



**UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
BACHARELADO EM ZOOTECNIA**

GIOVANNA MARIA DOS SANTOS CÂMARA

**UTILIZAÇÃO DO ÍNDICE DE FIXAÇÃO ALÉLICA PARA DETECÇÃO DE
ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM BOVINOS DAS RAÇAS GIR, NELORE E SINDI**

**AREIA
2022**

GIOVANNA MARIA DOS SANTOS CÂMARA

UTILIZAÇÃO DO ÍNDICE DE FIXAÇÃO ALÉLICA PARA DETECÇÃO DE ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM BOVINOS DAS RAÇAS GIR, NELORE E SINDI

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Zootecnia da Universidade Federal da Paraíba, como requisito para obtenção do título de Bacharel em Zootecnia.

Orientador: Prof. Dr. Marcos Eli Buzanskas

**AREIA
2022**

Catálogo na publicação
Seção de Catalogação e Classificação

C172u Camara, Giovanna Maria Dos Santos.

Utilização do índice de fixação alélica para
detecção de assinaturas de seleção em bovinos das raças
gir, nelore e sindi / Giovanna Maria Dos Santos Camara.
- Areia:UFPB/CCA, 2022.

31 f. : il.

Orientação: Marcos Eli Buzanskas.
TCC (Graduação) - UFPB/CCA.

1. Zootecnia. 2. Bos taurus indicus. 3. Genes. 4.
Melhoramento genético. I. Buzanskas, Marcos Eli. II.
Título.

UFPB/CCA-AREIA

CDU 636(02)

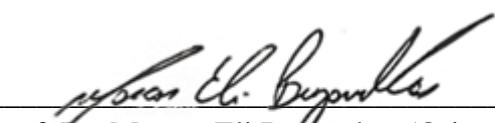
GIOVANNA MARIA DOS SANTOS CÂMARA

**UTILIZAÇÃO DO ÍNDICE DE FIXAÇÃO ALÉLICA PARA DETECÇÃO DE
ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM BOVINOS DAS RAÇAS GIR, NELORE E SINDI**

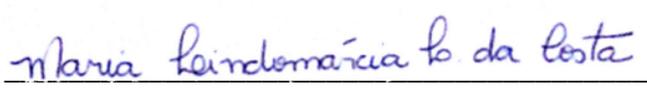
Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Zootecnia da Universidade Federal da Paraíba, como requisito para obtenção do título de Bacharel em Zootecnia.

Aprovada em: 20/06/2022.

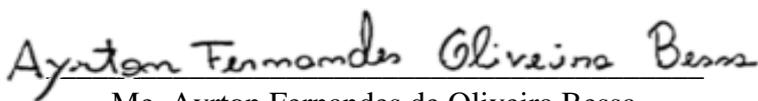
BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. Marcos Eli Buzanskas (Orientador)
Universidade Federal da Paraíba (UFPB)



Profa. Dra. Maria Lindomárcia Leonardo da Costa
Universidade Federal da Paraíba (UFPB)



Me. Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa
Universidade Federal da Paraíba (UFPB)

Aos meus pais, por todo amor e companheirismo.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por me manter firme nos momentos de dificuldade e por me dá forças para seguir o meu propósito.

Aos meus pais, Maria José e Erinaldo, pelo amor incondicional, incentivo, motivação e suporte para alcançar meus objetivos e por sempre acreditarem em mim. Vocês são minha fonte de inspiração e exemplo na vida.

A meu orientador, professor Dr. Marcos Eli Buzanskas, por toda ajuda no desenvolvimento deste trabalho, pelos ensinamentos, dedicação e por ser uma inspiração no meio acadêmico. Serei eternamente agradecida.

Ao Dr. Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva e à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, por fornecerem os dados utilizados neste estudo.

À minha irmã Brunna, por me ter como exemplo.

À minha família, pelo carinho e por sempre se fazerem presente.

Aos meus avós, vó Deta (in memoriam), vó Jovem (in memoriam), vó Geraldo (in memoriam) por todo carinho que recebi na minha infância.

Aos professores do Curso de Zootecnia da UFPB, em especial, Marcos, Ludmila, Maria Betânia, Isabele Kaneko, Lindomarcia e Geovane, pela orientação e oportunidade nos projetos de extensão, pibic e monitoria, contribuindo significativamente na minha formação como profissional. Aline e Ariosvaldo que contribuíram ao longo desses semestres, por meio das disciplinas e debates.

Aos amigos de classe, Alyne, Elias, Milena, Layla, Iasmin, Mirta, Matheus e Layoraine pelos momentos de amizade e companheirismo durante esses anos. Vocês se tornaram família.

Ao meu namorado, Matheus, pelas palavras de incentivo, por todo amor e cuidado.

As minhas amigas de infância, Amanda, Chiara, Julimar e Paulinha, por compartilharem todos os momentos e pela amizade ao longo desses anos.

RESUMO

Assinaturas de seleção são regiões do genoma submetidas a alterações em suas frequências alélicas devido à seleção natural ou artificial, podendo estar associadas a determinadas características de interesse zootécnico. Tais regiões podem auxiliar na compreensão de como a seleção pode ter alterado a constituição genética das populações. Com isso, o objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar assinaturas de seleção presentes em animais das raças Gir, Nelore e Sindi oriundos do Brasil e do continente asiático. Após o controle de qualidade das amostras, foram utilizados 168 animais Nelore do Brasil (NBR), 589 animais Gir do Brasil (GBR), 49 animais Sindi do Brasil (SBR), 49 animais Nelore da Índia (NIN), 27 animais Gir da Índia (GIN) e 9 animais Sindi do Paquistão (SPK). Foi utilizado o painel BovineHD BeadChip da Illumina de alta densidade (777.962 marcadores do tipo SNP – “single nucleotide polymorphism”). O método *Fst* (índice de fixação alélica) foi utilizado para a identificação das assinaturas de seleção, por meio do programa PLINK v.1.9. Na definição das regiões de assinatura foi considerado as 10 maiores janelas com tamanho de 50kb. Os totais de janelas obtidas para *Fst*, nas raças Gir, Nelore e Sindi foram 48.197, 48.484 e 48.820, respectivamente, e as médias de *Fst* das janelas foram iguais a 0,06, 0,03 e 0,04. Observou-se que os valores mínimos e máximos de *Fst* nas janelas variaram de 0,79 a 0,88 para a raça Gir, 0,26 e 0,38 para a raça Nelore e 0,48 e 0,61 para a raça Sindi. Verificou-se que os genes DCC, STAG1, DHRS11, ZNF346, MXD3, NSD1, MAP3K3, ALOX5, MBNL1, PIKFYVE, FGFR4 e EXOC2, identificados nas regiões de assinaturas de seleção, foram associadas, por outros estudos, com características de produtivas, reprodutivas e de adaptação. As assinaturas de seleção aqui identificadas para animais Gir, Nelore e Sindi indicaram quais são as regiões que caracterizam as populações bovinas oriundas do Brasil e que as diferenciam das populações bovinas do continente asiático.

Palavras-chave: *Bos taurus indicus*; *Fst*, genes; melhoramento genético.

ABSTRACT

Selection signatures are regions of the genome that undergo changes in their allele frequencies due to natural or artificial selection, which are associated with certain traits of economic interest. Such regions assist to understand how selection may have altered the genetic constitution of populations. Thus, the objective of this work was to identify and characterize selection signatures present in Gir, Nelore and Sindi animals from Brazil and the Asian continent. After quality control of the samples, 168 Nelore animals from Brazil (NBR), 589 Gir animals from Brazil (GBR), 49 Sindi animals from Brazil (SBR), 49 Nelore animals from India (NIN), 27 Gir animals from India (GIN) and 9 Sindi animals from Pakistan (SPK) were considered in the analyses. Genotypes from the Illumina BovineHD BeadChip high-density panel (777,962 SNPs - single nucleotide polymorphism) was used. The *Fst* method (allelic fixation index) was used to identify the selection signatures by means of the PLINK v.1.9 software. In defining the signature regions, the 10 largest windows with a size of 50kb were considered. The totals of windows obtained for *Fst*, in the Gir, Nelore and Sindi breeds were 48,197, 48,484 and 48,820, respectively, and the averages of *Fst* of the windows were equal to 0.06, 0.03 and 0.04. It was observed that the minimum and maximum values of *Fst* in the windows ranged from 0.79 to 0.88, for the Gir breed, 0.26 and 0.38, for the Nelore breed, and from 0.48 and 0.61, for the Sindi breed. It was found that the genes DCC, STAG1, DHRS11, ZNF346, MXD3, NSD1, MAP3K3, ALOX5, MBNL1, PIKFYVE, FGFR4 and EXOC2, identified in the regions of selection signatures, were associated, by other studies, with productive, reproductive, and adaptation traits. The selection signatures identified here for Gir, Nelore and Sindi animals indicated which regions characterize the bovine populations from Brazil and which differentiate them from the bovine populations of the Asian continent.

Keywords: animal breeding; *Bos taurus indicus*; *Fst*, genes; selection signatures.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	8
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	10
2.1 Raça Gir	10
2.2 Raça Nelore.....	10
2.3 Raça Sindi	11
2.4 Assinaturas de seleção.....	12
3 METODOLOGIA.....	13
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
4.1 Assinaturas de seleção em animais Gir	17
4.2 Assinaturas de seleção em animais Nelore.....	18
4.3 Assinaturas de seleção em animais Sindi	19
5 CONCLUSÃO.....	21
6 REFERÊNCIAS	22
APÊNDICES	26

1 INTRODUÇÃO

Os primeiros bovinos introduzidos no Brasil foram os de origem europeia (*Bos taurus taurus*), importados da Espanha e Portugal em meados de 1534, com destaque para as raças Minhota, Mirandesa, Arouquesa, Alentejana e Transtagana (BATISTA FILHO; NASCIMENTO; DIAS, 2016). Estes animais vieram com o intuito de corresponder a uma economia secundária na região litorânea, porém com o crescimento populacional ao longo dos anos e também com a expansão dos animais, a pecuária apresentou desenvolvimento contínuo (SILVA; BOAVENTURA; FIORAVANTI, 2012).

Em uma outra etapa, entre os séculos XIX e XX, foram importados animais zebuínos (*Bos taurus indicus*) originários do continente asiático, principalmente da Índia. De maneira geral, as raças introduzidas apresentaram adequada adaptação ao clima brasileiro (KOURY FILHO *et al.*, 2015), sendo responsáveis pelo grande destaque evolutivo na pecuária brasileira até os dias atuais. Devido aos diversos cruzamentos ocorridos entre os zebuínos e animais já existentes no Brasil (bovinos de origem europeia adaptados), ocorreu o aumento numérico da população bovina e maior distribuição em território nacional (EUCLIDES FILHO, 2009).

Ao longo da história, a pecuária brasileira teve grande desenvolvimento e conseguiu se consolidar no mercado mundial, possuindo uma importância socioeconômica e apresentando um dos maiores rebanhos comerciais de bovinos. Neste contexto, pode-se destacar a raça Nelore, a qual apresenta potencial para a produção de carne. Animais zebuínos representam cerca de 80% do rebanho total, o qual possui tamanho populacional de 218,2 milhões de cabeças (BITTENCOURT 2020; IBGE 2021).

Dentre as diversas ferramentas aplicadas com o objetivo de se obter incrementos na produção pecuária, o melhoramento genético é responsável pelas mudanças nos desempenhos produtivos observadas entre as gerações, podendo ser utilizadas duas estratégias: a seleção e o cruzamento. A seleção auxiliará a decidir quais os melhores indivíduos e como estes serão acasalados, desde que apresentem variabilidade para características desejáveis e avaliações de desempenhos (PEREIRA, 2006). Uma das consequências do processo de seleção é a fixação de loci do genoma que estejam associados com características desejáveis pelos seres humanos (seleção artificial) ou loci responsáveis por características adaptativas (seleção natural).

Com o avanço no desenvolvimento de ferramentas moleculares, foi possível o sequenciamento do DNA em larga escala e o desenvolvimento de painéis de genotipagem para espécies de interesse zootécnico. Tais ferramentas utilizam os polimorfismos de nucleotídeo único (“Single Nucleotide Polymorphisms” – SNPs), constituídas por alterações (mutações)

elementares nos nucleotídeos, tendo como característica sua ampla distribuição no genoma (CAETANO, 2009).

Com base nos polimorfismos presentes nas populações, tornou-se possível identificar as assinaturas de seleção, que são regiões do genoma submetidas a alterações em suas frequências alélicas devido à seleção natural ou artificial, podendo estar associadas a determinadas características ou processos biológicos (PÉREZ O'BRIEN *et al.*, 2014; QANBARI; SIMIANER, 2014). A identificação de tais regiões pode auxiliar na definição de estratégias de seleção que visem lócus de interesse associados com características produtivas, ou ainda, na compreensão de como a seleção pode ter alterado a constituição genética das populações (MA *et al.*, 2014; JAHUEY-MARTÍNEZ *et al.*, 2019). Assim, objetivou-se com essa pesquisa identificar e caracterizar assinaturas de seleção presentes em animais das raças Gir, Nelore e Sindi oriundos do Brasil e do continente asiático.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Raça Gir

O gado Gir foi trazido para o Brasil em 1911, sendo considerada uma raça de dupla aptidão, ou seja, produz leite e carne. A partir de 1930, iniciou-se a seleção de animais Gir com aptidão leiteira e, conseqüentemente, tornou-se a raça zebuína mais utilizada para a produção de leite no país (OSPINA, 2020; ABCGIL, 2022; LEÃO *et al.*, 2013). Visando o aprimoramento da raça, foi criado o teste de progênie em 1985, mediante supervisão da Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) e da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). Essas duas organizações conduzem o Programa Nacional de Melhoramento de Gir Leiteiro (PNMGL) que tem como intuito o melhoramento genético da raça por meio da identificação e seleção de touros que são superiores geneticamente para as características de produção, reprodução, conformação e manejo (VERNEQUE *et al.*, 2011).

Desde o início do programa foi notório o aumento nos índices produtivos e reprodutivos, em razão da sua alta produtividade leiteira, rusticidade e longevidade produtiva. Ao longo dos anos, houve crescimento populacional e constatou-se que em 2020 tinha-se o total de 807.790 animais registrados, distribuídos nas principais bacias leiteiras do Brasil como os estados de Minas Gerais, Goiás e São Paulo, entre outras regiões (ABCZ, 2022).

A raça é destaque na cadeia produtiva do país e contribui para a terceira posição do Brasil entre os maiores produtores mundiais de leite, com mais de 34 bilhões de toneladas ao ano e com produção em 98% dos municípios brasileiros (MAPA, 2022). A raça apresenta características adequadas para a pecuária leiteira, como a resistência a endo e ectoparasitas, capacidade de tolerar altas temperaturas e bom aproveitamento de forrageiras tropicais, resultando em menores gastos na produção e com um produto final de alta qualidade nutricional (ABCGIL, 2022).

2.2 Raça Nelore

A raça Nelore, conhecida como Ongole, é originária da Índia, na antiga Província de Madras, que atualmente é o estado de Andhra Pradesh. Sua primeira introdução no Brasil é mencionada nos séculos XIX e XX. O primeiro registro desta raça é datado em 1868, quando um navio que se destinava à Inglaterra ancorou no Brasil com um casal de animais a bordo, que ficaram no país. Importações subsequentes auxiliaram em sua expansão, principalmente nos estados do Rio de Janeiro, Bahia e no Triângulo Mineiro (VIACAVA *et al.*, 2000). De acordo com a ACNB (Associação dos Criadores de Nelore do Brasil), em outubro de 1878, Manoel

Ubelhart Lembgruber teve contato com a raça Ongole durante uma visita ao zoológico de Hamburgo, na Alemanha, e viabilizou uma importação significativa de animais.

Em 1930, Manoel Oliveira Prata e Francisco Ravísio Lemos comandaram uma importação de grande relevância, na qual os animais obtidos tiveram influência direta na formação das características raciais, as quais foram estabelecidas com a criação do registro genealógico em 1938 (SANTOS, 1995). A raça Nelore obteve um rápido crescimento populacional com base nos núcleos que se formaram após as importações da Índia. Isso ocorreu devido/ aos bons índices de desempenho produtivo e reprodutivo em clima tropical, em razão das características funcionais desses animais.

A raça dispõe de características associadas à resistência a doenças, rusticidade e longevidade produtiva. São animais resistentes a ectoparasitas em razão de seus pelos serem curtos, densos e a pele fina e macia, dificultando a penetração ou que pequenos insetos tentem se fixar a superfície da pele. Os machos apresentam um instinto muito forte de proteção e as fêmeas possuem facilidade ao parto devido a sua angulosidade juntamente com boa abertura pélvica, o que proporciona partos normais e bom desenvolvimento dos bezerros. Além disso, a carcaça do Nelore possui grande aceitação e atende aos parâmetros exigidos pelo mercado consumidor, apresenta precocidade na deposição de músculo e gordura e ótimo rendimento nos procedimentos industriais (ACNB, 2006).

2.3 Raça Sindi

A raça Sindi é originária da região de Kohistan, no norte da província de Sind, no atual Paquistão, região de clima semiárido (SANTIAGO *et al.*, 2009). O Sindi é classificado como a raça nacional do Paquistão, além de ser criado na Índia, Bangladesh, Sri Lanka, em 33 países asiáticos, África e Américas (SANTOS *et al.*, 2016).

Os primeiros exemplares da raça chegaram ao Brasil em 1850. Porém, a exportação considerada mais importante aconteceu em 1952, por intermédio de Felisberto Camargo, diretor do Instituto Agrônomo do Norte (IAN), com o intuito de estabelecer um centro de pesquisa da raça Sindi (ABCSINDI, 2022). De acordo com Faria *et al.* (2004), desde sua chegada o Sindi brasileiro não expressou uma evolução numérica comparado a outras raças, permanecendo concentrado em poucos rebanhos, o que deteve o rebanho nacional reduzido. Contudo, atualmente a maior parte do rebanho existente no Brasil está distribuído nas regiões Nordeste e Sudeste. A raça Sindi foi adaptada a condições ambientais adversas, as temperaturas elevadas e as precipitações baixas do Nordeste. São animais considerados adequados para o sistema de produção com dupla aptidão, produzindo leite e carne. No entanto, no Sudeste a seleção de

rebanhos tem concentrado nas características da carne, enquanto, que no Nordeste seus rebanhos têm sido selecionados para características de produção de leite (PANETTO *et al.*, 2017).

A raça Sindi abrange determinadas qualidades, que estão relacionadas com a constituição própria dos animais desse grupo racial e às propriedades oriundas das condições ambientais da região de origem. São animais de pelagem vermelha, com elevada resistência e rusticidade, de pequeno porte, expressando um menor consumo absoluto de alimentos, alta eficiência alimentar e desempenho reprodutivo precoce (TURCO *et al.*, 2004).

2.4 Assinaturas de seleção

Para que ocorra a evolução das espécies, fontes de variação como o isolamento geográfico, migração, deriva genética, endogamia, seleção e mutações devem atuar nas populações (FRANKHAN *et al.*, 2004). A seleção natural ou artificial auxilia a moldar padrões de variação genética e auxiliam nas chances de sobrevivência dos indivíduos de uma população (FALCONER; MACKAY, 1996). Já as mutações estão associadas à diversidade genética, podendo apresentar variantes de um loco com consequências deletérias, neutras ou vantajosas (EYRE-WALKER; KEIGHTLEY, 2007).

Os processos de seleção natural e artificial podem funcionar de três maneiras: positiva, purificadora e balanceadora. Cada uma corresponde a uma forma de resposta na qual a pressão de seleção altera as frequências alélicas (OLEKSYK; SMITH; O'BRIEN, 2010). A seleção positiva ocorre quando mutações recém-emergidas conferem uma vantagem seletiva. A purificadora, tende a eliminar as novas mutações desfavoráveis na população e, portanto, mantém a integridade funcional do DNA. O papel da seleção balanceadora é manter polimorfismos em uma população, ela pode ser observada quando heterozigotos têm vantagem seletiva ou quando alelos são favorecidos em diferentes intervalos de tempo (GOUVEIA *et al.*, 2014).

Regiões do genoma submetidas a alterações das frequências alélicas devido à seleção natural ou artificial, sendo estas responsáveis por determinados processos biológicos, são denominadas assinaturas de seleção (QANBARI; SIMIANER, 2014). Tais regiões podem auxiliar na compreensão de como a seleção pode ter alterado a constituição genética das populações (JAHUEY-MARTÍNEZ *et al.*, 2019). Regiões adjacentes às assinaturas de seleção também podem ser transmitidas em conjunto, evento denominado de efeito carona ou arrasto seletivo (SABETI, 2006).

3 METODOLOGIA

Este estudo considerou o painel de marcadores BovineHD BeadChip da Illumina (777.962 marcadores do tipo SNP - Single Nucleotide Polymorphism) para 220 animais Nelore do Brasil (NBR), 594 animais Gir do Brasil (GBR), 50 animais Sindi do Brasil (SBR), 95 animais Nelore da Índia (NIN), 27 animais Gir da Índia (GIN) e 18 animais Sindi do Paquistão (SPK). Os genótipos destes animais foram fornecidos pela Embrapa Gado de Leite (Juiz de Fora/MG) e Embrapa Gado de Corte (Campo Grande/MS). Foram consideradas nas análises apenas cromossomos autossômicos e SNPs com posição conhecida no genoma, de acordo com a versão do genoma bovino referência ARS-UCD1.2 (ROSEN *et al.*, 2020).

O controle de qualidade dos genótipos foi realizado para todo o conjunto de dados em cada raça, por meio do programa PLINK v.1.9. (CHANG *et al.*, 2015). Foram excluídos SNPs e amostras com taxa de leitura inferior a 95% e SNPs com frequência rara inferior a 1%. Após o controle de qualidade, restaram 589 (GBR), 27 (GIN), 168 (NBR), 49 (NIN), 49 (SBR) e 9 (SPK) animais. Foram considerados para as análises de assinaturas de seleção 519.054 SNPs para a raça Gir, 533.272 SNPs para a raça Nelore e 560.495 SNPs para a raça Sindi.

Para a identificação das assinaturas de seleção foi utilizado o método *Fst* (índice de fixação alélica) (REYNOLDS; WEIR; COCKERHAM, 1983), por meio do programa PLINK v.1.9. O método de *Fst*, considera um conjunto de parâmetros que particiona hierarquicamente a variação genética entre populações. Esse método se baseia na diferença de frequências de alelos entre populações, podendo seus resultados variar de 0 a 1, em que maiores valores de *Fst* são considerados alelos altamente diferenciados e apontam que ocorreu seleção positiva e que os alelos direcionam-se para a fixação (QANBARI; SIMIANER, 2014).

O método *Fst* é específico para SNPs individuais ou janelas de SNPs e identifica variantes genéticas sob seleção. Para obter valores de *Fst* é considerado:

$$Fst = (Ht - Hs) / Ht$$

em que *Ht* representa a diversidade genética (heterozigosidade) total e *Hs* representa a diversidade genética (heterozigosidade) dentro da população (REYNOLDS; WEIR; COCKERHAM, 1983).

O critério para definição das regiões de assinatura de seleção levou em consideração as 10 maiores janelas, onde considerou-se o tamanho de janela de 50kb (50 mil pares de base), sem sobreposição entre as janelas e com no mínimo 2 SNPs por janela. Isto resultou em valores médios de *Fst* para cada janela. Os SNPs destas regiões foram consultados por meio da ferramenta BIOMART, presente no banco de dados ENSEMBL (YATES *et al.*, 2020), quanto a seu posicionamento em regiões intragênica ou intergênicas.

Para a identificação dos termos GO (Gene Ontology), a lista de genes identificados em assinaturas de seleção foi submetida ao site PANTHER (<http://pantherdb.org/>) para verificação dos processos biológicos, funções moleculares e componentes celulares aos quais os genes estão associados.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O total de janelas obtidas para *Fst*, nas raças Gir, Nelore e Sindi foram 48.197, 48.484 e 48.820, respectivamente, e as médias das janelas foram iguais a 0,06, 0,03 e 0,04. O limiar para determinar as 10 maiores janelas de *Fst* em animais Gir, Nelore e Sindi foram 0,7953, 0,2618 e 0,4810, respectivamente. Na Figura 1, são apresentadas todas as janelas para cada cromossomo de cada raça estudada e, em destaque, as 10 janelas acima dos limiares, as quais foram indicadas como assinaturas de seleção. Nestas janelas, estão contidos 65, 84 e 54 SNPs para Gir, Nelore e Sindi, respectivamente (Apêndices A, B e C). Os genes, presentes nas respectivas janelas, são apresentados nas Tabelas 1, 2 e 3. Na Tabela 4, são apresentadas as funções biológicas, processos biológicos e componentes celulares destes genes.

Considerando que método *Fst* indica que resultados próximos a 1 (para SNPs ou janelas) referem-se às regiões altamente diferenciadas, que a população alvo neste estudo foram as raças brasileiras e que as raças asiáticas foram utilizadas como população base de comparação entre as frequências alélicas, os resultados de *Fst* demonstraram quais regiões tornaram-se próximas à fixação devido à seleção aplicada nos genótipos de animais provenientes do Brasil. Na Figura 1, observou-se que as médias dos valores de *Fst* nas janelas variaram de 0,79 a 0,88 (para a raça Gir), 0,26 e 0,38 (para a raça Nelore) e 0,48 e 0,61 (para a raça Sindi). Logo, as regiões de assinaturas de seleção identificadas para a raça Gir evidenciaram maior diferenciação entre animais provenientes do Brasil em relação aos animais Gir da Índia.

Não foram identificados estudos que associassem os genes USP40, ENSBTAG00000054532, ENSBTAG00000043609, MEIS1, ENSBTAG00000042941, ENSBTAG00000049375, GGNPB2, MRM1, MARCHF8, ENSBTAG00000049942, PRELID1, ENSBTAG00000054652, ENSBTAG00000052718, ENRPD1, ENSBTAG00000039132 e SHOC2 com características de animais de produção.

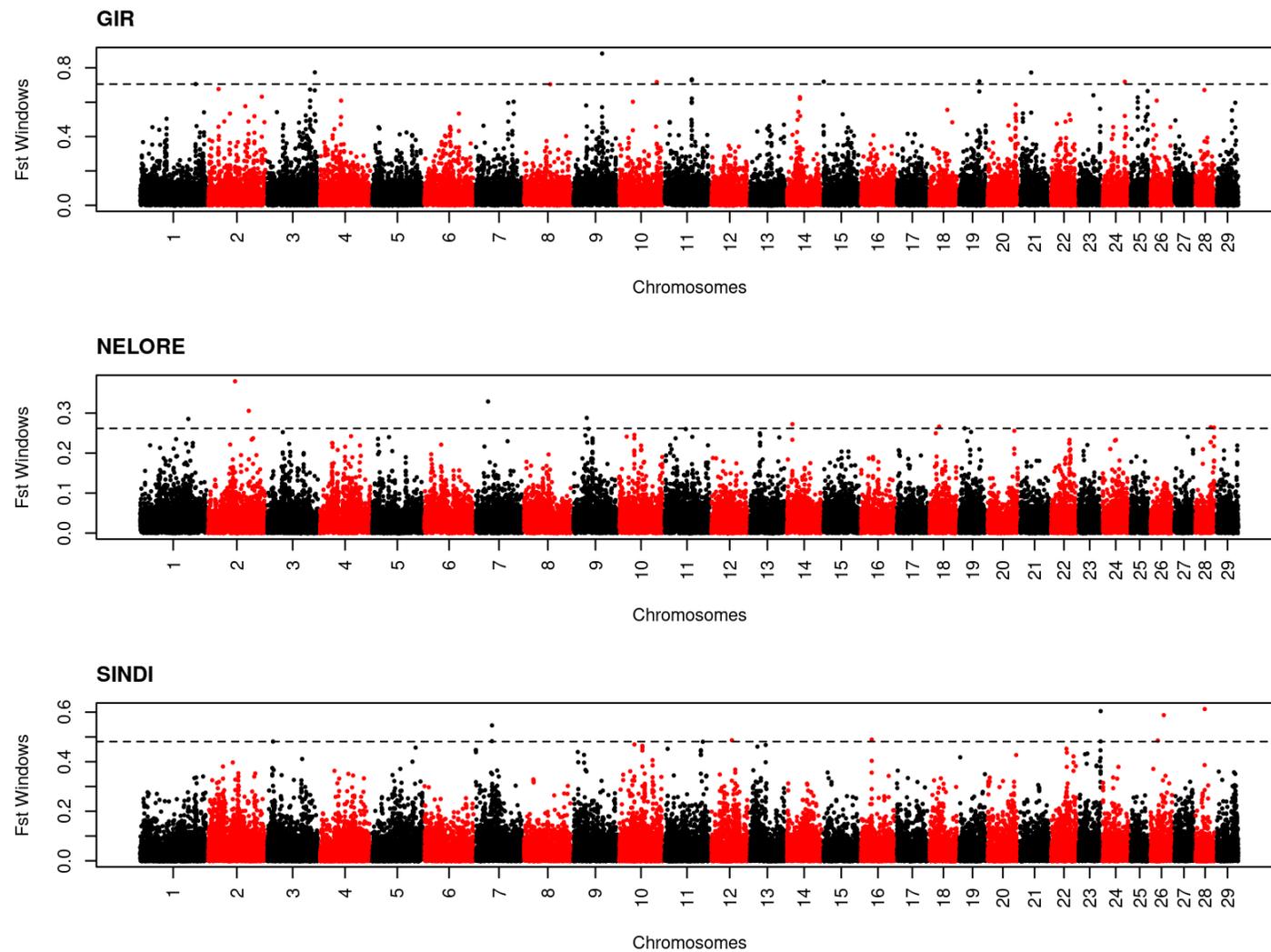


Figura 1 – *Manhattan plot* para valores médios de janelas (*windows*) de 50kb obtidas pelo índice de fixação alélica (F_{st}), por cromossomo (*chromosomes*), para as raças Gir, Nelore e Sindi. A linha tracejada representa o limiar que determina os 10 maiores valores médios de F_{st} .

4.1 Assinaturas de seleção em animais Gir

De acordo com Makina *et al.* (2015), o gene DCC foi associado com características de carga de nematoides gastrointestinais, peso corporal, facilidade de parto, fixação do úbere e conversão alimentar em estudo que comparou as raças Afrikaner vs. Angus, Nguni vs. Angus, Drakensberger vs. Angus e Bonsmara vs. Angus.

Tabela 1 – Genes identificados em regiões de assinaturas de seleção para animais da raça Gir do Brasil.

Cromossomo	Gene
1	STAG1
3	USP40
9	-
10	ENSBTAG00000054532
11	ENSBTAG00000043609, MEIS1
15	-
19	MAP3K3
21	ENSBTAG00000042941, ENSBTAG00000049375
24	DCC

(-) indica que não os SNPs presentes na janela localizam-se em regiões intergênicas.

Em estudo sobre análise da expressão gênica para a característica estresse ao calor em raças Tharparkar (zebu) e Karan-Fries (Tharparkar cruzada com Holstein Friesian), Singh *et al.* (2015) observaram que em animais Karan-Fries o gene STAG1, cuja função refere-se ao ciclo celular e mitose, foi regulado negativamente durante o estresse térmico a 44°C por 3h, indicando interrupção da proliferação celular normal durante o estresse térmico. Investigando evidências de seleção positiva para a característica estatura entre raças europeias e africanas, Randhawa *et al.* (2015) verificaram que nas raças africanas o gene MAP3K3 foi associado ao baixo desenvolvimento corporal e menor crescimento esquelético. Para a raça Gir, as assinaturas de seleção identificadas neste estudo condizem com a capacidade de adaptação às condições de criação em climas tropicais apresentadas pela raça, podendo-se destacar aquelas relacionadas à resistência aos parasitas e ao estresse térmico.

4.2 Assinaturas de seleção em animais Nelore

Em pesquisa sobre doenças respiratórias em bovinos de leite e corte, Neupane *et al.* (2018) identificaram associação gene ALOX5, o qual está relacionado com a biossíntese de ácido carboxílico e o processo metabólico de ácidos graxos e do ácido monocarboxílico. Este gene desempenha um papel na manutenção da integridade do epitélio pulmonar e regulação das respostas imunes inatas e adaptativas do hospedeiro.

Tabela 2. Genes identificados em regiões de assinaturas de seleção para animais da raça Nelore do Brasil.

Cromossomos	Genes
1	MBNL1
2	PIKFYVE
7	-
9	-
14	-
18	-
19	GGNPB2, DHRS11, MRM1
28	MARCHF8, ALOX5

(-) indica que não os SNPs presentes na janela localizam-se em regiões intergênicas.

Na raça Nelore, Olivieri (2019) identificaram genes diferencialmente expressos na carne e verificaram associação com o gene DHRS11, o qual atua na biossíntese de hormônios esteroides. Em estudo de associação ampla do genoma para a característica de perfil lipídico em animais da raça Nelore, Amorim *et al.* (2021) constataram associação com o gene MBNL1, que atua na adipogênese, ou seja, produção de tecido adiposo e armazenamento de lipídios. Stegemiller *et al.* (2021) analisaram associações genômicas para característica de fertilidade em novilhas de corte, associando o gene PIKFYVE à contagem de folículos antrais e escores do trato reprodutivo.

Conforme observado, as assinaturas de seleção identificadas em animais Nelore estão de acordo com os índices de seleção preconizados pelos programas de melhoramento da raça, os quais enfatizam a qualidade da carcaça e a precocidade sexual (LÔBO *et al.*, 2020).

4.3 Assinaturas de seleção em animais Sindi

Em estudo de associação ampla do genoma para características de fertilidade na raça Holandesa, Liu *et al.* (2017) observaram associações do gene EXOC2 com a característica de intervalo da primeira à última inseminação e com a taxa de concepção na primeira inseminação. Naserkheil *et al.* (2020), em estudo com características de carcaça em bovinos da raça Hanwoo, identificaram que o gene FGFR4 foi associado a espessura de gordura.

Tabela 3 - Genes identificados em regiões de assinaturas de seleção para animais da raça Sindi do Brasil.

Cromossomos	Genes
3	ENSBTAG00000049942
7	ZNF346, FGFR4, NSD1, PRELID1, MXD3
12	ENSBTAG00000054652, ENSBTAG00000052718
15	-
16	-
23	EXOC2
26	ENRPD1, ENSBTAG00000039132, SHOC2
28	-

(-) indica que não os SNPs presentes na janela localizam-se em regiões intergênicas.

Hao *et al.* (2020) determinaram os níveis de expressão gênica do gene MXD3 em tecidos de bovinos e observaram que na raça Qinchuan, o gene foi expresso no baço, músculo e tecido adiposo; enquanto que na raça Xianan, foi expresso nos tecidos do fígado, músculo e coração. Em estudo sobre genes associados ao nanismo em diversas espécies, Boegheim *et al.* (2017) propuseram que o gene ZNF346 esteja relacionado ao nanismo desproporcional em cavalos da raça Friesian. A característica alta eficiência alimentar foi associada ao gene NSD1 por Yang *et al.* (2022), em bovinos de corte. A raça Sindi apresenta como principais características a rusticidade e capacidade de produção de leite em regiões semiáridas. Além disto, como característica morfológica, a raça possui indivíduos de menor estatura dentre as raças aqui estudadas. Costa e Silva (2019) obtiveram valores de coeficiente de tolerância ao calor em animais da raça Sindi demonstrando grande potencial a termo tolerância desta raça em clima semiárido. Ademais, não foi observado alterações significativas em relação as condições de conforto térmico submetidas, mesmo que expostas diretamente à radiação solar. Corroborando com os genes identificados para características da raça estudada.

Tabela 4. Descrição dos termos para função biológica, processo biológico e componente celular aos quais os genes identificados como assinaturas de seleção então associados para as raças Gir, Nelore e Sindi.

Termos	Genes		
	Gir	Nelore	Sindi
Função molecular			
Ligações (GO:0005488)	MEIS1, STAG1	MARCHF8	MXD3, PRELID1, FGFR4, SHOC2
Atividade catalítica (GO:0003824)	USP40, MAP3K3	MARCHF8, ALOX5	FGFR4, NSD1
Atividade reguladora de transcrição (GO:0140110)	MEIS1	-	MXD3
Atividade do transdutor molecular (GO:0060089)	-	-	FGFR4
Atividade de transporte (GO:0005215)	-	-	PRELID1
Processo biológico			
Adesão biológica (GO:0022610)	DCC	-	-
Regulação biológica (GO:0065007)	MEIS1	-	-
Processo celular (GO:0009987)	USP40, MAP3K3, STAG1 DCC	MARCHF8, ALOX5	-
Processo de desenvolvimento (GO:0032502)	MEIS1	-	-
Processo do sistema imunológico (GO:0002376)	MEIS1	MARCHF8	-
Processo metabólico (GO:0008152)	USP40, MEIS1	MARCHF8, ALOX5	-
Processo de organismo multicelular (GO:0032501)	MEIS1	-	-
Resposta ao estímulo (GO:0050896)	-	MARCHF8	-
Localização (GO:0051179)	-	-	PRELID1
Componente celular			
Entidade celular anatômica (GO:0110165)	USP40, MAP3K3, STAG1	MARCHF8	PRELID1
Complexo contendo proteína (GO:0032991)	STAG1	-	-

(-) indica que não os SNPs pesquisados não possuem funções moleculares, processos biológicos, ou componentes celulares descritos.

5 CONCLUSÃO

As assinaturas de seleção aqui identificadas para animais Gir, Nelore e Sindi indicaram quais são as regiões que caracterizam as populações bovinas oriundas do Brasil e que as diferenciam das populações bovinas do continente asiático. Foi possível observar que a seleção praticada em características de interesse econômico em animais provenientes do Brasil foi suficiente para alterar as frequências de determinados alelos.

6 REFERÊNCIAS

- ABCGIL. **Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro**. Disponível em: <<http://girleiteiro.org.br/>>. Acesso em: 30 de março de 2022.
- ABCSINDI. **Associação dos Criadores de Sindi**. Disponível em: <<http://www.sindi.org.br/Novo/>>. Acesso em: 11 de abril de 2022.
- ABCZ. **Associação Brasileira dos Criadores de Zebuínos**. Disponível em: <<https://www.abcz.org.br/a-abcz/racas-zebuinas/raca/5/gir>>. Acesso em: 30 de março de 2022.
- ACNB. A Raça – A origem. **Associação dos Criadores de Nelore do Brasil**. Disponível em: <<http://www.nelore.org.br/>>. Acesso em: 25 de março de 2022.
- AMORIM, S. T. *et al.* Genome-wide interaction study reveals epistatic interactions for beef lipid-related traits in Nelore cattle. **Animal Genetics**, 53, p. 35–48, 2021.
- BATISTA FILHO, M.; NASCIMENTO, V.; DIAS, M. Evolução do efetivo de bovinos no Brasil. **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, Goiás, v. 13, n. 23, 2016.
- BITTENCOURT, A. **Utilização de corridas de homozigose para estimativa de endogamia em bovinos da raça nelore**. UFMGS, Campo Grande, 2020.
- BOEGHEIM, I. J. M. Current insights into the molecular genetic basis of dwarfism in livestock. **The Veterinary Journal**, 224, p. 64–75, 2017.
- CAETANO, A. R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 38, p. 64–71, jul. 2009.
- CHANG, C. C. *et al.* Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. **GigaScience**, v. 4, n. 7, 2015.
- COSTA e SILVA, R. **Efeito do polimorfismo do gene da beta-caseína na adaptabilidade de vacas da raça Sindi**. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Campina Grande, Centro de Saúde e Tecnologia Rural, Patos-PB, 2019.
- EUCLIDES FILHO, K. Evolução do melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. **Revista Ceres**, v. 56, n. 5, p. 620-626, out. 2009.
- EYRE-WALKER, A.; KEIGHTLEY, P. D. The distribution of fitness effects of new mutations. **Nature Reviews Genetics**, v. 8, n. 8, p. 610–618, ago. 2007.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Essex, England: Pearson Prentice Hall, 1996.
- FARIA, F. J. C. *et al.* Estrutura genética da raça Sindi no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 4, p. 852- 857, 2004.

FRANKHAN, R. *et al.* **A Primer of Conservation Genetics**. New York, USA: Cambridge University Press, 2004.

GOUVEIA, J. J. S. *et al.* Identification of selection signatures in livestock species. *Genetics and Molecular Biology*, v. 37, p. 330-342, 2014.

HAO, D. *et al.* Expression profiles of the MXD3 gene and association of sequence variants with growth traits in Xianan and Qinchuan cattle. **Wiley**, 2020.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/busca.html?searchword=itanhandu>> Acesso em: 21 de março de 2022.

JAHUEY-MARTÍNEZ, F. J. *et al.* Signatures of selection in Charolais beef cattle identified by genome-wide analysis. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 136, n. 5, p. 378–389, mar. 2019.

KOURY FILHO, W. *et al.* Avaliação visual-empírica descritiva. **Caderno de Ciências Agrárias**, v. 7, n. 1, 2015.

LEÃO, G. F. M. *et al.* Melhoramento genético em zebuínos leiteiros – uma revisão. **Revista Agropecuária Científica no Semiárido**, vol. 9, n. 4, p. 09, 2013.

LIU, A. *et al.* Genome-wide Association Studies for Female Fertility Traits in Chinese and Nordic Holsteins. **Scientific Reports**, 2017.

LÔBO, R. B. *et al.* **Sumário de Touros das Raças Nelore, Guzerá, Brahman e Tabapuã: Edição Maio de 2020**. Ribeirão Preto-SP, Brazil: ANCP, 2020.

MA., Y. *et al.* Identification of selection footprints on the X Chromosome in pig. **PLOS ONE**, v. 9, n. 4, p. 1–10, abr. 2014.

MAKINA, S. O. *et al.* Genome-wide scan for selection signatures in six cattle breeds in South Africa. **Genetics Selection Evolution**, p. 14, 2015.

MAPA. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Disponível em: <<https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/producao-animal/mapa-do-leite>>. Acesso em: 27 de março de 2022.

NASERKHEIL, M. *et al.* Integrating Single-Step GWAS and Bipartite Networks Reconstruction Provides Novel Insights into Yearling Weight and Carcass Traits in Hanwoo Beef Cattle. **Animals**, 10, 1836, oct. 2020.

NEUPANE, M. *et al.* Gene set enrichment analysis of SNP data in dairy and beef cattle with bovine respiratory disease. **Animal Genetics**, 49, p. 527–538, 2018.

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

- OLIVIERI, B. F. **Análise multivariada com dados genômicos e transcriptômicos para perfil de ácidos graxos da carne em bovinos Nelore terminados em confinamento.** Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal-SP, 2019.
- OSPINA, A. M. T. **Avaliação genômica em bovinos da raça Gir de Brasil e Colômbia.** Jaboticabal, P. 74, 2020.
- PANETTO, J. C. C. *et al.* Red Sindhi cattle in Brazil: Population structure and distribution. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1-9, 2017.
- PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal.** Belo Horizonte: FEPMVZ, 2006.
- PÉREZ O'BRIEN, A. M. *et al.* Assessing signatures of selection through variation in linkage disequilibrium between taurine and indicine cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, n. 19, 2014.
- QANBARI, S.; SIMIANER, H. Mapping signatures of positive selection in the genome of livestock. **Livestock Science**, v. 166, p. 133–143, 2014.
- RANDHAWA, I. A. S. *et al.* Composite Selection Signals for Complex Traits Exemplified Through Bovine Stature Using Multibreed Cohorts of European and African *Bos taurus*. **G3-genes, genomes, genetics**, v. 5, 2015.
- REYNOLDS, J.; WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. **Genetics**, v. 105, n. 3, p. 767–779, 1983.
- ROSEN, B. D. *et al.* De novo assembly of the cattle reference genome with single-molecule sequencing. **GigaScience**, v. 9, n. 3, 2020.
- SABETI, P. C. Positive Natural Selection in the Human Lineage. **Science**, v. 312, n. 5780, p. 1614-1620, 2006.
- SANTIAGO, A. A. A epopeia do Zebu, 2009. Disponível em: < <https://www.abcz.org.br/>>. Acesso em: 11 de abril de 2022.
- SANTOS, R. **Do Zri-Bhu ao Zebú: O gado sagrado na Índia e no Brasil.** Uberaba, ABCZ, p. 864, 2016.
- SANTOS, R. Nelore: a vitória brasileira. **Ed. Agropecuária Tropical**, Uberaba, v. 2, p. 392, 1995.
- SILVA, M. C.; BOAVENTURA, V. M.; FIORAVANTI, M. C. S. História do povoamento bovino no Brasil central. **Revista UFG**, 2012.
- SINGH, A. K. *et al.* Genomewide expression analysis of the heat stress response in dermal fibroblasts of Tharparkar (zebu) and Karan-Fries (zebu × taurine) cattle. **Cell Stress Chaperones**, v. 25, n.2, p. 327-344, 2020.

STEGEMILLER, M. R. *et al.* Genome-Wide Association Analyses of Fertility Traits in Beef Heifers. **Genes**, v.12, n. 217, 2021.

TURCO, S. H. N. *et al.* Avaliação de alguns fatores do clima que influenciam à adaptação, o comportamento fisiológico e o desempenho de bovinos da raça Sindi, no semiárido brasileiro. Petrolina-PE: Embrapa Semiárido. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, n. 66, 2004.

VERNEQUE, R. S. *et al.* Programa nacional de melhoramento do Gir Leiteiro: Sumário brasileiro de touros: resultado do teste de progênie. **Embrapa Gado de Leite**, Juiz de Fora, 2011.

VIACAVA, C. Nelore: o boi ecológico que está conquistando o mundo. **Editora Fundação Petrópolis**, São Paulo, p. 39, 2000. Disponível em: <
https://books.google.com.br/books?id=oRm9tOEsrnkC&printsec=frontcover&hl=ptBR&source=gbs_vpt_buy#v=onepage&q&f=true>. Acesso em: 25 de março de 2022.

YANG, C. *et al.* Identifying the key genes and functional enrichment pathways associated with feed efficiency in cattle. **Gene**, v.10, n. 807, p. 145934, 2022.

YATES, A. D. *et al.* Ensembl 2020. **Nucleic Acids Research**, v. 48, n. 682–688, 2020.

APÊNDICES

Apêndice A – Identificações dos SNPs, cromossomos, posições e genes, identificados em regiões de assinaturas de seleção para animais da raça Gir.

SNP	Cromossomo	Posição (pb)	Gene
rs43271747	1	132850462	ENSBTAG00000035437
rs43271751	1	132852921	ENSBTAG00000035437
rs137391674	3	113259092	ENSBTAG00000000149
rs110047359	3	113264577	-
rs136997577	3	113267768	-
rs135820723	3	113272255	-
rs110802778	9	68100583	-
rs134071029	9	68106469	-
rs109715324	9	68116457	-
rs109841672	10	89359454	-
rs109662599	10	89369017	ENSBTAG00000054532
rs109429212	10	89372592	-
rs110544001	10	89375013	-
rs135487521	10	89376052	-
rs109502785	10	89379904	-
rs137456044	10	89383724	-
rs109261774	10	89384573	-
rs110177271	10	89386007	-
rs135038137	10	89386844	-
rs109080343	10	89388481	-
rs110939648	10	89389062	-
rs134315858	10	89392258	-
rs110175626	11	64601672	-
rs136076703	11	64607469	-
rs109926601	11	64611264	-
rs110072086	11	64621429	ENSBTAG00000043609
rs110358425	11	64624092	ENSBTAG00000043609
rs133850533	11	64629744	-
rs108959675	11	64637119	-
rs109283578	11	64639582	-
rs109518887	11	64640494	-
rs110155485	11	64649560	-
rs134397421	11	64801305	-
rs135379783	11	64804565	ENSBTAG00000008448
rs134694205	11	64817338	ENSBTAG00000008448
rs137816957	11	64820957	ENSBTAG00000008448
rs137234270	11	64836874	ENSBTAG00000008448
rs134157518	11	64848432	ENSBTAG00000008448
rs133702588	15	600282	-
rs133142026	15	608517	ENSBTAG00000049795
rs133887310	19	47911527	ENSBTAG00000008151
rs41921124	19	47917054	ENSBTAG00000008151

rs41921113	19	47933305	ENSBTAG00000008151
rs41921865	19	47937852	ENSBTAG00000008151
rs41921858	19	47944597	ENSBTAG00000008151
rs133276305	21	26606254	ENSBTAG00000032951
rs134529298	21	26617164	-
rs110296962	21	26622737	ENSBTAG00000042941
rs133467459	21	26626344	ENSBTAG00000042941
rs109695452	21	26630477	ENSBTAG00000049375
rs110630561	21	26635409	ENSBTAG00000049375
rs110197651	21	26637918	ENSBTAG00000049375
rs109549682	21	26638609	ENSBTAG00000049375
rs109591917	21	26647167	ENSBTAG00000049375
rs109777571	21	26648864	ENSBTAG00000049375
rs137391953	24	52703575	ENSBTAG00000048378
rs109206348	24	52707620	ENSBTAG00000048378
rs136934254	24	52711398	ENSBTAG00000048378
rs109737050	24	52717002	ENSBTAG00000048378
rs134488480	24	52723982	ENSBTAG00000048378
rs29026074	24	52725727	ENSBTAG00000048378
rs110608429	24	52726966	ENSBTAG00000048378
rs132999274	24	52730194	ENSBTAG00000048378
rs110133726	24	52731550	ENSBTAG00000048378
rs137665918	24	52734752	ENSBTAG00000048378

Apêndice B – Identificações dos SNPs, cromossomos, posições e genes, identificados em regiões de assinaturas de seleção para animais da raça Nelore.

SNP	Cromossomo	Posição (pb)	Gene
rs135944659	1	115465938	ENSBTAG00000004564
rs133134605	1	115471509	ENSBTAG00000004564
rs136735770	1	115483094	ENSBTAG00000004564
rs42347303	1	115488491	ENSBTAG00000004564
rs29025995	1	115491094	ENSBTAG00000004564
rs133719446	2	63811670	-
rs135002814	2	63816807	-
rs41623355	2	63842025	-
rs135196694	2	96602953	ENSBTAG00000002177
rs136649608	2	96607034	ENSBTAG00000002177
rs135612813	2	96614967	ENSBTAG00000002177
rs132895250	2	96618533	ENSBTAG00000002177
rs137095252	2	96632880	-
rs135619302	7	29259675	-
rs136625157	7	29266530	-
rs42814774	7	29271727	-
rs42814779	7	29272567	-
rs42815746	7	29279930	-
rs137282131	7	29285300	-
rs41617917	7	29288728	-
rs42815763	7	29295003	-
rs42815767	7	29295662	-
rs42799654	9	31500442	-
rs42799666	9	31502173	-
rs133512027	9	31510379	-
rs42799703	9	31515550	-
rs42799705	9	31517032	-
rs42799708	9	31517754	-
rs109983669	9	31519640	-
rs42799716	9	31525298	-
rs136480056	9	31526122	-
rs42800335	9	31549336	-
rs110155540	14	13054725	-
rs110857613	14	13058009	-
rs133156939	14	13060426	-
rs134675877	14	13063775	-
rs135029808	14	13067628	-
rs136567082	14	13074936	-
rs110334358	14	13082760	-
rs110283949	14	13085791	-
rs109738038	14	13087252	-
rs110186220	14	13088817	-
rs133430273	14	13090015	-
rs137282861	14	13091182	-

rs110432342	14	13091901	-
rs110031275	14	13092973	-
rs133757357	18	22806168	-
rs109465097	18	22812823	-
rs109840511	18	22816818	-
rs109004647	18	22820838	-
rs109495280	18	22825323	-
rs135420636	18	22830867	-
rs132853762	18	22844854	-
rs136275798	19	12905476	ENSBTAG00000010290
rs41665402	19	12913905	ENSBTAG00000010290
rs110405859	19	12916548	ENSBTAG00000010290
rs136499901	19	12927745	ENSBTAG00000010290
rs29013409	19	12933255	ENSBTAG00000010290
rs134254454	19	12942233	ENSBTAG00000010297
rs135514170	19	12942984	ENSBTAG00000010297
rs137749304	19	12947637	ENSBTAG00000010311
rs108984987	19	12949905	ENSBTAG00000010311
rs110764504	28	36468998	-
rs135636139	28	36472502	-
rs136802968	28	36475184	-
rs135447947	28	36477286	-
rs110941941	28	36483095	-
rs133454878	28	36487397	-
rs136469768	28	36496813	-
rs110659955	28	36499779	-
rs137445324	28	44301276	ENSBTAG00000019537
rs136226230	28	44304257	ENSBTAG00000019537
rs136944207	28	44310122	ENSBTAG00000019537
rs109203424	28	44311425	ENSBTAG00000019537
rs135587734	28	44316943	ENSBTAG00000019537
rs133113838	28	44320036	ENSBTAG00000019537
rs134693176	28	44323488	ENSBTAG00000019537
rs135677414	28	44327330	ENSBTAG00000019537
rs132637712	28	44328395	ENSBTAG00000019537
rs134107345	28	44330178	ENSBTAG00000019537
rs110381650	28	44330684	ENSBTAG00000019537
rs133434497	28	44336036	ENSBTAG00000019537
rs109541385	28	44337114	ENSBTAG00000019537
rs43055719	28	44345754	ENSBTAG00000020319

Apêndice C – Identificações dos SNPs, cromossomos, posições e genes, identificados em regiões de assinaturas de seleção para animais da raça Sindi.

SNP	Cromossomo	Posição (pb)	Gene
rs109438781	3	13457326	-
rs110970869	3	13475223	-
rs109932680	3	13494031	-
rs109629789	3	13498348	ENSBTAG00000049942
rs110784369	3	13499555	ENSBTAG00000049942
rs133052073	7	38556488	ENSBTAG00000010541
rs137186046	7	38561047	ENSBTAG00000010541
rs135857433	7	38565815	-
rs132880716	7	38569499	-
rs134472245	7	38572620	ENSBTAG00000010543
rs136350413	7	38576794	ENSBTAG00000010543
rs41593181	7	38583978	ENSBTAG00000010543
rs134172949	7	38592061	-
rs137540873	7	38596606	-
rs137593639	7	38751054	ENSBTAG00000025426
rs137358110	7	38774415	ENSBTAG00000005009
rs136221820	7	38777648	ENSBTAG00000005009
rs41255197	7	38779937	ENSBTAG00000005009
rs110929899	7	38782399	ENSBTAG00000005009
rs41593136	7	38783506	ENSBTAG00000005009
rs41567827	7	38787739	ENSBTAG00000005010
rs134017119	12	48902773	ENSBTAG00000054652
rs135306944	12	48906417	ENSBTAG00000054652
rs136732918	12	48922378	ENSBTAG00000054652
rs134654327	12	48934213	ENSBTAG00000054652
rs42351939	12	48945710	ENSBTAG00000052718
rs137111030	15	19388929	-
rs134112085	16	25552040	-
rs135609313	16	25582615	-
rs133314143	16	25585490	-
rs134601064	16	25589911	-
rs136000916	16	25594717	-
rs136734374	16	25597603	-
rs136497206	23	52114960	ENSBTAG00000020215
rs133445162	23	52123678	ENSBTAG00000020215
rs137826252	23	52131440	ENSBTAG00000020215
rs133847212	23	52141434	ENSBTAG00000020215
rs110655666	23	52145869	ENSBTAG00000020215
rs136479570	23	52149659	ENSBTAG00000020215
rs132843233	23	52402327	-
rs42998827	23	52416503	-
rs43047887	26	17257625	ENSBTAG00000020589
rs43047902	26	17260350	ENSBTAG00000020589
rs110312113	26	17264397	ENSBTAG00000020589

rs110641823	26	17282539	ENSBTAG00000020589
rs110467160	26	17290928	-
rs42084477	26	17299006	ENSBTAG00000039132
rs42095450	26	31501507	ENSBTAG00000007709
rs42095452	26	31504273	ENSBTAG00000007709
rs42095455	26	31506273	ENSBTAG00000007709
rs135437790	28	21950765	-
rs134850970	28	21974100	-
rs135172589	28	21993299	-
rs110629898	28	21997839	-
