $\pm$ SD	Minimum	Maximum	CV (%)
Male	REA (cm ²)	110	46.6 $\pm$ 9.5	22.8	74.5	20.3
	REA100c (cm ²)	110	20.4 $\pm$ 4.0	8.9	39.6	20.4
	SFT (mm)	110	2.2 $\pm$ 1.1	0.8	6.6	51.9
	SFT100c (mm)	110	0.9 $\pm$ 0.5	0.3	3.2	57.4
	ABW (Kg)	156	367.4 $\pm$ 98.7	159.0	640.0	26.9
Female	REA (cm ²)	798	31.6 $\pm$ 8.0	10.8	54.7	25.4
	REA100c (cm ²)	798	23.5 $\pm$ 5.4	5.4	30.0	23.5
	SFT (mm)	798	2.5 $\pm$ 1.7	0.1	20.2	67.8
	SFT100c (mm)	798	1.3 $\pm$ 0.8	0.1	11.5	63.9
	ABW (Kg)	1019	258.7 $\pm$ 56.9	101.5	450.0	21.9

REA = ribeye area; REA100c = ribeye area adjusted to 100 kg of body weight; SFT = subcutaneous fat thickness; SFT100c = subcutaneous fat thickness adjusted to 100 kg of body weight; ABW = adult body weight.

Descriptive statistics for body size traits in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle are presented in Table 2. For height measurements, males exhibited mean WH and RH values of 116.2 cm and 119.5 cm, respectively. In females, the corresponding means were 110.1 cm for WH and 112.9 cm for RH.

Mean BL was 123.2 cm in males, ranging from 98 to 167 cm (Table 2). In females, the average BL was 113.6 cm, with values ranging from 85 to 147 cm. TC averaged approximately 170.9 cm in males and 152.8 cm in females. Mean TD was 63.0 cm and 58.0 cm for males and females, respectively.

TD/WH ratio averaged approximately 54.6% in males and 52.6% in females. For RA, males presented a mean value of 105.5°, ranging from 85.0° to 146.4°, whereas females exhibited a mean value of 97.2° (Table 2).

CV for body size traits, represented by the morphometric measurements, were all below 10% in the overall population, ranging from 4.7% to 9.7% (Table 2), indicating relatively low phenotypic variability for these traits.

Table 2 - Descriptive statistics of body size traits in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

Sex	Trait	N	Mean $\pm$ SD	Minimum	Maximum	CV (%)
Male	WH (cm)	142	116.2 $\pm$ 7.2	97.0	135.0	6.2
	RH (cm)	143	119.5 $\pm$ 6.6	100.0	136.0	5.5
	BL (cm)	142	123.2 $\pm$ 11.9	98.0	167.0	9.7
	TC (cm)	142	170.9 $\pm$ 16.2	131.0	216.0	9.5
	TD (cm)	142	63.0 $\pm$ 5.8	49.5	76.0	9.0
	TD/WH (%)	142	54.6 $\pm$ 2.9	47.6	63.9	5.2
	RA (degrees)	142	105.5 $\pm$ 9.4	85.0	146.4	8.9
Female	WH (cm)	951	110.1 $\pm$ 5.6	92.0	126.0	5.1

RH (cm)	954	112.9 ± 5.5	95.0	135.0	4.7
BL (cm)	951	113.6 ± 8.8	85.0	147.0	4.7
TC (cm)	951	152.8 ± 11.9	106.0	186.6	4.7
TD (cm)	951	58.0 ± 4.5	42.0	74.0	7.8
TD/WH (%)	951	52.6 ± 2.8	44.7	63.8	5.3
RA (degrees)	951	97.2 ± 7.5	75.1	139.0	7.7

WH = withers height; RH = rump height; BL = body length; TC = thoracic circumference; TD = thoracic depth; TD/WH = thoracic depth-to-withers height ratio; RA = rump angle.

Ultrasound-measured carcass traits exhibited moderate heritability (Table 3), with values of 0.38 for REA and 0.40 for SFT, which indicate that a substantial proportion of the phenotypic variation observed in these traits is attributable to additive genetic effects, demonstrating their potential for genetic improvement through selection. After adjustment to 100 kg of body weight (REA100c and SFT100c), heritability estimates remained moderate, with values of 0.30 and 0.33, respectively. ABW exhibited a high heritability estimate of 0.45.

Table 3 - Posterior mean estimates of additive genetic, residual, and phenotypic variances, and heritability for carcass and body size traits in *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

Trait	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
REA	12.0	19.6	31.8	0.38
REA100c	2.4	5.7	8.1	0.30
SFT	0.4	0.7	1.1	0.40
SFT100c	0.3	0.6	0.9	0.33
ABW	619.0	768.8	1387.8	0.45
WH	12.9	10.6	23.4	0.55
RH	9.9	9.3	19.2	0.51
BL	10.3	23.2	33.6	0.31
TC	23.3	46.8	70.1	0.33
TD	4.6	4.3	8.9	0.51
TD/WH	1.8	5.3	7.1	0.25
RA	5.7	31.5	37.1	0.15

REA = ribeye area; REA100c = ribeye area adjusted to 100 kg of body weight; SFT = subcutaneous fat thickness; SFT100c = subcutaneous fat thickness adjusted to 100 kg of body weight; ABW = adult body weight; WH = withers height; RH = rump height; BL = body length; TC = thoracic circumference; TD = thoracic depth; TD/WH = thoracic depth-to-withers height ratio; RA = rump angle.

For body size traits, heritability estimates ranged from moderate to high (Table 3). Height-related measurements exhibited the highest estimates, with WH showing the greatest heritability (0.55), followed by RH (0.51). TD also displayed a high heritability estimate (0.51). TC and BL showed moderate heritability estimates of 0.33 and 0.31, respectively. The lowest estimates were observed for the TD/WH ratio (0.25) and RA (0.15).

Genetic correlations revealed distinct and informative patterns, as shown in Table 4. The correlation between REA and SFT was positive and strong (0.78), contrasting with the antagonistic relationship frequently reported in other beef cattle breeds. This finding suggests a potentially unique adaptive strategy in *Curraleiro Pé-Duro* cattle, in which muscle development and energy reserve deposition may occur simultaneously in adult animals.

Muscling, represented by REA, exhibited strong positive genetic associations with measures of body volume and weight (Table 4), including TC (0.84), ABW (0.65), TD (0.65), and BL (0.54). In contrast, its genetic correlation with WH was essentially null (0.05). A similar pattern was observed for REA100c, which was strongly correlated with TD (0.88) and moderately correlated with BL (0.40), while exhibiting weak or negative associations with height-related traits (RH: 0.03; WH: -0.30).

Regarding carcass finish, SFT showed a positive moderate genetic correlation with ABW (0.59) (Table 4), indicating that body weight may serve as a useful predictor of energy reserves. SFT was also positively associated with body volume traits, particularly BL (0.63) and TD (0.54), as well as with rump conformation, represented by RA (0.80). After adjustment for body weight (SFT100c), correlations with body volume traits decreased to low-to-moderate magnitudes, ranging from 0.15 to 0.40.

ABW exhibited very strong positive genetic correlations with the principal measures of body volume and structural development (Table 4), particularly TC (0.90) and TD (0.87), reflecting its close relationship with overall body size. As expected, height traits (WH and RH) were almost perfectly genetically correlated (0.97) and showed strong associations with TC (0.82 and 0.70, respectively) and TD (0.90 and 0.80, respectively).

A detailed examination of the genetic correlations (Table 4) revealed additional structural relationships of interest. The carcass traits adjusted for body weight, REA100c and SFT100c, showed a strong positive genetic correlation (0.80), reinforcing the notion that relative muscling and carcass finish may be jointly expressed traits in this breed at the adult stage. In addition to its strong genetic association with SFT (0.80), RA also exhibited moderate genetic correlations with muscling (REA; 0.57) and ABW (0.65), highlighting its potential as an easily measured morphological indicator of productive performance.

Evidence of biological trade-offs was also observed. Body length showed negative genetic correlations with TC (-0.42) and RA (-0.30), suggesting the existence of distinct biological types within the breed. These relationships indicate that selection focused solely on increasing body length could inadvertently reduce thoracic circumference, an important trait associated with respiratory capacity and visceral volume.

The favorable, non-antagonistic genetic association between muscling and carcass finish, together with the observed correlation patterns involving body size traits, suggests that selection for improved beef production in *Curraleiro*

Pé-Duro cattle can be achieved without compromising key adaptive characteristics, such as the maintenance of adequate body energy reserves (Table 4).

Phenotypic correlations presented in Table 4 generally reflected the same trends observed for genetic correlations, although with lower magnitudes. REA showed moderate phenotypic correlations with WH, ABW, and TC, ranging from 0.30 to 0.40. Notably, REA100c exhibited phenotypic correlations close to zero or slightly negative with most body size traits, particularly RH (−0.16), ABW (−0.14), and WH (−0.11), indicating that adjustment for body weight effectively removed much of the influence of body size on muscling. SFT displayed a strong phenotypic correlation with TD (0.70) and moderate correlations with ABW (0.52) and TC (0.43). In contrast, SFT100c showed a moderate negative phenotypic correlation with BL (−0.60).

Table 4 - Genetic correlations (above the diagonal) and phenotypic correlations (below the diagonal) among carcass and body size traits in adult *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

Trait	REA	REA100c	SFT	SFT100c	ABW	WH	RH	BL	TC	TD	TD/WH	RA
REA	-	0.92	0.78	0.25	0.65	0.05	0.37	0.54	0.84	0.65	0.57	0.57
REA100c	0.50	-	0.90	0.80	0.30	-0.30	0.00	0.40	0.66	0.88	0.41	0.49
SFT	0.30	0.40	-	0.96	0.59	0.10	0.43	0.63	0.28	0.54	0.31	0.80
SFT100c	0.40	0.27	0.98	-	0.35	-0.18	-0.12	0.15	0.15	0.40	0.30	0.50
ABW	0.30	-0.14	0.52	0.20	-	0.80	0.60	-0.56	0.90	0.87	0.40	0.65
WH	0.40	-0.11	0.09	-0.15	0.03	-	0.97	0.62	0.82	0.90	0.18	-0.05
RH	0.18	-0.16	0.30	0.13	0.59	0.39	-	0.60	0.7	0.80	0.42	0.14
BL	0.10	-0.10	0.18	-0.60	0.40	0.39	0.34	-	-0.42	0.50	-0.26	-0.30
TC	0.40	-0.01	0.43	0.18	0.26	0.57	0.13	0.17	-	0.78	0.21	0.40
TD	0.10	0.06	0.70	0.24	0.74	0.45	0.60	0.21	0.20	-	0.40	0.16
TD/WH	0.12	0.05	0.30	0.23	0.50	0.06	0.42	0.17	0.36	0.7	-	0.70
RA	0.10	0.07	0.38	0.06	0.17	0.17	0.08	0.14	0.26	0.13	0.17	-

REA = ribeye area; REA100c = ribeye area adjusted to 100 kg of body weight; SFT = subcutaneous fat thickness; SFT100c = subcutaneous fat thickness adjusted to 100 kg of body weight; ABW = adult body weight; WH = withers height; RH = rump height; BL = body length; TC = thoracic circumference; TD = thoracic depth; TD/WH = thoracic depth-to-withers height ratio; RA = rump angle.

Discussion

The superiority of males for absolute ribeye area and adult body weight (Table 1) can be attributed to the anabolic effects of testosterone, which enhances protein synthesis and retention even at advanced ages (Berg and Butterfield 1976). However, the reversal observed after adjustment for body weight (REA100c), with females exhibiting higher values (23.5 cm²) than males (20.4 cm²), indicates that adult females displayed greater relative muscling when evaluated on a body weight-adjusted basis.

The REA values observed in the present study (Table 1) were lower than those commonly reported for specialized beef breeds, whose mean values often exceed 50 cm² at younger ages (Sugisawa et al. 2006; Climaco et al. 2011). This difference in absolute values is likely attributable to the smaller body size and lower mature weight characteristic of the *Curraleiro Pé-Duro* breed.

Because REA is inherently associated with body weight, animals with smaller skeletal structures and lower body weights tend to exhibit lower absolute REA values (Yokoo et al. 2015). However, when muscling was evaluated using the body weight-adjusted measure (REA100c), the values observed in this study (20.4 cm² for males and 23.5 cm² for females) were consistent with those reported in the literature. Nevertheless, the adjustment applied in the present study differs from previously reported approaches (Yokoo et al. 2015; Marestone et al. 2022). From a biological standpoint, this finding highlights that standardized carcass indices developed for larger-framed breeds may not be directly applicable to smaller genetic groups, emphasizing the need to account for breed-specific biometric characteristics when defining reference standards (Yokoo et al. 2015).

In absolute terms, SFT values were below the thresholds generally recommended by the beef industry (Pacheco et al. 2023). This result is likely associated with the production systems adopted on the evaluated farms, where animals were predominantly raised under grazing conditions. Fat deposition is the final major tissue accretion event during growth and requires a positive energy balance that is seldom achieved in extensive systems without intensive supplementation (Lawrie and Ledward, 2006). Similarly, De Faria et al. (2015) reported SFT values in polled Nellore cattle (2.3 mm) that were comparable to those observed in the present study.

Adjustment of SFT to a standardized body weight was performed to isolate the effects of body size and absolute weight. This approach enables the identification of animals capable of depositing adipose tissue despite having lower body weights and smaller body frames, while also reducing the influence of body weight and potential environmental or management differences among animals (Rosanova et al. 2025).

The high coefficients of variation observed for SFT indicate that fat deposition is likely the trait most sensitive to grazing management conditions. At the same time, this variability reveals the existence of individuals within the breed

possessing substantial genetic potential for carcass fat cover deposition (Yokoo et al. 2008). In contrast, the low coefficients of variation observed for morphometric traits ($CV < 10\%$) suggest remarkable uniformity in body structure across the breed, despite differences in environmental and management conditions. These findings support the premise that body size has not undergone substantial directional selection over time. Increasing body size may lead to greater maintenance requirements and, consequently, reduce adaptability under tropical production conditions (Marestone et al. 2022).

Heritability estimates for REA100c and SFT100c remained moderate, although slightly lower than those obtained for the corresponding unadjusted traits (Table 3). These results indicate that the capacity to deposit muscle and fat tissue relative to body weight is itself a heritable characteristic rather than merely a consequence of increased body size. Adjustments to a standardized body weight are important for carcass evaluation because they allow comparisons of tissue deposition efficiency among animals of different ages and weights (Luchiari Filho 2000), facilitating the identification of individuals capable of producing greater yields of high-value cuts and subcutaneous fat deposition at lighter body weights (Sugisawa et al. 2013).

The heritability estimate for ABW (0.45) was classified as high (Table 3), indicating that 45% of the observed phenotypic variation is attributable to additive genetic effects. From a production standpoint, direct selection for body weight is expected to result in rapid genetic progress. However, selection focused exclusively on body weight may increase maintenance requirements because of larger mature size (Marcondes et al. 2010). Menezes et al. (2022) reported lower heritability estimates for adult weight in Caracu cattle (0.26), whereas Pedrosa et al. (2010) reported estimates similar to those obtained in the present study (0.43).

The heritability estimates obtained for height traits (WH and RH) indicate that these characteristics are less affected by environmental and nutritional fluctuations (Table 3). Pedrosa et al. (2010) reported lower heritability estimates for rump height (0.35) than those observed here. Height traits generally exhibit substantial genetic variability in cattle populations, allowing breeders to achieve rapid genetic progress when adjusting body size to meet the nutritional demands of different production systems.

Because TC reflects both skeletal structure (rib cage development) and soft tissue deposition (muscle and fat), it tends to exhibit greater residual variance than height measurements (Table 3). Boligon et al. (2008) reported that thoracic circumference is a reliable indicator of body weight and overall body volume; however, its phenotypic expression is more strongly influenced by nutritional status, which explains the larger environmental variance component observed ($\sigma_e^2 = 46.8$).

Thoracic depth is associated with animal vigor as well as cardiorespiratory and digestive capacity (Table 3). The high heritability estimate observed ($h^2 = 0.51$) suggests that selection for greater thoracic depth may favor animals with enhanced forage intake capacity (Rebouças et al. 2024).

The heritability estimate obtained for body length indicates that direct selection for this trait would result in moderate genetic gains (Table 3). According to Pacheco et al. (2005), traits associated with body length tend to be more sensitive to nutritional fluctuations during the post-weaning growth phase.

The genetic correlations between REA and body size traits (TC, TD, BL, and ABW) indicate that genes involved in growth also exert positive effects on muscling (Table 4). Consequently, direct selection for muscling is expected to result in animals with greater thoracic capacity and body length. The positive association with body weight further suggests that increases in muscle mass contribute directly to greater REA values.

The genetic correlations observed between muscling and stature traits revealed an interesting biological pattern, particularly for the relationships between REA and WH and between REA and RH (Table 4). The divergence in correlation estimates suggests that increased muscle deposition is largely independent of anterior skeletal growth. Furthermore, the correlation between REA and RH indicates that hindquarter height may be modestly associated with muscle development, possibly reflecting coordinated growth of the hindquarters, where rump structure provides support for the musculature associated with the most valuable commercial cuts.

The genetic correlation between REA100c and RH demonstrates that improvements in relative muscling can be achieved without increasing animal stature (Table 4). This relationship supports the possibility of increasing muscle density while maintaining moderate frame size. Such a strategy would help preserve production efficiency without increasing mature body size. Moreover, the use of adjusted traits contributes to the identification of animals capable of producing heavier carcasses while maintaining skeletal structures suited to their production environment (Sugisawa et al. 2006; Yokoo et al. 2008).

The strong positive genetic correlation observed between REA and SFT (0.78) suggests that some genes involved in muscle development may act concomitantly with those regulating subcutaneous fat deposition in adult animals (Table 4). This finding contrasts with studies reporting antagonistic genetic relationships between muscle and fat deposition (Sugisawa et al. 2013). Importantly, however, most reports of antagonism are based on evaluations conducted in younger animals, typically at yearling age. This discrepancy suggests that tissue deposition dynamics may change with physiological maturity and highlights the need for future studies evaluating these traits at standardized ages, such as weaning and yearling stages, in *Curraleiro Pé-Duro* cattle.

The genetic correlation observed between the adjusted carcass traits, REA100c and SFT100c, was also positive and strong (0.80) (Table 4). Animals adapted to resource-limited environments tend to exhibit a more balanced pattern of tissue deposition. In this context, subcutaneous fat deposition functions not only as thermal insulation or a late-stage energy reserve but also as a mechanism of metabolic homeostasis that accompanies muscle growth and serves as a dynamic thermoregulatory tissue (Schmidt-Nielsen 1997).

The genetic correlation between REA and RA (0.57) suggests that selection for increased muscling is associated with changes in rump conformation (Table 4). From a morpho-functional perspective, this result indicates that animals with greater muscular development tend to possess a skeletal structure capable of supporting increased tissue deposition, representing a favorable characteristic for carcass conformation and meat production.

SFT also exhibited a strong positive genetic correlation with RA (Table 4). This finding indicates that genes associated with a more pronounced rump structure are closely linked to the capacity for subcutaneous fat deposition. Although RA showed low heritability, making direct selection for this trait relatively inefficient, its strong positive genetic correlation with SFT, which exhibited moderate heritability (Table 4), suggests that indirect genetic progress can be achieved through selection for carcass finish.

These results may reflect pleiotropic genetic effects, whereby genes influencing rump conformation are also involved in regulating fat deposition. Consequently, selection aimed at increasing SFT is expected to promote favorable correlated responses in RA. Moreover, from a practical standpoint, RA assessment may serve as a useful phenotypic indicator of carcass finish and body condition (Pfeifer et al. 2018).

The analysis presented in Table 4 further revealed a moderate-to-strong positive genetic correlation (0.50) between SFT100c and RA. The persistence of this association after adjustment for body weight suggests that the relationship between rump conformation and carcass finish is largely independent of overall body size. Genetically, this finding indicates that genes associated with greater rump angulation may also influence finishing precocity and the animal's intrinsic efficiency in depositing energy reserves.

The genetic correlations observed between ABW and SFT indicate a favorable association between these traits (Table 4). Direct selection for increased body weight is therefore expected to result in correlated genetic gains in fat thickness among adult animals. Once the metabolic demands associated with muscle growth decline, nutrient partitioning shifts toward lipogenesis, making body weight a useful predictor of fat cover. Unlike younger animals, in which body weight is primarily associated with carcass growth and slaughter performance, the relationship between body weight and fatness in adults reflects the status of body energy reserves (Ojo et al. 2025). Accordingly, animals with superior genetic merit for fat deposition are likely to maintain adult body weight more consistently under periods of nutritional restriction.

In mature animals, tissue dynamics are largely associated with physiological finishing rather than growth. Therefore, breeding objectives should not focus exclusively on maximizing mature body weight but rather on identifying animals capable of maintaining adequate subcutaneous fat thickness while retaining moderate mature size, thereby improving efficiency under pasture-based production systems (Hickson et al. 2021; Honig et al. 2022; Ojo et al. 2025).

The genetic correlations between height traits (WH and RH) and SFT were low in magnitude (Table 4). Larger-framed animals tend to be later maturing with respect to fat deposition because nutrients are preferentially allocated to skeletal and muscular growth. Consequently, selection focused exclusively on increased stature may increase the age required to achieve adequate carcass finish, potentially reducing production efficiency (Yokoo et al. 2009).

The strong genetic correlation between TD/WH ratio and RA (0.70) indicates a close genetic association between these traits, suggesting that they are largely influenced by additive genetic effects (Table 4). The height-to-depth relationship is commonly associated with biological precocity and functional efficiency in beef cattle (Montagner 2010; Sanches et al. 2021).

Phenotypic correlations between carcass and body size traits generally followed the same pattern observed for genetic correlations, although with lower magnitudes (Table 4). These results suggest that the biological processes underlying phenotypic expression are largely governed by the same factors responsible for the genetic associations; however, environmental variation attenuates the observable relationships among traits. The moderate-to-high heritability estimates and favorable genetic correlations observed in this study reinforce the value of incorporating genetic information into selection decisions aimed at improving productive performance in *Curraleiro Pé-Duro* cattle (Ojo et al. 2025).

Conclusions

The carcass and body size traits evaluated in *Curraleiro Pé-Duro* cattle exhibited sufficient additive genetic variability to support their inclusion in breeding programs. The favorable positive association observed between muscling and carcass finish indicates that selection can effectively promote simultaneous genetic gains in these economically important traits. From a breeding perspective, this finding demonstrates that muscle development and fat deposition occur concomitantly in adult animals, enabling balanced genetic progress in both carcass yield and body energy reserves.

The genetic correlation patterns identified in this study reveal a coherent and informative morphological architecture for the *Curraleiro Pé-Duro* breed. The observation that muscling (REA) is genetically associated with body volume and weight, but not with stature (WH), provides a practical guideline for selection programs, indicating that greater muscularity can be achieved without necessarily increasing animal height.

The negative genetic correlation between body length and thoracic circumference suggests the existence of distinct biological types within the breed (long-bodied and compact animals), which should be strategically considered when developing multidimensional selection indices, which by exploiting the favorable association between muscling and fat deposition, can simultaneously direct body conformation preserving the adaptive attributes and biological efficiency that constitute the unique genetic heritage of the *Curraleiro Pé-Duro* breed.

References

- Boligon AA, Albuquerque LG, Rorato PRN (2008) Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. *Rev Bras Zootec* 37(4): 596-601. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982008000400002>
- Climaco, SM, Ribeiro ELD, Mzbuti I Y, Silva, LDF, Barbosa MAAF, Ramos BMO, Constatino C (2011) Carcaterística de carcaça e qualidade de carne de bovinos de corte de quatro grupos genéticos terminados em confinamento. *Rev Bras Zootec* 40(12): 2791-2798
- De Faria CU, Andrade WBF, Pereira CF, Silva RP, Lôbo RB (2015) Análise bayesiana para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia de bovinos da raça Nelore Mocho, criados em bioma Cerrado. *Cienc Rural* 45(2):317-322. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20140331>
- Evangelista AF, Borges LS, Fonseca WJL, Cavalcante DH (2020) Parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã. *Med Vet (UFRPE)* 13: 454-463.
- Hickson RE, Pitchford WS (2021) Selection strategies for beef cow size and condition. *Anim Prod Sci* 61: 1925-1931. <https://doi.org/10.1071/AN21077>
- Honig AC, Inhuber V, Spiekens H, Windisch W, Götz KU, Schuster M, Etle T (2022) Body composition and composition of gain of growing beef bulls fed rations with varying energy concentrations. *Meat Sci* 184:108685. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108685>
- Kluska S, Olivieri BF, Bonamy M, Chiaia HLJ, Feitosa FLB, Berton MP, Peripolli E, Lemos MVA, Tonussi RL, Lôbo RB, Magnabosco CU, Di Croce F, Osterstock J, Pereira AS Cravo M, Munari DP, Bezerra LA, Lopes FB, Baldi F (2018) Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. *Livest Sci* 216:203-209. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.08.015>
- Lawrie RA, Ledward DA (2006) Lawrie's meat science. 7. ed. Cambridge: Woodhead Publishing.
- Luchiari Filho A (2020) A pecuária da carne bovina. São Paulo: LinBife.
- Marcondes MI, Chizzotti M, Valadares Filho SC, Gionbelli MP, Paulino PVR, Paulino MF (2010) Exigências nutricionais de energia para bovinos de corte. In: Simpósio de produção de gado de corte, 7., 2010, Viçosa. Anais [...]. Viçosa, MG: UFV, 2010. p. 235-274.
- Marestone BS, Torres Junior RAA, Silva LOC, Menezes GRO, Muniz CASD, Ribeiro ELA (2022) Genetic parameters for traditional and novel ultrasound carcass traits in Nellore cattle. *Trop Anim Health Prod* 54(1): 34. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-03028-z>
- McPhee MJ, Walmsley BJ, Dougherty HC, McKiernan WA, Oddy VH (2020) Live animal predictions of carcass components and marble score in beef cattle: model development and evaluation. *Animal* 14(2): s396-s405. <https://doi.org/10.1017/S1751731120000324>
- Menezes FL, Souza FR, Souza RR, Norberto TLS, Rezende VA, Enderle C, Souza MAM, Alves C, Silva LL, Araújo CV (2022) Study of genetic parameters on the weight performance of Caracu cattle. *Res Soc Dev* 11(3): e11911326442. <https://doi.org/10.33448/rsd-v11i3.26153>
- Misztal I, Tsuruta S, Lourenco DAL, Aguilar I, Legarra A, Vitezica ZG (2014) Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia, 125 p.
- Montagner MM (2010) Aspectos a serem selecionados em gado de corte. In: Martin TM, Ziech MF. Sistemas de produção agropecuária. Dois Vizinhos: Mastergraf.

- Ojo AO, Campos GS, Mulim HA, Garcia A, Schinckel AP, Duff C, Miller SP, Retallick-Riley K, Oliveira HR (2025) Estimation of genetic parameters for mature cow size in North American and Australian Angus cattle. *J Anim Sci* 103. <https://doi.org/10.1093/jas/skaf212>
- Pacheco PS, Silva JHS, Restle J, Arboite MZ, Brondani I L, ALVES FILHO DC, FREITAS A K (2005) Características quantitativas da carcaça de novilhos jovens e superjovens de diferentes grupos genéticos. *Rev Bras Zootec* 34(5): 1666-1677. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982005000500029>
- Pacheco RF, Machado DS, Restle J, Sartori DBS, Costa PT, Vaz RZ (2023) Meta-analysis of meat quality of cattle slaughtered with different subcutaneous fat thicknesses. *Pesq Agropec Bras* 58: e03110. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.03110>
- Pedrosa VB, Eler JP, Ferraz JBS, Vasconcelos Silva JAI, Ribeiro S, Silva MR, Pinto LFB (2010) Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. *Rev Bras Saude Prod Anim* 11(1): 104-113.
- Pfeifer LFM, Neves PMA (2018) Relationships between pre-slaughter rump flatness of Nelore cows and subsequent measures of carcass fatness. *Anim Prod Sci* 59(7): 1364-1370. <https://doi.org/10.1071/AN18191>
- Rebouças GF, Arnhold E, Eifert EC, Costa MFO, Magnabosco CU (2024) Estimação dos parâmetros genéticos de características morfométricas na raça Nelore. *Cad Pedag* 21(7): e5744. <https://doi.org/10.54033/cadpedv21n7-159>
- Reis HBD, Carvalho ME, Espigolan R, Poleti MD, Ambrizi DR, Berton MP, Ferraz JBS, De Mattos Oliveira EC, Eler JP (2024) Genome-Wide Association (GWAS) applied to carcass and meat traits of Nellore cattle. *Metabolites* 14(1): 6. <https://doi.org/10.3390/metabo14010006>
- Rosanova C, Souza BC, Lança NCr, Ribeiro EL, Modesto GB, Ribeiro AC (2025) Análise de características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Nelore Pintado, criados no Tocantins. *Rev Multidiscip Nordeste Mineiro* 2(1):1-16. <https://doi.org/10.61164/rmnm.v2i01.3493>
- Sanches LM, Fernandes ARM, Borquis RRA (2021) Relações entre as características morfométricas da carcaça e a produção de cortes comerciais de novilhas da raça Nelore. *Arch Zootec* 70(270): 136-145. <https://doi.org/10.21071/az.v70i270.5465>
- Schmidt-Nielsen K (1997) *Animal Physiology: Adaptation and Environment*. 5. ed. Cambridge: Cambridge University Press.
- Soares BB, Brunes LC, Baldi FS, Carmo ASP, Pereira LS, Carvalho RA, Narciso MG, Amorim ST, Sainz RD, Magnabosco CU (2024) Genetic parameters for visual scores, growth and carcass traits in Nellore cattle. *An Acad Bras Cienc* 96(1): e20230010. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202420230010>
- Sugisawa L, Matos BC, Sugisawa JM (2013) Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e qualidade de carne. In: Rosa AN, Martins EN, Menezes GRO, Silva LOC (eds.). *Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus (Embrapa)*. p. 97–107.
- Sugisawa L, Mattos WRS, Souza AA, Silveira AC, Oliveira HN, Arrigoni MB, Burini DCM (2006) Ultra-sonografia para predição da composição da carcaça de bovinos jovens. *Rev Bras Zootec* 35(1): 177-185. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982006000100023>
- Van Raden PM (2008) Efficient methods to compute genomic predictions. *J Dairy Sci* 91(11): 4414-4423. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>
- Yokoo MJ, Albuquerque LG, Lôbo RNB, Bezerra LAF, Araújo RO, Silva JAG, Sainz RD (2008) Estimativas de parâmetros genéticos para medidas de ultrassonografia de carcaça e peso ao sobreano em bovinos Nelore. *Rev Bras Zootec* 37(11): 1947-1955.
- Yokoo MJ, Lôbo RB, Magnabosco CU, Rosa GJM, Forni S, Sainz RD, Albuquerque LG (2015) Genetic correlation of traits measured by ultrasound at yearling and 18 months of age in Nellore beef cattle. *Livest Sci* 180:34-40. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2015.07.003>

Statements and Declarations

Funding

This work was supported by National Council for Scientific and Technological Development (CNPq), CNPq/MCTI No. 10/2023 - Category B.

The Article Processing Charge (APC) for this publication was funded by the Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel - CAPES (ROR identifier: 00x0ma614). For the purpose of open access, the authors have applied a Creative Commons Attribution (CC BY) license to any Author Accepted Manuscript version arising from this submission.

Competing Interests

The authors have no relevant financial or non-financial interests to disclose.

Author Contributions

All authors contributed to the study conception and design. Material preparation, data collection and analysis were performed by Alan Oliveira do Ó, Geraldo Magela Cortes Carvalho, Alexandre Floriani Ramos, Natanael Pereira dos Santos, Gleyson Vieira dos Santos, Luiz Antonio Silva Figueiredo Filho, Natália Pereira de Moraes and José Lindenberg Rocha Sarmento. The first draft of the manuscript was written by Alan Oliveira do Ó and all authors commented on previous versions of the manuscript. All authors read and approved the final manuscript.

Data Availability

The datasets generated during and/or analyzed during the current study are available from the corresponding author on reasonable request.

CAPÍTULO III

Predição genômica do mérito genético e otimização da seleção para características de carcaça e conformação corporal em bovinos Curraleiro Pé-Duro

Predição genômica do mérito genético e otimização da seleção para características de carcaça e conformação corporal em bovinos Curraleiro Pé-Duro

Alan Oliveira do Ó

Resumo: O objetivo com esta pesquisa foi prever valores genéticos genômicos (DEPS) e avaliar a resposta à seleção para peso adulto, profundidade torácica e características de carcaça em bovinos adultos da raça Curraleiro Pé-Duro. Foram utilizados dados de 2.895 animais oriundos de 31 propriedades, sendo 1.889 genotipados para a construção da matriz de parentesco genômico (G). Os GEBVs foram obtidos via modelo animal em análise tricaracterística sob a metodologia GBLUP, utilizando componentes de (co)variância previamente estimados por inferência Bayesiana. O mérito genético foi sintetizado por meio de um índice de seleção proposto para a raça, denominado de ICPD, que ponderou as características Área de Olho de Lombo (AOL100c) e Espessura de Gordura Subcutânea (EGS) ajustadas para peso, Peso Adulto (PA) e a razão Profundidade Torácica/Altura da Cernelha (PT/AC) e circunferência torácica (CT). As acurácias médias de predição variaram de 0,28 a 0,39, com picos de 0,73 para AOL100c em cenários específicos. O índice apresentou correlações genéticas positivas e relevantes com AOL100c e EGS100c ($\approx 0,7$ a $0,8$), sustentando sua coerência biológica. A seleção pelo ICPD proporcionou uma resposta à seleção mais equilibrada do que a seleção direta por característica única, favorecendo a identificação de animais mais precoces e com carcaças superiores. A tendência genética média ao longo dos anos de nascimento mostrou comportamento instável, compatível com a ausência de um programa sistemático de seleção na população. O ICPD é uma ferramenta viável para potencializar o progresso genético da raça, permitindo ganhos simultâneos em musculosidade e acabamento sem aumentar desproporcionalmente o tamanho corporal. Aumentar a quantidade de dados fenotípicos e genotípicos é crucial para elevar a acurácia das predições e consolidar a avaliação genética da raça para viabilizar um programa de melhoramento genético sustentável.

Palavras-chave: Curraleiro Pé-Duro; Índice de Seleção; Ultrassonografia de carcaça; Valor Genético (GEBV); Resposta à Seleção, Predição genômica.

Genomic prediction and selection response for body conformation and carcass traits in Curraleiro Pé-Duro cattle.

Alan Oliveira do Ó

Abstract: The objective of this study was to predict genomic estimated breeding values (GEBVs) and evaluate the selection response for adult weight, chest depth, and carcass traits in adult Curraleiro Pé-Duro cattle. Phenotypic data from 2,895 animals across 31 herds were utilized, of which 1,889 individuals were genotyped to construct the genomic relationship matrix (G). GEBVs were obtained via an animal model in a tri-trait analysis using the GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction) methodology, employing (co)variance components previously estimated by Bayesian inference. Genetic merit was synthesized through a proposed selection index for the breed, termed the ICPD (Curraleiro Pé-Duro Index), which weighted the following traits: Ribeye Area (REA100c) and Backfat Thickness (BFT100c) adjusted for weight, Adult Weight (AW), the Chest Depth/Wither Height ratio (CD/WH), and Heart Girth (HG). Mean prediction accuracies ranged from 0.28 to 0.39, peaking at 0.73 for REA100c in specific scenarios. The index exhibited relevant positive genetic correlations with REA100c and BFT100c ($\approx 0,7$ to $0,8$), supporting its biological consistency. Selection based on the ICPD provided a more balanced response than single-trait selection, favoring the identification of early-maturing animals with superior carcass quality. The average genetic trend across birth years showed instability, consistent with the absence of a systematic breeding program within the population. The ICPD is a viable tool to enhance the breed's genetic progress, enabling simultaneous gains in muscularity and finishing without disproportionate increases in mature body size. Expanding phenotypic and genotypic data collection is crucial to increasing prediction accuracy and consolidating the breed's genetic evaluation to support a sustainable breeding program.

Keywords: Curraleiro Pé-Duro; Selection Index; Carcass Ultrasound; Breeding Value (GEBV); Selection Response; Genomic Prediction..

Introdução

Historicamente, a seleção de bovinos de corte priorizou o aumento do peso corporal, estratégia que, embora eficiente em produtividade bruta, pode elevar os custos de manutenção e comprometer a precocidade e o acabamento de carcaça devido à baixa correlação com a composição corporal (PATERNO et al., 2017). Um biótipo ideal no sistema de produção de gado de corte em ambientes tropicais é o de um animal com estrutura óssea bem desenvolvida, porte médio, comprimento de carcaça e conformação adequados, além de costelas com boa curvatura (SOARES et al., 2024). A maioria dos animais no Brasil é criada extensivamente, o que exige animais funcionais para produção e reprodução em pastagens (FARIA et al., 2015; SOARES et al., 2021).

A seleção para composição de carcaça e qualidade de carne em bovinos de corte tem sido potencializada pela inclusão de informações genômicas, que permitem a predição de valores genéticos mais precisos para características medidas por ultrassonografia (SILVA et al., 2024). No cenário de raças nativas, como o Curraleiro Pé-Duro, essa ferramenta é fundamental para identificar precocemente biótipos com maior potencial de rendimento cárneo.

A falta de registros genealógicos contínuos e de programas de melhoramento estruturados limitou a aplicação de métodos tradicionais de seleção, impedindo que o potencial produtivo da raça fosse plenamente explorado. Nesse contexto, a seleção genômica pode contribuir com a avaliação genética ao utilizar parentesco genômico baseado em marcadores para a predição de valores genéticos genômicos (GEBVs) com acurácias moderadas a altas mesmo em populações sem pedigree estruturado, acelerando o ganho genético através da redução do intervalo entre gerações (REDING et al., 2023).

Diferente de outras raças com maior efetivo e com controles zootécnicos bem estruturados, o Curraleiro Pé-Duro carece de estudos e possui poucos animais com informações de desempenho, o que dificulta a utilização de metodologias mais eficientes na predição do mérito genético dos animais. A carência de critérios de seleção voltados especificamente para a carcaça, que isolem o mérito muscular, torna-se, portanto, o principal gargalo para a inserção definitiva da raça em sistemas de produção competitivos (SILVA et al., 2024; ALMEIDA et al., 2024).

O uso de índices multicaracterísticos permite ponderar características de crescimento, conformação e carcaça, garantindo que o ganho genético em musculabilidade não ocorra em detrimento da precocidade ou da eficiência biológica (ALMEIDA et al., 2024). No caso da raça Curraleiro Pé-Duro, a implementação de um índice otimizado torna-se estratégica, pois possibilita a identificação de biótipos funcionais que unam a rusticidade ancestral à produtividade exigida pelo mercado,

transformando a complexidade dos dados de ultrassonografia e genômica em uma ferramenta de decisão precisa e de alto impacto para o progresso genético da raça.

Diante dessa lacuna científica e tecnológica, o objetivo com esta pesquisa foi aplicar o método BLUP genômico (GBLUP) para predição de valores genéticos e desenvolver um índice de seleção genômico integrando características de carcaça e de conformação corporal na predição do mérito genético dentro da raça Curraleiro Pé-Duro.

Materiais e Métodos

Os dados analisados foram oriundos de um banco de dados construído no âmbito do projeto “Conservação, caracterização e desenvolvimento da raça Curraleiro Pé-Duro” da Embrapa Meio-Norte e Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia com a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Curraleiro Pé-Duro (ABCPD), em parceria com a Universidade Federal do Piauí (UFPI), com apoio do CNPq, por meio do projeto “Manejo genético de bovinos Curraleiro Pé-Duro visando o desenvolvimento e seleção para características de importância econômica”, com aprovação dos Comitês de Ética no Uso Animal (CEUA) da Embrapa (Certificado 03.2023) e da UFPI (Parecer nº 683/21), respectivamente.

O estudo foi realizado entre 2023 e 2025, por meio de visitas técnicas a 31 propriedades rurais localizadas nas regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste do Brasil, abrangendo os principais núcleos de criação da raça Curraleiro Pé-Duro. O banco de dados final incluiu 2.895 animais registrados na ABCPD, dos quais 1.663 possuíam mensurações de área de olho de lombo (AOL), 2.529 possuíam registros de peso corporal e 2149 apresentavam registros de altura da garupa. Adicionalmente, 1.889 animais foram genotipados utilizando o painel GGP Bovine 100k (Neogen).

A coleta de sangue foi realizada com auxílio de tubos a vácuo contendo EDTA. As amostras foram mantidas sob refrigeração em gelo e encaminhadas à Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, onde foram processadas e posteriormente enviadas para genotipagem.

Foram realizadas mensurações de área de olho de lombo (AOL), e espessura de gordura subcutânea (EGS) realizadas no músculo *Longissimus dorsi*, entre a 12ª e a 13ª costelas, com o auxílio de um aparelho de ultrassonografia Aloka SSD 500, equipado com sonda linear de 3,5 MHz. Para otimizar a qualidade das imagens, foi utilizado um acoplador stand-off e óleo vegetal como meio de acoplamento acústico. As imagens foram armazenadas em formato digital e analisadas posteriormente com auxílio do software ImageJ, versão 1.54 (RASBAND, 2018), permitindo a determinação precisa da AOL em centímetros quadrados.

As características de tamanho corporal mensuradas foram: altura da cernelha (AC, cm), distância vertical do ponto mais alto da cernelha ao solo, medida com hipômetro, perpendicular ao

piso; altura da garupa (AG, cm): distância vertical do ponto médio do sacro ao solo, com hipômetro, perpendicular ao piso; comprimento corporal (CC, cm): distância horizontal entre a ponta do ombro (articulação escápulo-umeral) e a ponta da nádega, medida com fita métrica inextensível, mantendo a fita paralela ao solo; circunferência torácica (CT, cm): perímetro do tórax imediatamente caudal à escápula (aprox. 4°–5° espaço intercostal), com fita métrica inextensível, mensurado ao final da expiração. profundidade torácica (PT, cm): distância vertical da linha dorsal na altura da cernelha até o ponto mais ventral do esterno, obtida com hipômetro, perpendicular ao piso; relação profundidade torácica/altura da cernelha (PT/AC %); ângulo interno da garupa (ÂG, graus) utilizando aparelho goniômetro entre a última vértebra lombar a primeira sacral.

Os valores de AOL e EGS foram ajustados para 100 kg (Autor) adaptados da metodologia proposta por MARESTONE et al. (2022), considerando tamanho da raça Curraleiro Pé-Duro.

$$AOL100c = AOLx \left(\sqrt[3]{\frac{100}{Peso}} \right)^2,$$

Em que AOL100c representa a medida de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) ajustada para a unidade de 100 kg de peso corporal, expressa em cm² e mm²;

Em análise preliminar para edição e consistência dos dados fenotípicos, foram mantidos para as análises subsequentes apenas animais com informação de ano de nascimento, fazenda, sexo e idade no dia da coleta. Os animais foram designados em grupos de contemporâneos constituídos pelos efeitos de sexo do animal (1 = macho e 2 = fêmea), ano de coleta (2023 a 2025) e fazenda (1 a 31). A idade do animal no momento da coleta foi utilizada como co-variável (efeito linear). Amostras com valores acima ou abaixo de três desvios padrão da média de cada grupo contemporâneo foram removidas.

O controle de qualidade de dados genômicos foi realizado com uso do software R (versão 4.5.2). Foram removidos SNPs localizados em posições genômicas desconhecidas ou em cromossomos não autossômicos (1.192.401). Marcadores com Minor Allele Frequency (MAF) menor que 0,05 (n = 5.779), Call Rate menor que 0,95 (n = 2.844) e desvio extremo do equilíbrio de Hardy-Weinberg (P<10⁻⁶, n = 1.999) também foram removidos. Após o controle de qualidade, restaram para as análises informações de 78.335 SNPs e 1.853 amostras.

O modelo estatístico geral utilizado para as análises tricaracterística pode ser descrito conforme a seguinte equação matricial:

$$y = X\beta + Z\alpha + e$$

em que: **y** é o vetor das observações fenotípicas para cada animal; **β** é o vetor de efeitos fixos (GC e idade do animal como covariável); **μ** é a média geral da característica; **X** é a matriz de incidência

que relaciona as observações aos efeitos fixos; $\mathbf{Z}$ corresponde a matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos. $\boldsymbol{\alpha}$ é o vetor dos valores genéticos aditivos genômicos; $\mathbf{e}$ é o vetor dos efeitos residuais aleatórios.

Assume-se que $\boldsymbol{\alpha}$ e $\mathbf{e}$ seguem uma distribuição normal multivariada com média zero e matrizes de (co)variância definidas por:

$$\text{Var}(\boldsymbol{\alpha}) = \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{G}$$

$$\text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I}$$

em que: $\mathbf{G}_0$ é uma matriz de (co)variância genética aditiva entre as três características (3x3); $\mathbf{G}$ é a matriz de parentesco genômico (N x N); $\mathbf{R}_0$ é a matriz de (co)variâncias residuais entre as três características (3 x 3); $\mathbf{I}$ é uma matriz identidade de dimensão $N \times N$, correspondente ao número de observações; $\otimes$ representa o operador do produto de Kronecker.

A matriz de relacionamento genômico, ($\mathbf{G}$) quantifica a semelhança genética entre os indivíduos a partir dos dados de SNPs, sendo calculada conforme o método 1 de VAN RADEN (2008):

$$\mathbf{G} = \frac{\mathbf{Z}\mathbf{Z}'}{k}$$

em que $\mathbf{Z}$ matriz de genótipos centralizada, obtida por $\mathbf{Z} = \mathbf{M} - 2\mathbf{P}$; $\mathbf{M}$ é a matriz de genótipos com os valores codificados como 0, 1 e 2 para contagem do alelo de referência; $\mathbf{P}$ é a matriz contendo as frequências alélicas expressas como $2p_j$; k é a constante de escalonamento, dada por $2\sum p_j(1 - p_j)$ que corresponde à soma das variâncias esperadas para todos os loci. Devido à inexistência de informações de pedigree para a população estudada, a matriz $\mathbf{G}$ substituiu integralmente a matriz de parentesco tradicional ($\mathbf{A}$).

A incorporação da informação genômica nos modelos de avaliação foi realizada pela substituição da inversa da matriz de parentesco ($\mathbf{A}^{-1}$) pela inversa da matriz genômica ($\mathbf{G}^{-1}$). Para o modelo multicaracterística, o sistema de equações incorpora as inversas das matrizes de (co)variância genética ($\mathbf{G}_0^{-1}$) e residual ($\mathbf{R}_0^{-1}$), sendo apresentado como:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'(\mathbf{R}_0^{-1}\mathbf{I})\mathbf{X} & \mathbf{X}'(\mathbf{R}_0^{-1}\mathbf{I})\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'(\mathbf{R}_0^{-1}\mathbf{I})\mathbf{X} & \mathbf{Z}'(\mathbf{R}_0^{-1}\mathbf{I})\mathbf{Z} + (\mathbf{G}_0^{-1}\mathbf{G}^{-1}) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\boldsymbol{\alpha}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'(\mathbf{R}_0^{-1}\mathbf{I})\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'(\mathbf{R}_0^{-1}\mathbf{I})\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

Onde:

$\mathbf{R}_0^{-1}$ e $\mathbf{G}_0^{-1}$ representam as inversas das matrizes de (co)variância genética e residual; $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ e $\hat{\boldsymbol{\alpha}}$ são as estimativas e predições dos efeitos fixos e genéticos, respectivamente.

As análises foram conduzidas em duas etapas. Inicialmente, os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados via Inferência Bayesiana por meio de modelo animal em

análises tricaracterísticas, com o uso do software GIBBSF90+ (MISZTAL et al., 2018), conforme descrito no Capítulo 2. Posteriormente, as estimativas a posteriori das variâncias foram utilizadas como valores conhecidos para a predição dos Valores Genéticos Genômicos (GEBVs) através do método GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction), utilizando a matriz de parentesco genômico (G) conforme descrito por VanRaden (2008).

A predição dos Valores Genéticos Genômicos (GEBVs) foi realizada pelo método GBLUP (*Genomic Best Linear Unbiased Prediction*) no software BLUPF90+, utilizando a matriz de parentesco genômico (G).

As acurácias teóricas dos valores genéticos foram calculadas usando os erros padrão de predição (SEP_{ij}^2) estimados a partir da inversa das equações dos modelos mistos fornecidos pelo BLUPF90+. A acurácia teórica baseia-se na pressuposição de que o modelo estatístico utilizado corresponde ao modelo genético verdadeiro (MRODE, 2014), sendo obtida pela equação:

$$Acc = 1 - \sqrt{\left(\frac{SEP_{ij}^2}{\sigma_{\alpha j}^2}\right)}.$$

Em que: SEP_{ij}^2 é o erro padrão de predição do valor genético do animal i para a acurácia j e $\sigma_{\alpha j}^2$ é a variância genética aditiva da característica j .

O mérito genético total foi definido pelo Índice de Seleção CPD (I_{CPD}), estruturado para promover o equilíbrio entre eficiência de carcaça, tamanho corporal e precocidade funcional. das unidades de medida, as DEPs foram padronizados para a mesma escala (Z-scores) (HAZEL, 1943):

$$Z = \frac{(DEPs - \mu)}{\sigma_g}$$

Em que: Z é o valor final padronizado do animal, número puro sem unidade; $GEBV$ o valor genético genômico atribuído ao animal para a característica específica; σ_g desvio-padrão.

A ponderação final adotada foi: $I_{CPD} = (Z_{AOL100c} \times 0,20) + (Z_{EGS} \times 0,15) + (Z_{PA} \times 0,40) + (Z_{PTAC} \times 0,15) + (Z_{CT} \times 0,10)$,

Essa ponderação baseada no objetivo de seleção de priorizando a eficiência muscular (20% - AOL100c) e a precocidade de acabamento (15% EGS) destinando 65% do índice focado em tamanho e conformação corporal (PA, PTAC e CT) para garantir a funcionalidade e o peso.

A confiabilidade das predições do índice de seleção foi estimada através da acurácia média do índice. Devido à natureza composta do I_{CPD} , a acurácia final para cada animal foi obtida pela média aritmética das acurácias individuais dos Valores Genéticos Genômicos (GEBVs) das características avaliadas (AOL100c, EGS100c, PA, PTAC e CT).

Para permitir a aplicação estratégica de diferentes intensidades de seleção, a população foi estratificada em decis de mérito baseados na distribuição de probabilidade acumulada (DECA). Essa categorização estruturou-se em dez estratos progressivos, sendo o primeiro decil, (10% = DECA 1) definido como o núcleo elite de máxima pressão seletiva.

A eficiência do Índice CPD, em contraste com a seleção baseada em características isoladas, foi avaliada mediante a análise de dispersão dos valores genéticos, utilizando-se o critério de ranqueamento de 10% (DECA 1) para a delimitação das subpopulações de interesse. Isso permitiu a categorização dos animais em quatro quadrantes distintos, fundamentados na dinâmica de reclassificação entre os métodos: O Grupo 1 (Consenso de Seleção) incluiu os indivíduos situados na intersecção superior de ambos os critérios, representando a elite genética; Grupo 2 (Seleção pelo Índice) compreendeu animais que, embora não atingissem o limiar crítico na característica individual, foram resgatados pelo índice devido ao seu mérito genético agregado superior; Grupo 3 (Seleção Individual) identificou indivíduos com DEPs extremos para uma única variável; Grupo 4 (Rebanho Geral) consistiu nos Indivíduos que não atenderam aos requisitos mínimos de pressão de seleção em nenhum dos critérios.

A distribuição espacial do mérito genético superior foi avaliada por meio de estratificação demográfica dos animais elites, categorizando os animais do DECA1 pelo ICPD de acordo com o estado de origem e o sexo.

A magnitude da divergência classificatória entre a seleção baseada em características isoladas e o mérito genético total foi quantificada pelo Coeficiente de Correlação de Spearman e por meio de análises de dispersão e consenso. Para cada componente do índice (AOL100c, EGS100c e PA), a população foi estratificada utilizando um truncamento seletivo de 10%. Foram analisadas as correlações entre o Índice_CPD e as variáveis GEBV_PA, GEBV_PTAC, GEBV_AOL100c e GEBV_EGS100c. A visualização foi operacionalizada através de um mapa de calor (*heatmap*) sequencial, utilizando apenas o triângulo superior da matriz para evitar redundância estatística.

Para quantificar a eficácia do índice na identificação de animais com mérito genético equilibrado, aplicou-se uma análise de concordância seletiva. O estrato superior da população (TOP 1) foi isolado individualmente para o ICPD e para os GEBVs de Peso Adulto, AOL e EGS. A intersecção entre esses subconjuntos foi processada e visualizada por meio de Gráficos de UpSet (UpSet plots).

O progresso genético da população foi monitorado por meio da análise de tendência genética, agrupando-se as médias dos GEBVs por ano de nascimento, no intervalo entre 2005 e

2025. A taxa de ganho genético anual foi estimada através de modelo de regressão linear $Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_1 + e_i$; onde Y_i é a média dos valores genéticos no ano i ; β_1 representa a mudança genética anual; X_1 o ano de nascimento (FALCONER; MACKAY, 1996).

A resposta à seleção foi estimada diretamente sobre as diferenças esperadas na progênie (DEPs). O diferencial de seleção genômico foi estabelecido pela diferença entre a DEP média do estrato selecionado (DECA 1) e a DEP média da população total. O Diferencial de Seleção Padronizado Genômico (i_g) foi calculado padronizando-se esse diferencial pelo desvio padrão genômico σ_g de cada característica, permitindo a comparação da pressão exercida pelo índice (ICPD) sobre as diferentes tipologias de carcaça e tamanho corporal.

$$i_g = \frac{\overline{DEPs_{sel}} - \overline{DEPs_{pop}}}{\sigma_g}$$

A eficiência do Índice CPD foi contrastada com a seleção direta para características isoladas por meio do cálculo da eficiência relativa (ER) da seleção indireta. A análise permite mensurar a proporção do ganho genético máximo retido quando a seleção é baseada no índice, comparando-a com a praticada pela seleção de uma única característica (FALCONER; MACKAY, 1996).

A resposta direta genômica (RD_g) foi estimada assumindo o truncamento de 10% da população para cada característica individualmente (DECA 1), utilizando seus DEPs como critério, como segue:

$$RD_g = \overline{DEPs_{JDECA1}} - \overline{DEPs_{pop}}$$

Enquanto a resposta correlacionada genômica (RC_g) foi obtida via seleção pelo ICPD, representando o ganho genético predito quando o critério de seleção aplicado foi exclusivamente o ranking do índice, de acordo com a fórmula:

$$RC_g = \overline{DEP_{J(ICPD_{DECA1})}} - \overline{DEP_{pop}}$$

A eficiência relativa (ER) foi determinada pela razão entre a resposta correlacionada e a direta ($ER: \left(\frac{RC_g}{RD_g}\right) \times 100$), permitindo quantificar quanto do potencial de ganho genético de cada característica é retido ao optar-se pela seleção combinada via índice.

O processamento, a análise estatística e a sistematização dos dados genômicos foram conduzidas integralmente operacionalizados em linguagem de programação R (2024).

Resultados

As estimativas de acurácia média dos valores genéticos para as características de carcaça e de conformação corporal estão descritas na Tabela 1, com resultados estratificados por sexo. As médias das acurácias oscilaram entre 0,28 e 0,39. A maior acurácia média (0,39) foi registrada para a característica de peso adulto. Valores elevados de acurácia também foram observados para a característica AOL100c. As médias de acurácia para os machos foram numericamente superiores às das fêmeas em todas as características avaliadas.

Tabela 1 Estimativas de acurácia média para valores genéticos de machos e fêmeas avaliados para as medidas de carcaça e de conformação corporal em Bovinos Curraleiro Pé-Duro

Sexo	Característica	N	Média $\pm$ DP	Mínimo	Máximo
	AOL100c (cm ²)	427	0,35 $\pm$ 0,17	0,0	0,73
	EGS (mm)		0,32 $\pm$ 0,17	0,0	0,69
	PT.AC (%)		0,35 $\pm$ 0,16	0,0	0,69
	PA (Kg)		0,39 $\pm$ 0,16	0,0	0,70
	CT (kg)		0,36 $\pm$ 0,15	0,0	0,67
Fêmea	AOL100c (cm ²)	1416	0,32 $\pm$ 0,19	0,0	0,73
	EGS (mm)		0,28 $\pm$ 0,19	0,0	0,68
	PT.AC (%)		0,31 $\pm$ 0,16	0,0	0,68
	PA (kg)		0,36 $\pm$ 0,19	0,0	0,70
	CT (kg)		0,32 $\pm$ 0,18	0,0	0,67

AOL100c: área de olho de lombo ajustada para 100kg; EGS: espessura de gordura subcutânea; PA: peso adulto; PT.AC razão da profundidade torácica pela altura da cernelha; CT: circunferência torácica.

A análise de distribuição geográfica dos machos classificados como DECA 1, com base nos valores genéticos, revela uma notável concentração de animais em três estados: Maranhão, Piauí e Pará, representando 79% do total dos animais mais bem ranqueados pelo ICPD (Figura 1).

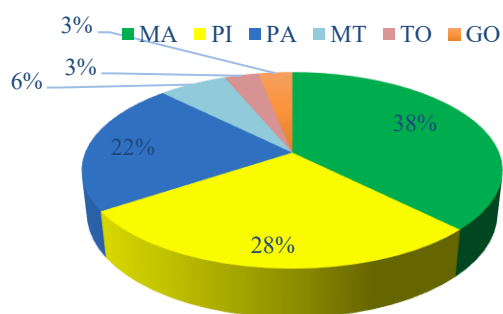


Figura 1: Composição relativa de animais machos Curraleiro Pé-Duro participantes do TOP1 (10%) com base no ICPD por estado.

A distribuição das fêmeas classificadas pelo ICPD no DECA1 está concentrada nos estados do Maranhão (38%), Piauí e Paraíba (17%), destacando as matrizes com mérito superior (Figura 2). Neste aspecto, a representatividade desses estados pelo mérito genético representa 73% dos animais no ranking.

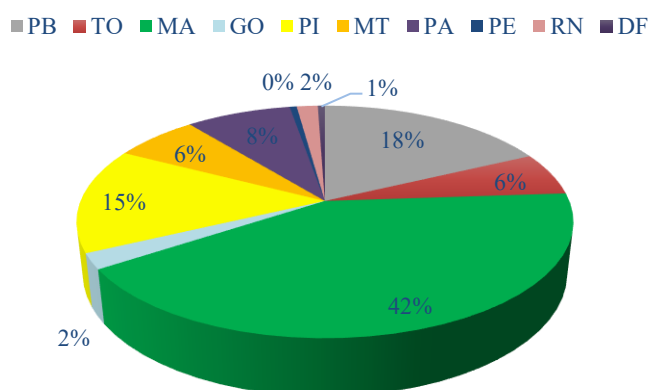


Figura 2: Composição relativa de animais machos Curraleiro Pé-Duro TOP1 (10%) pelo Índice_CPD por estado.

A análise de dispersão dos valores genéticos genômicos (DEPs) em função do Índice CPD aponta que a pressão de seleção no estrato superior da população (DECA1) é exercida de forma heterogênea entre as características de carcaça e de tamanho corporal (Figura 3). Observou-se uma convergência linear robusta entre o índice e as características de composição de carcaça, com EGS e AOL100c apresentando correlações de Spearman (r_s) elevadas, variando entre 0,74 e 0,81.

A seleção pelo ICPD (pontos verdes) e o consenso de seleção (pontos azuis) apresentam forte associação tanto para AOL100c quanto para EGS100c. A distribuição espacial dos dados demonstra

uma densidade predominante no quadrante superior direito, o que ratifica a eficácia do ICPD em capturar os indivíduos de maior mérito genético para rendimento de carcaça (AOL100c) e precocidade de acabamento (EGS100c). O contingente de animais classificados exclusivamente na Seleção Individual (vermelho) apresentou-se abaixo do índice, indicando que o ganho individual para a característica pode ser elevado, porém com marcado desequilíbrio funcional.

Os valores das correlações do Peso Adulto com ICPD foram de altas magnitudes (0,78 e 81 para machos e fêmeas) e apresentaram uma dinâmica de dispersão distinta das características de carcaça (Figura 3). Verificou-se um padrão formado por quatro quadrantes distintos. O quadrante de seleção pelo ICPD (verde) remete a animais com alto mérito global, mas com potencial de ganho moderado. O grupo de seleção individual (vermelho) apresentou animais com valores elevados da DEP para PA; contudo, estes ficaram abaixo dos animais selecionados pelo Índice CPD.

O grupo formado pelo consenso de seleção (pontos azuis) representa o topo das seletividades. Este grupo logrou filtrar animais superiores para o ganho individual em harmonia com o ganho pela seleção pelo índice.

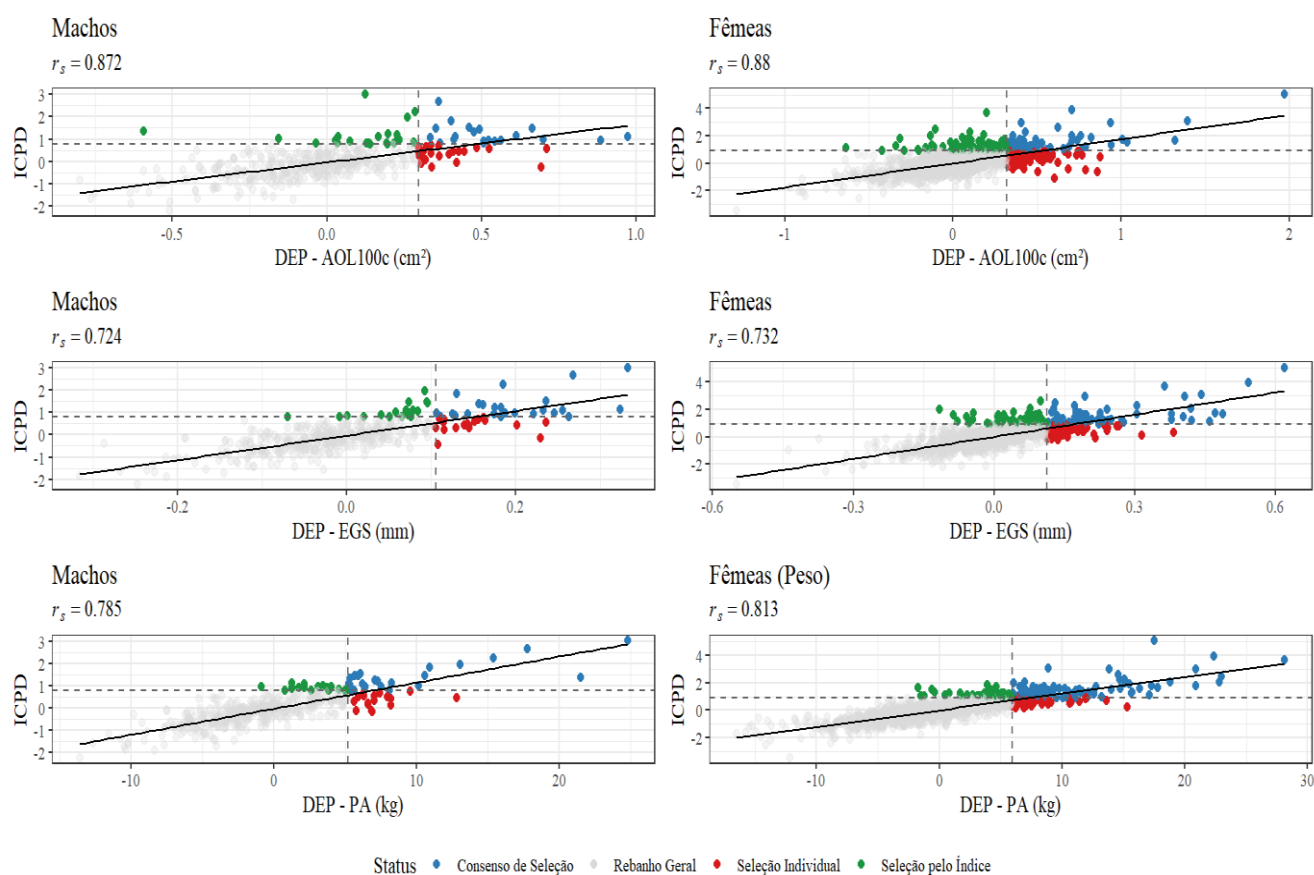


Figura 3. Dispersão das DEPS genômicas, concordância entre a seleção individual (AOL100c, EGS e Peso Adulto) e o mérito genético total (Índice CPD) para machos e fêmeas adultas da raça Curraleiro Pé-Duro.

As correlações de Spearman entre os valores genéticos genômicos preditos (DEPs) e o ICPD revelaram associações positivas (Figura 4). O índice apresentou correlações mais elevadas com GEBV_AOL100c e GEBV_EGS ($r_s = 0,7$ e $0,8$, aproximadamente). A associação com GEBV_PA e GEBV_EGS100c foi de menor magnitude, $r_s = 0,14$.

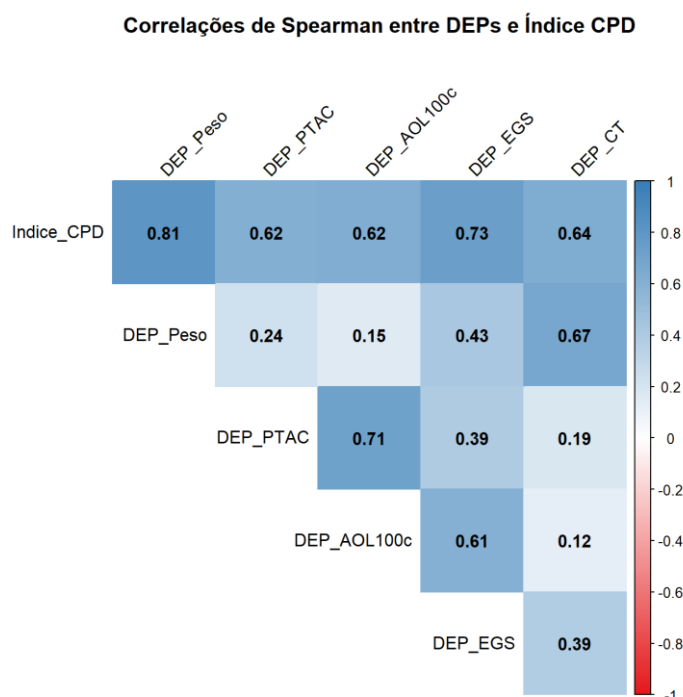


Figura 4. Matriz de correlação de Spearman entre as DEPs para características de conformação corporal de carcaça e o índice de seleção da raça Curraleiro Pé-Duro (Indice_CPD).

As correlações observadas entre a DEP para peso adulto (DEP_PA) e as variáveis ajustadas ao tamanho corporal foram de baixa a moderada magnitude: $r_s = 0,15$ para DEP_AOL100c e $r_s = 0,43$ DEP_EGS, indicando que o ajuste para o tamanho corporal foi eficaz em isolar o potencial genético de musculabilidade e gordura independente da massa corporal total do animal.

Para a característica GEBV_PTAC (Figura 4) a associação foi de baixa a moderada magnitude com DEP_PA ($r_s = 0,24$) e a correlação entre a medida e DEP_AOL100c foi de alta magnitude ($r_s = 0,71$)

A avaliação da eficiência do ICPD na identificação de animais harmonicamente superiores foi conduzida mediante análise de concordância seletiva, empregando diagramas de intersecção para os indivíduos ranqueados no DECA1 (Figura 5)

A análise de intersecção plena, caracterizada pela sobreposição simultânea entre o ICPD e as DEPS (PA, AOL100c e EGS, PTAC e CT) sinalizou a existência simultânea 5 machos e 13 fêmeas (Figura 5). Nos machos a intersecção entre ICPD, PA e AOL100c, identificou 10 animais, nas fêmeas 31.

A análise das frequências isoladas revela que DEP_PA permanece como a característica com o maior contingente de animais selecionados fora de qualquer intersecção com o índice, sendo 19 machos e 63 fêmeas (Figura 5).

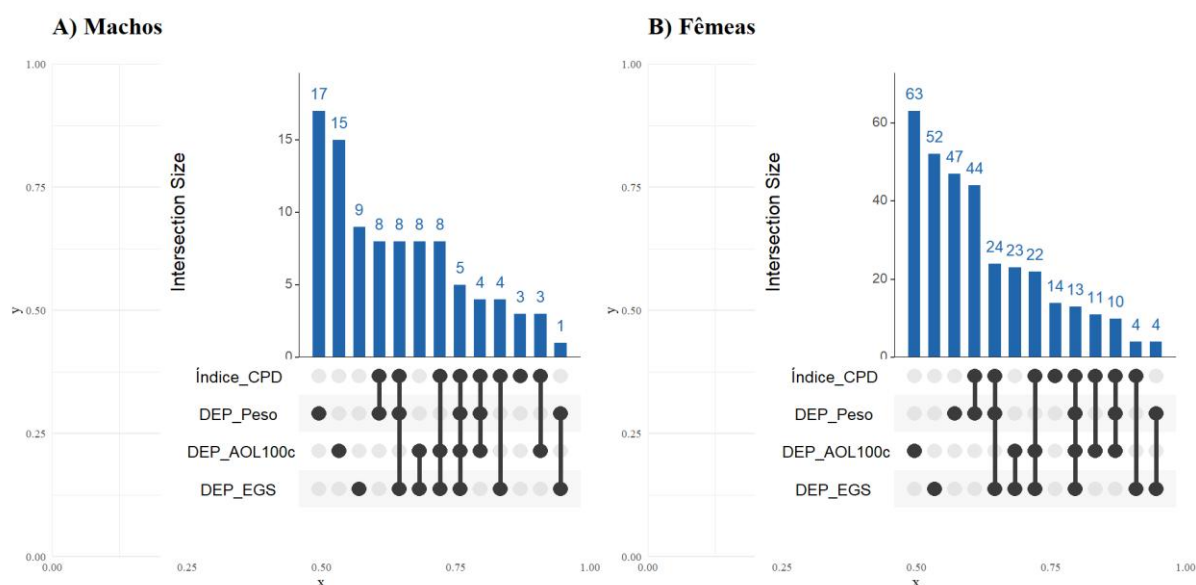


Figura 5: Concordância seletiva de animais (DECA 1) identificados pelo ICPD em comparação à seleção direta para peso adulto DEP_Peso, área de olho de lombo corrigida DEP_AOL100c e espessura de gordura subcutânea DEPS_EGS em bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro.

A análise das tendências genéticas para o ICPD, AOL100c e PA revela um comportamento predominantemente ascendente ao longo dos anos, embora marcado por acentuada volatilidade, especialmente no período anterior a 2017 (Figura 6). Este intervalo inicial caracteriza-se por uma severa depressão dos valores genéticos genômicos médios (GEBVs), com uma transição consolidada para trajetórias de ganho genético positivo apenas após 2017.

Embora a linha de tendência linear (regressão) apresente coeficiente positivo para todas as variáveis, a trajetória real das DEPs expõe instabilidades cíclicas, com médias permanecendo em patamares negativos durante frações significativas da série histórica. Contudo, a aplicação da regressão linear permite distinguir o que é apenas uma tendência visual do que é progresso genético estatisticamente efetivo.

A tendência genética para PA apresenta uma trajetória de maior amplitude de variação absoluta entre as características avaliadas. O ciclo de maior instabilidade compreende os anos de 2008 a 2013; especificamente em 2011, observa-se o ponto crítico de inflexão negativa, com o GEBV médio atingindo aproximadamente -4,8. Diferentemente das demais variáveis, o PA demonstrou picos de recuperação rápidos (como em 2009 e 2015), mas seguidos de deflações abruptas, como a observada entre 2015 e 2017. A partir de 2018, a característica assume uma trajetória de crescimento mais consistente, com valores positivos. A recuperação resultou em um coeficiente de regressão positivo de 0,18 por ano, sendo o único parâmetro com $P < 0,05$ ($P=0,023$). Isso confirma que a mudança genética para Peso Adulto é real e diferente de zero, atingindo DEP próximo a +2,3 em 2025.

A trajetória genética para EGS apresenta a tendência mais discreta em termos de ganho genético acumulado. Assim como as demais, sofreu forte queda em 2011 (valor próximo a -0,06), mas sua recuperação foi mais lenta. Com o maior valor-p encontrado ($P=0,395$) e um coeficiente de regressão próximo à nulidade (0,000878), a característica permanece estatisticamente estagnada. Nota-se um comportamento atípico no fechamento da série (2023-2025), com queda acentuada enquanto as demais sobem, o que reforça a dificuldade de estabelecer progresso constante para a característica na população.

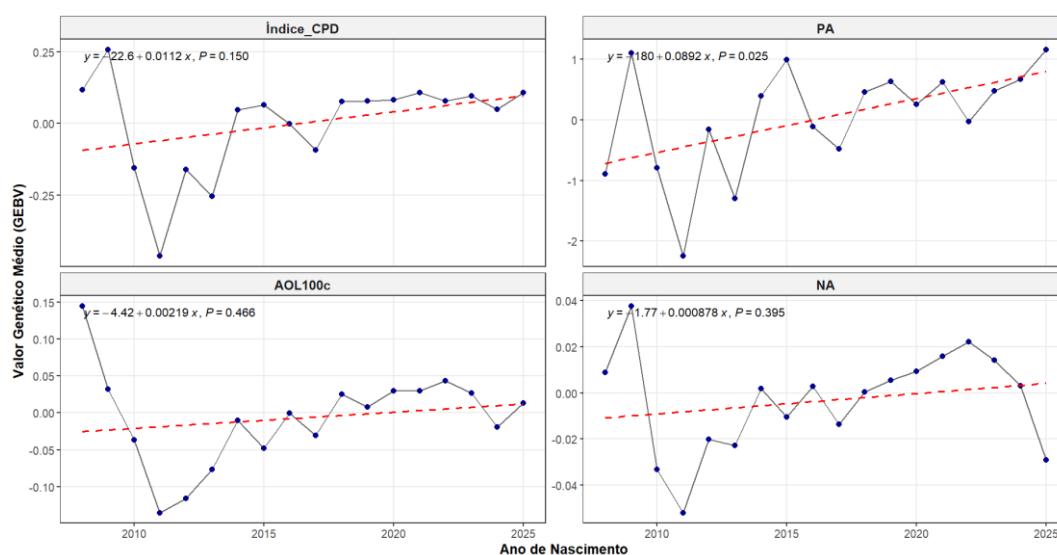


Figura 6: Tendências genéticas médias das DEPs para o índice de seleção (ICPD), peso adulto (PA), área de olho de lombo ajustada (AOL100c) e espessura de gordura subcutânea (EGS) em função do ano de nascimento.

Os resultados ilustrados na Figura 7 apresentam o contraste entre a resposta direta genômica (RD_g) e a resposta correlacionada genômica (RC_g) obtida via seleção pelo Índice CPD.

Observou-se um padrão sistemático em que a seleção direta proporcionou ganhos genéticos superiores para todas as características avaliadas, o que é biologicamente esperado, visto que a seleção direta maximiza o diferencial de seleção para um único objetivo.

A maior disparidade entre os métodos foi registrada para o peso adulto (Figura 7). Enquanto a seleção direta projetou um ganho de 9,6 quilos, a resposta alcançada via Índice CPD foi de 8,0 quilos. Essa diferença acentuada indica que o índice exerce uma pressão de seleção moderada sobre o tamanho adulto, possivelmente para evitar o aumento excessivo das exigências de manutenção dos animais, priorizando um crescimento equilibrado em relação à carcaça.

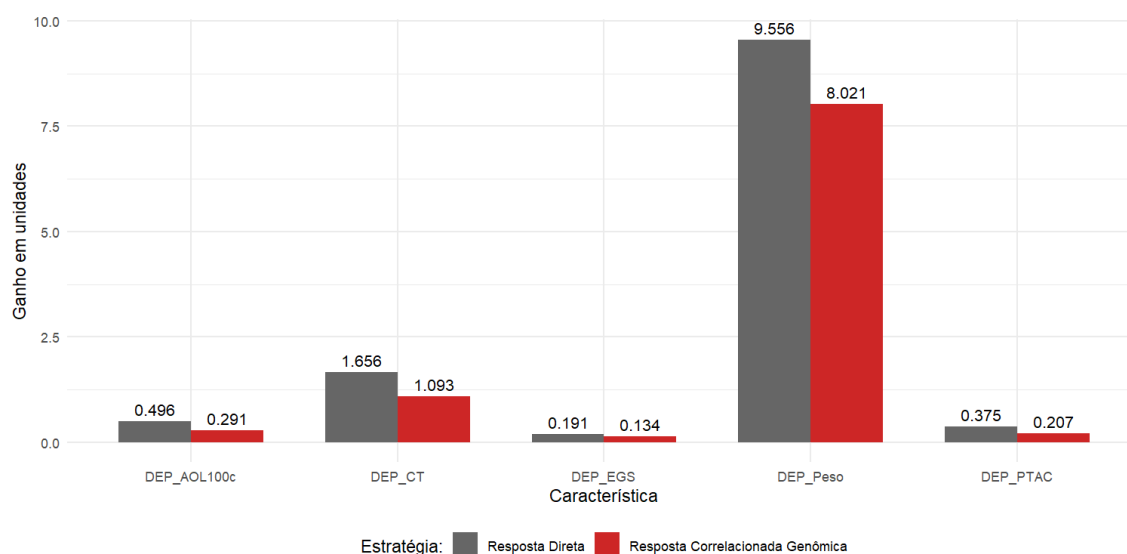


Figura 7: Comparativo entre resposta direta genômica (RD_g) e resposta correlacionada genômica (RC_g) para característica de carcaça (AOL100c, EGS100c), peso adulto (PA) e conformação corporal de bovinos Curraleiro Pé-Duro (DECA 1).

As características de carcaça e de conformação corpórea (AOL100c, EGS, CT e PTAC) apresentaram um comportamento de maior equilíbrio entre os métodos, (Figura 7). A espessura de gordura subcutânea (EGS) demonstrou a menor diferença relativa entre a via direta e a via correlacionada, com amplitude de 0,057mm entre a resposta direta e a via correlacionada.

A distribuição do Mérito Genético Total (ICPD) em função da Acurácia de Predição (Figura 8) revela padrões distintos de confiabilidade e amplitude de seleção entre os sexos. Observa-se uma dispersão variável dos dados, em que a densidade amostral se concentra em torno da média populacional, mas apresenta uma expansão linear da acurácia à medida que os valores genéticos se tornam mais extremos.

Discussão

As médias das acurácias registradas para as características de carcaça e de conformação corporal para o rebanho Curraleiro Pé-Duro são classificadas como de magnitude baixa a moderada (Tabela 1). A magnitude moderada das acurácias pode ser justificada por não ser decorrente de uma limitação genética intrínseca à raça, mas sim reflexo da estrutura ainda incipiente das avaliações na raça.

Diferentemente de raças comerciais, submetidas a uma pressão de seleção artificial intensiva para produtividade, o Curraleiro Pé-Duro consolidou-se como um recurso genético moldado pela seleção natural, com foco na adaptação e resiliência em ambientes restritivos. Os valores estimados são um ponto de partida sólido para uma raça que até recentemente era focada apenas em conservação *ex situ* ou em núcleos de pesquisa (FELIX, 2013).

A observação de valores mínimos iguais a 0,0 para todas as características indica a presença de indivíduos na base de dados que possuem poucas informações ou informações rudimentares, resultando em uma confiabilidade nula (Tabela 1). Por outro lado, a existência de acurácias máximas atingindo 0,73 (AOL100c em machos) demonstra que certos reprodutores já acumularam dados suficientes, seja pelo próprio desempenho individual repetido ou pela avaliação de parentes próximos, para permitir decisões de seleção com risco significativamente reduzido (ROSA et al., 2013).

Uma prática comum consiste na avaliação do desempenho de predições genômicas baseadas nas correlações entre os valores genéticos verdadeiros e os valores genômicos preditos (BRITO et al., 2017). Devido ao tamanho da amostra populacional e ao limitado número de animais genotipados e com informações de fenótipos, não foram divididos os agrupamentos de animais genotipados em população de treinamento e validação; portanto, avaliou-se a acurácia baseada na variância do erro de predição.

A acurácia média para AOL nos machos (0,35) permite que os criadores realizem a seleção com um nível de confiança razoável, embora o risco de mudanças futuras nas DEPs ainda exista (Tabela 1). Dessa maneira, recomenda-se que, para touros com acurácia nessa faixa, seja utilizado um "pool" de reprodutores jovens em vez de concentrar o uso em um único animal, mitigando o risco estatístico (ROSA et al., 2013).

A concentração do mérito genômico nos estados do Maranhão, Piauí e Pará, abrangendo os animais DECA1, reflete relação direta com o maior efetivo populacional genotipados nessas regiões (Figuras 2 e 3). O maior tamanho amostral nesses estados amplia a probabilidade de identificação de animais com mérito superior para as características avaliadas. O fato de os maiores rebanhos também concentrarem a maioria dos animais TOP 1 pode indicar que o progresso genético está ocorrendo de forma consistente nas regiões de maior amostragem. Outra teoria que fundamenta os resultados

apresentados é que, em algumas propriedades, a pressão de seleção fenotípica é empregada, ainda que de maneira pouco estruturada, o que justifica que certos rebanhos na região concentrem mais animais TOP 1.

A análise da distribuição dos valores genéticos genômicos estimados (DEPs) revela que a adoção do ICPD como critério de seleção promove um avanço genético mais equilibrado em comparação à seleção direta, especialmente para características de carcaça (Figura 3). A alta correlação observada para AOL100c e EGS1 indica que o índice de mérito total não apenas engloba essas características, mas as prioriza de forma a garantir que o progresso genético para musculosidade e acabamento ocorra simultaneamente, isolando o efeito de tamanho do animal.

Em termos práticos, a aplicação do ICPD não busca selecionar animais para maior porte, mas sim para animais com maior capacidade de deposição de músculo e gordura na carcaça, sem perder as características de rusticidade, ou seja, preconizando os animais mais eficientes para o sistema produtivo. O índice difere substancialmente dos tradicionais focados em crescimento, comumente aplicados em raças zebuínas no Brasil, como os índices de qualificação frigorífica ou desempenho ponderal (BITTENCOURT et al., 2006; PORTES et al., 2020).

A correlação moderada entre o ICPD e o peso adulto indica que, ao selecionar animais que se destacam no mérito global, mas que possuem DEPs moderadas para peso, a ferramenta priorizou a identificação de animais com maior mérito genético para deposição muscular relativa, em detrimento do aumento indiscriminado do tamanho corporal (Figura 3). Segundo GOULART et al. (2022), o aumento indiscriminado do tamanho adulto em bovinos de corte eleva as exigências nutricionais de manutenção, o que pode reduzir a produtividade líquida do rebanho em ambientes onde o aporte nutricional é sazonal ou limitado.

A dispersão observada na Figura 3, especialmente o grupo de animais com altas DEPs para peso que ficaram abaixo do Índice, ilustra o antagonismo genético frequente entre ganho de peso e precocidade de acabamento. Animais selecionados apenas para peso tendem a ser mais tardios quanto à deposição de gordura; desta maneira, a seleção para peso elevado sem considerar a precocidade de acabamento da carcaça leva a carcaças magras e animais que demoram a depositar gordura subcutânea (LUCHARI FILHO, 2000; SOARES et al., 2024).

O ICPD atua corrigindo essa tendência. Ao penalizar ou simplesmente não priorizar o crescimento vegetativo extremo, o índice seleciona o que KOHN et al. (2005) definem como "eficiência ótima" em vez de "performance máxima". Isso é corroborado pela concentração de animais no quadrante de consenso para EGS100c ($r=0,80$), indicando que o índice é eficaz em identificar animais que atingem o acabamento mínimo de carcaça em idades mais jovens, um requisito essencial para a viabilidade comercial da raça no mercado de carnes.

A aplicação de um índice de seleção é crucial para características que possuem um ponto ótimo intermediário, onde ultrapassar determinados limites fenotípicos torna-se prejudicial ao mérito total do sistema (WELLMANN, 2023). Ao observarmos a Figura 3, nota-se que o ICPD desqualifica animais de peso extremo (quadrante vermelho) em favor de indivíduos que apresentam um equilíbrio harmônico entre deposição de gordura (EGS) e musculosidade (AOL). A sustentabilidade de uma raça nativa depende da sua capacidade de ser economicamente competitiva (PAIVA; MCMANUS; BLACKBURN, 2016).

As correlações de Spearman de alta magnitude observadas entre o ICPD e as DEPs para AOL100c e EGS ratificam a robustez do índice em identificar indivíduos com mérito genético superior para rendimento e acabamento de carcaça (Figura 4). O ponto de maior relevância reside nas correlações moderadas entre PA e as medidas de carcaça. Essa independência é estratégica por permitir selecionar animais que possuem maior proporção de carne na carcaça sem elevar o tamanho adulto, preservando a eficiência biológica e o baixo custo de manutenção inerentes à raça (SUGSAWA et al., 2013; MARESTONE et al., 2022).

A análise de concordância seletiva demonstra que o ICPD atua como uma ferramenta de seleção eficaz, embora revele desafios intrínsecos à correlação entre as variáveis (Figura 5). A partir dos resultados apresentados, pode-se presumir que o índice não apenas se destaca em uma característica isolada, mas mantém um equilíbrio genético superior para peso, musculosidade (AOL100c) e acabamento de carcaça (EGS100c). A baixa concordância total não deve ser interpretada como ineficiência do índice, mas sim como sua capacidade de filtragem.

A baixa frequência observada na concordância plena entre machos e fêmeas no topo da elite para todas as variáveis, não deve ser interpretada apenas como ineficiência, mas sim como a alta capacidade de filtragem do índice frente a um banco de dados heterogêneo (Figura 5). Um fator determinante para esses números reduzidos é a disponibilidade limitada de registros fenotípicos completos. A ausência de animais com todas as medidas mensuradas simultaneamente (peso e ultrassonografia de carcaça) reduz a acurácia da predição pelo índice e limita o universo de animais aptos a compor o núcleo de elite plena. Essa lacuna de dados impõe um desafio ao índice e demanda estratégias de expansão das coletas para que a filtragem seletiva não seja excessivamente restritiva devido à falta de informação.

A observação de que o DEP_PA detém a maior frequência isolada de animais selecionados é um ponto crítico de reflexão (Figura 5). Os resultados indicam que a seleção direta baseada apenas em valores genéticos de peso exacerba os riscos da seleção unidirecional. A ênfase contínua em um número reduzido de características produtivas pode gerar consequências indesejadas na aptidão biológica dos animais, ou seja, o foco exclusivo na produção muitas vezes negligencia os

antagonismos genéticos (VISSER et al., 2025). A seleção focada em peso pode levar a um aumento indesejado no tamanho adulto (*frame*), o que pode comprometer a rusticidade e a eficiência energética em ambientes de recursos limitados (MARESTONE et al., 2022).

A análise das tendências genéticas evidencia um cenário de progresso descontínuo e assistemático ao longo da série histórica (Figura 6). A volatilidade observada em todas as variáveis sugere a ausência de objetivos de seleção consolidados ou a alternância de critérios diretivos. O progresso genético, em vez de exibir um caráter cumulativo, manifestou-se de forma reativa, em que incrementos temporários foram mitigados por depressões subsequentes. Tal oscilação nos GEBVs denota o comportamento de rebanhos sem orientação para ganho genético comercial imediato.

Em populações desprovidas de seleção direcionada para características quantitativas, as tendências genéticas tendem a flutuar aleatoriamente em torno de uma média constante. A ausência de um vetor de seleção resulta em trajetórias de mérito genético sem declínio ou progresso direcional sustentado; consequentemente, tais trajetórias refletem períodos de seleção ineficaz ou com objetivos conflitantes, cujo efeito fenotípico assemelha-se à deriva genética em termos de falta de direcionamento adaptativo (FALCONER; MACKAY, 1996).

A severa depressão observada nas DEPs por volta de 2011 pode ser atribuída a instabilidades na estrutura demográfica do banco de dados, possivelmente pela introdução de animais fundadores com pouco parentesco conhecido, o que tende a "puxar" as médias genéticas para valores basais até que o volume de informações de progênie se estabilize (Figura 6).

A tendência genética para a EGS revela um padrão atípico, possivelmente condicionado pela estrutura demográfica do banco de dados e pelo histórico de manejo genético (Figura 6). A estagnação e o declínio dos valores genéticos não constituem um fenômeno isolado, mas sim o reflexo de uma lacuna histórica na seleção para acabamento de carcaça. Em sistemas onde o melhoramento não é balizado por índices bioeconômicos, a seleção fenotípica tende a priorizar o porte e a estrutura esquelética. Esse viés negligencia a deposição de gordura, característica que apresenta antagonismo fisiológico com o crescimento muscular extremo e o metabolismo de manutenção elevado (RAMON et al., 2021; VISSER, 2025).

Essa ausência de pressão seletiva para precocidade de acabamento pode ter favorecido a manutenção de um biótipo tardio (Figura 5). De acordo com os preceitos do crescimento alométrico, o tecido adiposo é o último a se depositar, sucedendo os tecidos ósseo e muscular. Portanto, a seleção focada exclusivamente em peso e estrutura posterga a maturidade fisiológica dos indivíduos (BERG; BUTTERFIELD, 1976).

O fato de o Peso Adulto (PA) ter sido a única variável com ganho genético estatisticamente significativo ($P < 0,05$) confirma que a pressão de seleção, ainda que indireta, foi direcionada ao

aumento do tamanho corporal. Contudo, essa evolução do PA sem o acompanhamento proporcional da EGS sugere um distanciamento da precocidade biológica. Portanto, a seleção focada prioritariamente em peso e estrutura posterga a maturidade fisiológica dos indivíduos, favorecendo a manutenção de um biótipo tardio (CARVALHO et al., 2007).

A volatilidade recente (2020–2023) sugere que, embora reprodutores e matrizes superiores para acabamento tenham sido introduzidos, a inexistência de acasalamentos direcionados em massa impediu a fixação desses alelos favoráveis. O subsequente retorno aos níveis basais de mérito genético ratifica a inércia da estrutura populacional, ainda dominada por linhagens não selecionadas que atuam como um lastro genético, perpetuando o fenótipo de animais tardios e de baixo acabamento.

A dificuldade em obter progressos rápidos para deposição de gordura é um desafio comum em programas de melhoramento de bovinos de corte, exigindo pressão de seleção contínua e, muitas vezes, o uso de ferramentas genômicas para aumentar a acurácia de predição e acelerar o ganho genético em características de baixa a média herdabilidade (GOMES, 2021).

Para alterar o perfil de acabamento do rebanho sem prejudicar o ganho em musculabilidade, pode ser necessária a revisão das ponderações no ICPD. A atribuição de maior peso relativo às variáveis de gordura ou a implementação de níveis independentes de descarte podem garantir que a precocidade de acabamento e a aptidão reprodutiva não sejam negligenciadas (SILVA et al., 2024).

A superioridade da seleção direta para características individuais (Figura 7) corrobora o princípio de que a seleção simultânea para múltiplos objetivos resulta em uma menor intensidade de seleção efetiva para cada componente individual (BOURDON, 2020). A diluição da pressão de seleção em índices multivariados é um custo esperado em troca de um melhoramento balanceado (FALCONER; MACKAY, 1996).

Embora a seleção direta para EGS tenha apresentado maior ganho absoluto, a resposta via ICPD demonstrou eficiência relativa de 73%. Essa proximidade entre os métodos indica a existência de correlações genéticas favoráveis e sinérgicas entre os componentes do índice, que potencializaram o ganho em acabamento de carcaça mesmo sob uma seleção multicaracterística (Figura 7). Índices multivariados podem aumentar a acurácia da seleção para características de baixa a média herdabilidade (como a EGS), utilizando a informação correlacionada de características de alta herdabilidade (como o peso) como auxiliares, resultando em ganhos indiretos superiores aos diretos em cenários de menor precisão fenotípica (PRAVIA; RAVAGNOLO; URIOSTE, 2014).

Em contraste, a resposta para PA não ser interpretada como uma limitação, mas sim como uma característica estratégica do Índice CPD. Ao moderar o ganho em peso adulto enquanto mantém

altas taxas de progresso para musculosidade (AOL100c, ER = 84,8%) e gordura, o índice promove a seleção de animais com carcaças mais pesadas e acabadas sem elevar excessivamente o porte adulto.

Conclusões

A incorporação da informação genômica na avaliação genética de bovinos Curraleiro Pé-Duro permitiu a obtenção de acurácias de predição satisfatórias para características de carcaça e conformação corporal.

O Índice de Seleção proposto mostrou-se uma ferramenta eficaz, corroborando a hipótese de que a seleção simultânea para peso, musculosidade e acabamento promove ganhos genéticos equilibrados de maneira a superar os critérios tradicionais baseados exclusivamente no peso, ao isolar o mérito genético para deposição muscular e gordura de cobertura, permitindo a identificação de animais precoces sem promover o aumento indiscriminado do tamanho adulto.

As tendências genéticas observadas indicam que, a despeito do ganho genético recente, a variabilidade histórica evidencia a ausência de critérios de seleção estabelecidos, característica comum em rebanhos não submetidos a melhoramento sistemático.

Embora a raça ainda careça de um programa de melhoramento genético estruturado, os resultados demonstram um elevado potencial para seleção. O incremento sistemático no volume de registros é imperativo para elevar a acurácia das predições, viabilizando a inclusão de parâmetros como pesos e ganhos em idades específicas.

Referências Bibliográficas

- BERG, R. T.; BUTTERFIELD, R. M. New concepts of cattle growth. Sydney: Sydney University Press, 1976.
- BITTENCOURT, T.C.C.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Objetivos de seleção para sistemas de produção de gado de corte em pasto: ponderadores econômicos. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia* v. 58, p. 196–204, 2006. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-09352006000200008>.
- BRITO, L. F.; CLARKE, S. M.; MCEWAN, J. C.; MILLER, S. P.; PICKERING, N. K., BAIN, W. E.; DODDS, K. G.; SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F. S. Prediction of genomic breeding values for growth, carcass and meat quality traits in a multi-breed sheep population using a HD SNP chip. *BMC Genetics*, v. 18, n. 7, 2017
- CARVALHO, P. A.; SANCHEZ, L. M. B.; VELHO, J. P.; PIRES, C. C.; VIÉGAS, J. Crescimento alométrico de componentes da carcaça de bezerros de origem leiteira na fase inicial do crescimento pós-natal. *Ciência Rural*, v. 37, n.1, p.224-230, 2007.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4. ed. Harlow: Longman Group, 1996.

- FARIA, C.U.; ANDRADE, W.B.F; PEREIRA, C.F.; SILVA, R.P.; LÔBO, R.B.; Análise bayesiana para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia de bovinos da raça Nelore Mocho, criados em bioma Cerrado. **Ciência Rural**, v. 45, p. 317–322, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140331>.
- FELIX, G. A.; PIOVEZAN, U.; JULIANO, R. S.; SILVA, M. C.; FIORAVANTI, M. C. S. Potencial de uso de raças bovinas locais brasileiras: Curraleiro Pé-Duro e Pantaneiro. **Enciclopédia Biosfera**, v. 9, n.16, p. 1709-1723., 2013.
- GOMES, M. N. B. (org.). **Manual de avaliação de carcaças bovinas**. Campo Grande, MS: Ed. UFMS, 2021. Disponível em: <https://repositorio.ufms.br>. Acesso em: 18 jan. 2026. BOURDON, R. M. **Understanding animal breeding**. 3. ed. Upper Saddle River: Pearson/Prentice Hall, 528 p., 2020.
- GOULART, R. S.; TEDESCHI, L. O.; SILVA, S. L.; LEME, P. R.; ALENCAR, M. M.; LANNA, D. P. D. The energy requirement for maintenance of Nelore crossbreds in tropical conditions during the finishing period. **Journal of Animal Science**, v. 100, n.5, 2022. <https://doi.org/10.1093/jas/skac125>
- HAYES, B. J.; BOWMAN, P. J.; CHAMBERLAIN, A. J.; GODDARD, M. E. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, v. 92, n. 2, p. 433-443, 2009.
- LOURENÇO, D. A. L. et al. Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *Journal of Animal Science*, v. 93, n. 6, p. 2653-2662, 2015.
- LUCHIARI FILHO, A. A pecuária da carne bovina. São Paulo: **LinBife**, 2000.
- MARESTONE, B. S.; et al. Genetic parameters for tradicional and móvel ultrasound carcass traits in Nelore cattle. *Tropical Animal Health and Production*, v. 54, n. 34, 2022.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D. A. L.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. G. **Manual for BLUPF90 family of programs**. Athens: University of Georgia, 125 p. 2018.
- MRODE, R. A. et al. Genomic selection and use of molecular tools in breeding programs for indigenous and crossbred cattle in developing countries: current status and future prospects. **Frontiers in Genetics**, v. 9, p. 694, 2019.
- MRODE, R. A. **Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values**. 3. ed. Wallingford: **CABI Publishing**, 2014.
- PAIVA, S. R.; MCMANUS, C. M.; BLACKBURN, H. D. Conservation of animal genetic resources – A new tact. **Livestock Science**, v. 193, p. 32-38, nov. 2016. DOI: 10.1016/j.livsci.2016.09.006.
- PATERNIO FM, BUZANSKAS ME, KOURY FILHO W, LÔBO RB & QUEIROZ SA. Evaluation of body weight and visual scores for genetic improvement of Nelore cattle. **Trop Anim Health Prod** v.49, n.3, p. 467-473, 2017 . doi 10.1007/s11250-016-1215-2.
- PORTES, J. V.; MENEZES, G. R. O.; MACNEIL, M. D.; DA SILVA, L. O. C.; GONDO, A.; BRACCINI NETO, J. Selection indices for Nelore production systems in the Brazilian Cerrado. **Livestock Science**, v. 180, 11-17, (2020). <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2015.06.024>
- PRAVIA, M. I., RAVAGNOLO, O., & URIOSTE, J. (, August). Development of selection indexes for a beef cattle production system from available EPDs. In **Proceedings** [...], Vancouver, BC, 2014.
- RAMÓN, M.; CARABAÑO, M. J.; DÍAZ, C.; KAPSONA, V. V.; BANOS, G.; SÁNCHEZ-MOLANO, E. Breeding Strategies for Weather Resilience in Small Ruminants in Atlantic and

Mediterranean Climates. **Frontiers in Genetics**, v.12, n. 692121, 2021.

<https://doi.org/10.3389/fgene.2021.692121>

RAMOS, P. V. B.; DA SILVA, L. O. C.; PEREZ, B. D. C.; TORRES JÚNIOR, R. A. D. A.; MENEZES, G. R. D. O.; ALVARENGA, L. C.; TORRES FILHO, R. D. A.; DUARTE, M. D. S.; SILVA, F. F. Stayability and consecutive rebreeding ability associated to carcass and growth traits in Brazilian Nellore cattle: A Bayesian framework. **Livestock Science**, v. 245, p. 104416, 2021.

RASBAND, W. S. **ImageJ**. U. S. National Institutes of Health, Bethesda, Maryland, USA, 2018. <https://imagej.net/ij/>.

REDING, J. J.; VAN DER WESTHUIZEN, R. R.; VAN MARLE-KÖSTER, E.; THERON, H. E.). Evaluating the effect of ssGBLUP on a composite beef cattle population with limited pedigree completeness. **Interbull Bulletin**, v. 59, 2023.

SCHMIDT, P. I., CAMPOS, G. S., LÔBO, R. B., SOUZA, F. R. P., BRAUNER, C. C., BOLIGON, A. A. Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nellore females. **Theriogenology**. v. 108, p. 81-87, mar. 2018.

SEARLE, S. R. **Matrix Algebra for the Biological Sciences**. New York: John Wiley & Sons, 1996.

SILVA, D. O., FERNANDES JÚNIOR, G. A., FONSECA, L. F. S., MOTA, L. F. M., BRESOLIN, T., CARVALHEIRO, R., & ALBUQUERQUE, L. G.. Genome-wide association study for stayability at different calvings in Nellore beef cattle. **BMC Genomics**, v. 25, n. 1, p. 93, 2024. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10020-y>.

SOARES BB, BRUNES LC, BALDI FS, CARMO AS, PEREIRA LS, CARVALHO RA, NARCISO MG & MAGNABOSCO CU. **Parâmetros Genéticos para Características Morfológicas, Desempenho e de Carcaça em Bovinos Nelore**. Boletim Pesq Desenvolvimento Nº 388, 39 p, 2021.

SOARES, B. B.; BRUNES, L. C.; BALDI, F. S.; CARMO, A. S. PEREIRA, L. S.; CARVALHO, R. A.; NARCISO, M. G.; AMORIM, S. T.; SAINZ, R. D.; MAGNABOSCO, C. U. Genetic parameters for visual scores, growth and carcass traits in Nellore Cattle. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, Rio de Janeiro, v. 96, n. 1, e20230010, 2024.

SUGUISAWA, L.; MATOS, B. C.; SUGUISAWA, J. M. Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e qualidade de carne. In: ROSA, A. N.; MARTINS, E. N.; MENEZES, G. R. O.; SILVA, L. O. C. (eds.). Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus (Embrapa). p. 97–107, 2013.

RSTUDIO TEAM. RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC, Boston, MA, 2024. Disponível em: <http://www.rstudio.com>

SUGUISAWA, L.; MATOS, B. C.; SUGUISAWA, J. M. Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e qualidade de carne. In: ROSA, A. N.; MARTINS, E. N.; MENEZES, G. R. O.; SILVA, L. O. C. (eds.). Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus (Embrapa). p. 97–107, 2013.

VAN VLECK, L. D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal sciences**. New York: W. H. Freeman, 391 p, 1987.

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414-4423, 2008. DOI: 10.3168/jds.2007-0980.

VISSER, C. The impact of genetic selection for increased production on fitness traits of small ruminants. **Small Ruminant Research**, [s. l.], v. 247, n. 107491, p. 1-8, jan. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2024.107491>.

WELLMANN, R. Selection index theory for populations under directional and stabilizing selection. **Genetics Selection Evolution**, v. 55, n. 10, 2023. DOI: [10.1186/s12711-023-00776-4](https://doi.org/10.1186/s12711-023-00776-4).

WIGGANS, G. R. et al. The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. *Journal of Dairy Science*, v. 94, n. 6, p. 3202-3211, 2011.

