

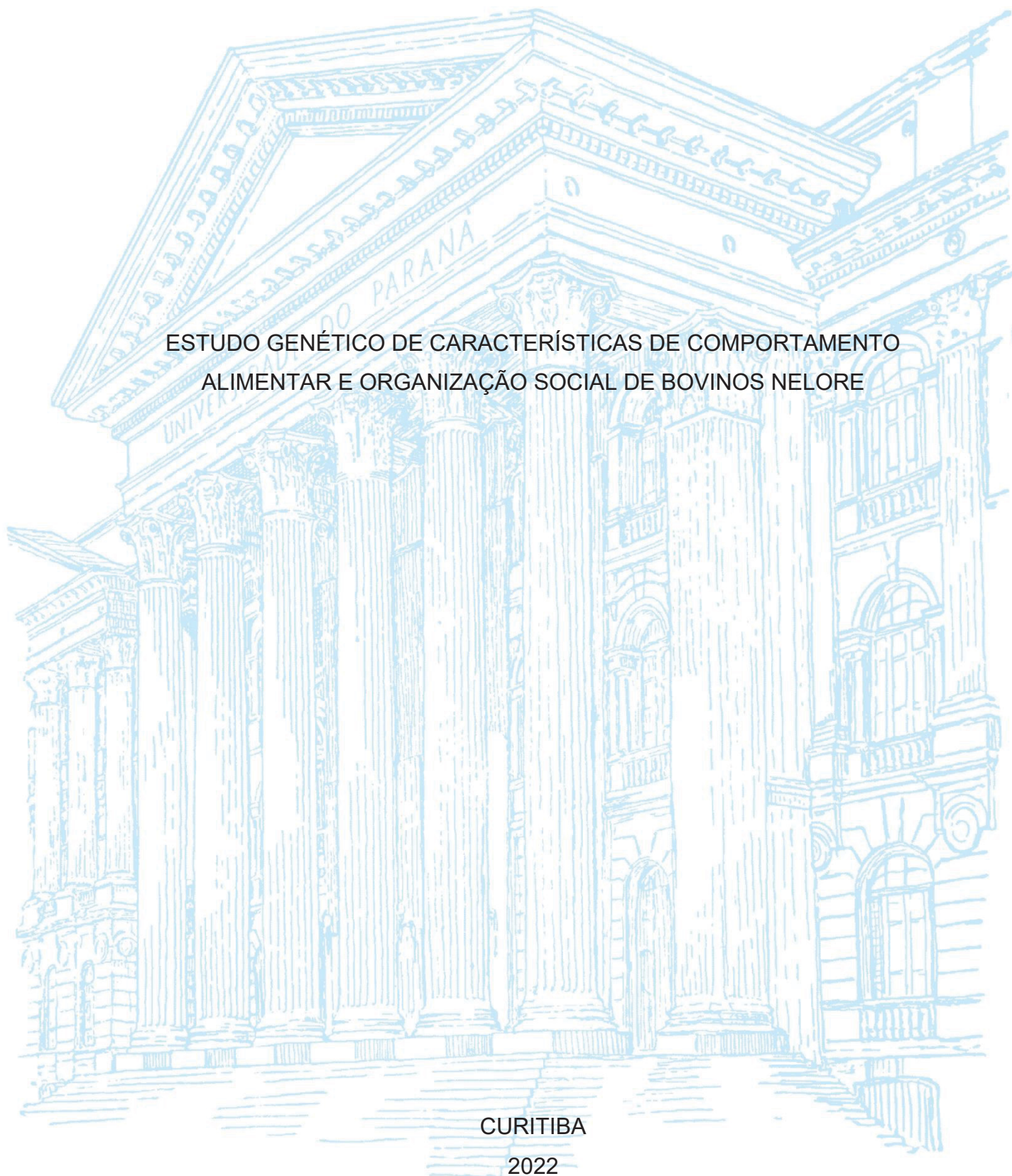
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

JÚLIA DE PAULA SOARES VALENTE

ESTUDO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS DE COMPORTAMENTO  
ALIMENTAR E ORGANIZAÇÃO SOCIAL DE BOVINOS NELORE

CURITIBA

2022



JÚLIA DE PAULA SOARES VALENTE

ESTUDO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS DE COMPORTAMENTO  
ALIMENTAR E ORGANIZAÇÃO SOCIAL DE BOVINOS NELORE

Dissertação apresentada ao curso de Pós-Graduação em Zootecnia, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Zootecnia.

Orientadora: Profa. Dra. Laila Talarico Dias

Coorientadora: Dra. Maria Eugênia Zerlotti  
Mercadante

CURITIBA

2022

DADOS INTERNACIONAIS DE CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO (CIP)  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ  
SISTEMA DE BIBLIOTECAS – BIBLIOTECA

Valente, Júlia de Paula Soares

Estudo genético de características de comportamento alimentar e organização social de bovinos nelore. / Júlia de Paula Soares Valente. – Curitiba, 2022.

1 recurso on-line : PDF.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia.

Orientadora: Profa. Dra. Laila Talarico Dias.

Coorientador: Prof. Dr. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante.

1. Nelore (Bovino) - Criação. 2. Bovinos de corte - Alimentação e rações. 3. Bovinos de corte - genética. I. Dias, Laila Talarico. II. Mercadante, Maria Eugênia Zerlotti. III. Universidade Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. IV. Título.

Bibliotecário: Fernando Cavalcanti Moreira CRB-9/1665



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO SETOR DE  
CIÊNCIAS AGRÁRIAS UNIVERSIDADE  
FEDERAL DO PARANÁ  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-  
GRADUAÇÃO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO  
ZOOTECNIA - 40001016082P0

## TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação ZOOTECNIA da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da dissertação de Mestrado de **JÚLIA DE PAULA SOARES VALENTE** intitulada: **ESTUDO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS DE COMPORTAMENTO ALIMENTAR E ORGANIZAÇÃO SOCIAL DE BOVINOS NELORE**, sob orientação da Profa. Dra. LAILA TALARICO DIAS, que após terem inquirido a aluna e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua **APROVAÇÃO** no rito de defesa.


A outorga do título de mestra está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 04 de Março de 2022.



LAILA TALARICO DIAS

Presidente da Banca Examinadora



MARSON BRUCK WARPECHOWSKI

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)



JOSLAINE NOELY DOS SANTOS GONÇALVES CYRILLO

Avaliador Externo (INSTITUTO DE ZOOTECNIA IZ/APTA-SAA/SP)

Dedico aos meus pais, Aura e Pedro.

## AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Aura e Pedro, por serem os maiores incentivadores e investidores da minha carreira. Sou extremamente grata por sempre contar com o apoio e amor incondicional que recebi. “Grandes esforços, grandes recompensas!”

À minha orientadora, Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup> Laila Talarico Dias, por ter me apresentado o mundo da pecuária de corte, onde encontrei o caminho profissional que eu gostaria de seguir. E pela orientação e dedicação durante o desenvolvimento e escrita do presente trabalho.

À minha coorientadora, Dr<sup>a</sup>. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, pelas contribuições e apoio durante o processo de desenvolvimento dessa dissertação.

Aos meus amigos, Karol e Matheus, pelos cafés científicos, pelas conversas inovadoras e ideias malucas que tivemos a oportunidade de ter nesse ano de convivência diária. Sou extremamente grata por toda a ajuda que vocês me deram durante esse processo de aprendizagem. Aos amigos do café, Geovani, Lucélia e Prof. Marcos, pelos momentos de descontração e risadas na “hora do café” e, ao Prof. Antônio Ostrensky pelas conversas e reflexões que me fizeram crescer e amadurecer.

Aos colegas do GAMA, Amauri, Bárbara, Rafaela e Suelen, pelo auxílio com o uso das ferramentas de análises genéticas.

À Universidade Federal do Paraná e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia que possibilitaram a realização e conclusão de mais uma etapa da minha vida.

Ao Instituto de Zootecnia pela concessão dos dados e, um agradecimento especial, a todos os colaboradores que estão diariamente manejando os animais no campo e auxiliando na coleta dos dados que são utilizados em pesquisas como essa.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudo.

Aos integrantes da banca, Dr<sup>a</sup>. Joslaine e Prof. Marson, por contribuírem com o aprimoramento do presente trabalho.

## PUBLICAÇÕES

Julia Valente, Matheus Deniz and Karolini de Sousa (2021). Socialh: Rank and Social Hierarchy for Gregarious Animals. R package version 0.1.0. <https://CRAN.R-project.org/package=socialh>. (ANEXO I)

### Artigos

VALENTE et al. *socialh*: An R package for determining the social hierarchy of cattle using data from individual electronic bins. **Submetido para a PloOne**. (ANEXO II)

### Resumos

Valente, J. P. S. et al. Heritability estimates for feeding behavior and feed intake traits in Nellore cattle. Anais da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2021. (ANEXO III)

Valente, J. P. S. et al. Herdabilidade e tendência genética para características de crescimento pré-desmama em bovinos Guzará sob seleção. Anais do VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2020. (ANEXO IV)

## RESUMO

Os bovinos são animais gregários e estabelecem a organização social por meio de interações de dominância. No entanto, em sistemas produtivos, as interações de dominância interferem diretamente na produtividade, pois os animais dominantes tendem a ter acesso prioritário ao alimento e a água em relação aos animais subordinados. Consequentemente, o comportamento alimentar e o ganho de peso dos animais são afetados e os animais subordinados tendem a ser prejudicados. Entender como a dominância social influencia na expressão das características de importância produtiva como o consumo, comportamento, eficiência alimentar e crescimento de bovinos de corte auxiliará na forma como os animais serão selecionados nos programas de melhoramento genético. Os objetivos do presente trabalho foram: 1) estimar os parâmetros genéticos para evento de alimentação e evento de refeição e identificar se as medidas refletem a mesma resposta aos usuários, 2) descrever o pacote “socialh” versão 0.1.0, 3) estimar parâmetros genéticos para características de organização social associados as características de comportamento alimentar, consumo alimentar residual e crescimento de bovinos Nelore obtidas a partir de dados de cochos eletrônicos, 4) identificar regiões genômicas associadas ao valor de dominância em bovinos Nelore e elucidar as vias metabólicas relacionadas à expressão fenotípica da característica. Foram utilizados dados de bovinos machos da raça Nelore ( $282 \pm 39$  dias de idade), nascidos entre 2012 e 2020, que participaram do teste de eficiência alimentar no Instituto de Zootecnia entre 2013 e 2021. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o modelo animal. As herdabilidades para as características de consumo e comportamento alimentar variaram de moderada a alta tanto para evento de alimentação (0,35 a 0,57) como para evento de refeição (0,31 a 0,58). Já as correlações genéticas entre evento de alimentação e evento de refeição para as características estudadas, apenas o consumo de matéria seca por dia e o tempo de permanência no cocho por dia apresentaram correlação alta e significativa ( $0,99 \pm 0,01$  e  $0,85 \pm 0,05$ , respectivamente). Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o modelo animal sem (BLUP) e com (ssGBLUP) informações genômicas em análises uni e bicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade foram de  $0,23 \pm 0,07$  (BLUP) e  $0,19 \pm 0,06$  (ssGBLUP) para valor de dominância e  $0,25 \pm 0,08$  (BLUP) e  $0,19 \pm 0,07$  (ssGBLUP) para hierarquia social. As correlações genéticas ( $r_g$ ) entre organização social e consumo de matéria seca por visita e tempo de permanência no cocho por visita foram negativas (-0,28 a -0,47), enquanto  $r_g$  com o número de visitas ao cocho foram positivas (0,21 a 0,34). Em geral, as  $r_g$  entre a organização social e as características de crescimento foram próximas de zero, sugerindo que a seleção para o crescimento não afeta a hierarquia social. Em relação ao estudo genômico, foram encontrados 47 genes relacionados ao valor de dominância em quatro cromossomos (BTA 2, 5, 9, 11), explicando 30% da variância genética aditiva total. A ontologia gênica revelou dois genes associados a importantes processos relacionados ao valor de dominância: *FGD6* e *RAB11FIP5* que em humanos está relacionado a expressão do autismo. Com os resultados obtidos nesta dissertação pode-se concluir que os bancos de dados de evento de alimentação e evento de refeição podem ser utilizados para as análises dos parâmetros genéticos relacionados ao comportamento alimentar de bovinos. A presença de efeitos genéticos na expressão das características de organização social de bovinos Nelore foi evidente. A organização social está



geneticamente associada às características de comportamento alimentar e consumo alimentar residual; entretanto, não apresentou correlação com as características de crescimento dos animais. Embora não haja na literatura trabalhos que relacionem os genes encontrados com a organização social em bovinos, existem relatos de que esses genes estão associados a expressão do autismo em humanos, o que mostra a possibilidade de que de fato estejam associados ao comportamento social em bovinos.

**Palavras-chave:** 1. Correlação genética, 2. GWAS, 3. Herdabilidade, 4. Hierarquia social, 5. Zebu

## ABSTRACT

Cattle are gregarious animals and establish social organization through dominance interactions. However, in productive systems, dominance interactions interfere directly with productivity, as dominant animals tend to have priority access to food and water over subordinate animals. Consequently, the feeding behavior and weight gain of the animals are affected, and subordinate animals tend to be harmed. Understanding how social dominance influences the expression of traits such as consumption, behavior, feed efficiency, and growth of beef cattle will help in the way animals will be selected in genetic improvement programs. The aims of this study were: 1) estimate the genetic parameters for feeding event and meal event and identify whether the measures reflect the same response to users, 2) describe the “socialh” package version 0.1.0, 3) estimate parameters for traits of social organization associated with feeding behavior, residual feed intake and growth traits of Nelore cattle obtained from electronic bins data, and 4) identify genomic regions associated with dominance value in Nelore cattle and elucidate the metabolic pathways related to the phenotypic expression of the trait. Were used data from Nelore cattle males ( $282 \pm 39$  days old), born between 2012 and 2020, who participated in the feed efficiency test at Instituto de Zootecnia between 2013 and 2021. The (co)variance components were estimated by the restricted maximum likelihood method, using the animal model. The heritabilities for consumption traits and feeding behavior ranged from moderate to high for both feeding event (0.35 to 0.57) and meal event (0.31 to 0.58). On the other hand, the genetic correlation for dry matter intake per day and time spent in the trough per day showed a high and significant correlation ( $0.99 \pm 0.01$  and  $0.85 \pm 0.05$ , respectively). The (co)variance components were estimated by the restricted maximum likelihood method, using the animal model (BLUP) and animal model with genomic (ssGBLUP) information in uni and bi traits analyses. The heritability was  $0.23 \pm 0.07$  (BLUP) and  $0.19 \pm 0.06$  (ssGBLUP) for dominance value and  $0.25 \pm 0.08$  (BLUP) and  $0.19 \pm 0.07$  (ssGBLUP) for social hierarchy. The genetic correlations ( $r_g$ ) between social organization and dry matter intake per visit and time spent in the trough per visit were negative ( $-0.28$  to  $-0.47$ ), while  $r_g$  with the times of visits to the trough was positive ( $0.21$  to  $0.34$ ). In general, the  $r_g$ s between social organization and growth traits were close to zero, suggesting that selection for growth does not affect social hierarchy. Regarding the genomic study, 47 genes were related to the dominance value in four chromosomes (BTA 2, 5, 9, 11), explaining 30% of the total additive genetic variance. The gene ontology revealed two genes associated with important processes related to dominance value: FGD6 and RAB11FIP5, which in humans is related to the expression of autism. With the results obtained in this dissertation, it can be concluded that the feeding event and meal event databases can be used for the analysis of genetic parameters related to the feeding behavior of cattle. The presence of genetic effects on the expression of social organization characteristics of Nelore cattle was evident. Social organization is genetically associated with characteristics of feeding behavior and residual feed intake; however, there was no correlation with the growth traits. Although were not found studies in the literature that relate the genes found with social organization in cattle, there are reports that these genes are associated with the expression of autism in humans, which shows the possibility that they are indeed associated with social behavior in cattle.

**Keywords:** 1. Genetic correlation, 2. GWAS, 3. Heritability, 4. Social hierarchy, 5. Zebu

## LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 – FLUXOGRAMA DO PACOTE SOCIALH PARA ANÁLISE DO COMPORTAMENTO SOCIAL. *FORMATO DA FICHA DE DADOS: DATA – DD/MM/AAAA; TEMPO – HORA:MINUTOS:SEGUNDOS.....	45
FIGURA 2 – AMOSTRA DO BANCO DE DADOS DE ENTRADA COM DADOS DO SISTEMA DE ALIMENTAÇÃO ELETRÔNICA DO GADO NELLORE UTILIZADO NA FUNÇÃO REPLACEMENT().	48
FIGURA 3 – EXEMPLO DOS DADOS DE SAÍDA DA FUNÇÃO (A) SMATRIX() E (B) DA FUNÇÃO DMATRIX().	50
FIGURA 4 – MANHATTAN PLOT DA PORCENTAGEM DE VARIAÇÃO GENÉTICA ADITIVA EXPLICADA POR JANELAS ADJACENTES DE 2.0 Mb PARA VALOR DE DOMINÂNCIA EM BOVINOS NELORE .....	82

## LISTA DE TABELAS

TABELA 1 – VALORES MÉDIOS, MÁXIMOS E MÍNIMOS PARA AS CARACTERÍSTICAS DE CONSUMO E COMPORTAMENTO INGESTIVO OBTIDAS POR MEIO DOS BANCOS DE DADOS DE EVENTO DE ALIMENTAÇÃO E EVENTO DE REFEIÇÃO EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE AVALIADOS NO TESTE DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR.....	36
TABELA 2 – ESTIMATIVAS DAS VARIÂNCIAS GENÉTICAS ADITIVAS ( $\sigma^2_a$ ), VARIÂNCIAS RESIDUAIS ( $\sigma^2_e$ ) E HERDABILIDADES ( $h^2$ ) PARA EVENTO DE ALIMENTAÇÃO E EVENTO DE REFEIÇÃO PARA CARACTERÍSTICAS DE CONSUMO E COMPORTAMENTO ALIMENTAR DE BOVINOS DA RAÇA NELORE AVALIADOS NOS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR.....	36
TABELA 3 – ESTIMATIVAS DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE GANHO MÉDIO DIÁRIO, CONSUMO E COMPORTAMENTO ALIMENTAR PARA EVENTO DE ALIMENTAÇÃO (ABAIXO DA DIAGONAL) E EVENTO DE REFEIÇÃO (ACIMA DA DIAGONAL) E ENTRE OS EVENTOS DE ALIMENTAÇÃO E REFEIÇÃO (NA DIAGONAL) DE BOVINOS DA RAÇA NELORE AVALIADOS NOS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR. ....	37
TABELA 4 – FUNÇÕES E DESCRIÇÕES DO PACOTE SOCIALH. ....	45
TABELA 5 – DESCRIÇÃO DOS GRUPOS DE ANIMAIS QUE PARTICIPARAM DOS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR ENTRE OS ANOS DE 2013 E 2021 NO INSTITUTO DE ZOOTECNIA.....	63
TABELA 6 – VALORES MÉDIOS E DESVIOS-PADRÃO (DP) DAS CARACTERÍSTICAS: ORGANIZAÇÃO SOCIAL (VD E HS), COMPORTAMENTO ALIMENTAR (CMS, TPC, FVC), CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL (CAR) E CRESCIMENTO (PI, PM, PF, PSEL, GMD) AVALIADAS EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE DURANTE OS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR.....	67
TABELA 7 – ESTIMATIVAS DAS VARIÂNCIAS GENÉTICAS ADITIVAS ( $\sigma^2_a$ ), VARIÂNCIAS RESIDUAIS ( $\sigma^2_e$ ) E HERDABILIDADES ( $H^2$ ) NO SENTIDO ESTRITO (BLUP) E COM INFORMAÇÃO GENÔMICA (SSGBLUP) PARA AS CARACTERÍSTICAS VALOR DE DOMINÂNCIA (VD) E HIERARQUIA SOCIAL (HS) EM BOVINOS DA RAÇA NELORE DURANTE OS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR.....	68

TABELA 8 – CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE ORGANIZAÇÃO SOCIAL (VD E HS), COMPORTAMENTO ALIMENTAR (CMS <sub>v</sub> , CMS <sub>d</sub> , TPC <sub>v</sub> , TPC <sub>d</sub> , FVC), CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL (CAR) E CRESCIMENTO (PI, PM, PF, PSEL, GMD) OBTIDAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE DURANTE OS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR.....	69
TABELA 9 – IDENTIFICAÇÃO E DESCRIÇÃO DOS GENES CANDIDATOS EM JANELAS GENÔMICAS QUE EXPLICARAM MAIS DE 0,5% DA VARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA TOTAL PARA VALOR DE DOMINÂNCIA EM BOVINOS NELORE.....	82

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>16</b>
1.1 HIPÓTESES .....	17
1.2 OBJETIVOS .....	17
1.2.1 Objetivo geral .....	17
1.2.2 Objetivos específicos.....	17
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>19</b>
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>21</b>
2.1 ORGANIZAÇÃO SOCIAL DE BOVINOS.....	21
2.1.1 Determinação da dominância social.....	22
2.1.2 A genética de dominância social .....	24
2.1.3 Os estudos de regiões genômicas associadas a organização social .....	25
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>27</b>
<b>4 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE COMPORTAMENTO ALIMENTAR DE BOVINOS DE CORTE</b> .....	<b>31</b>
4.1 INTRODUÇÃO .....	33
4.2 MATERIAL E MÉTODOS .....	33
4.3 RESULTADOS .....	35
4.4 DISCUSSÃO .....	38
4.5 CONCLUSÃO.....	40
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>41</b>
<b>5 SOCIALH: AN R PACKAGE FOR DETERMINING THE SOCIAL HIERARCHY OF CATTLE USING DATA FROM INDIVIDUAL ELECTRONIC BINS</b> .....	<b>42</b>
5.1 INTRODUCTION .....	44
5.2 OVERVIEW OF SOCIALH .....	44
5.3 DATA PREPARATION AND IMPORT .....	46
5.4 SPECIFICATIONS AND IMPLEMENTATION OF THE FUNCTIONS .....	47
5.4.1 Replacement identification .....	47
5.4.2 Matrix determinations: sociometric and dyadic.....	49
5.4.3 Linearity index .....	53
5.5 FINAL CONSIDERATIONS .....	54
<b>REFERENCES</b> .....	<b>56</b>

<b>6 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A ORGANIZAÇÃO SOCIAL ASSOCIADAS AS CARACTERÍSTICAS DE COMPORTAMENTO ALIMENTAR, CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL E CRESCIMENTO DE BOVINOS NELORE .....</b>	<b>59</b>
6.1 INTRODUÇÃO .....	61
6.2 MATERIAL E MÉTODOS .....	62
6.2.1 Animais.....	62
6.2.2 Instalações .....	62
6.2.3 Determinação da organização social .....	63
6.2.4 Dados de comportamento alimentar, eficiência alimentar e crescimento.....	64
6.2.5 Genotipagem e controle de qualidade.....	65
6.2.6 Análises.....	65
6.3 RESULTADOS .....	67
6.4 DISCUSSÃO .....	69
6.5 CONCLUSÃO.....	72
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>74</b>
<b>7 REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS AO VALOR DE DOMINÂNCIA EM BOVINOS NELORE .....</b>	<b>77</b>
7.1 INTRODUÇÃO .....	79
7.2 MATERIAL E MÉTODOS .....	79
7.2.1 Animais e fenótipos .....	79
7.2.2 Genotipagem e controle de qualidade.....	80
7.2.3 Análises.....	80
7.2.4 Análise funcional e redes gênicas .....	81
7.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	81
7.4 CONCLUSÃO.....	85
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>86</b>
<b>8 CONSIDERAÇÕES FINAIS .....</b>	<b>88</b>
<b>ANEXO I.....</b>	<b>89</b>
<b>ANEXO II.....</b>	<b>90</b>
<b>ANEXO III.....</b>	<b>91</b>
<b>ANEXO IV .....</b>	<b>92</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Os princípios da pecuária de precisão (autônomo, preciso e contínuo) associados aos avanços tecnológicos de componentes eletrônicos resultaram no surgimento de dispositivos capazes de fornecer suporte para monitorar e gerenciar os sistemas de produção (NEETHIRAJAN et al., 2017). Um exemplo destes dispositivos são os cochos eletrônicos, ferramenta utilizada para monitorar o comportamento alimentar individual de animais, por meio do registro do tempo de permanência e da quantidade de alimento ingerido a cada visita ao cocho. Estes equipamentos captam e armazenam um grande volume de dados de maneira rápida e precisa que podem ser aplicados em diferentes áreas da pecuária (ex.: comportamento social, alimentar e hídrico).

Os bovinos são animais gregários e estabelecem a organização social por meio de interações de dominância (DREWS, 1993). Essas relações ajudam a manter a ordem social estável, diminuindo o número de conflitos desnecessários entre os indivíduos (BOUISSOU et al., 2001) e regulando o acesso a recursos essenciais como alimento (BICA et al., 2019; DE SOUSA et al., 2021), água (COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012; FORIS et al., 2019) e sombra (DENIZ et al., 2021). Para determinar a dominância social é necessário registrar as interações agonísticas que ocorrem entre os animais de um mesmo grupo (LEHNER, 1998). Assim, para automatizar o processo de registro das interações e determinar a organização social dos animais, pode-se utilizar de algoritmos desenvolvidos para detectar automaticamente as interações agonísticas a partir dos dados de cochos eletrônicos (FORIS et al., 2019; HUZZEY et al., 2014; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019, 2020).

Os registros de cochos eletrônicos são utilizados para obtenção das características de comportamento alimentar, a partir de dados de evento de alimentação, que considera todas as visitas ao cocho do animal, e evento de refeição, que é um conjunto de eventos de alimentação, desde que esses eventos ocorram em um intervalo inferior a cinco minutos. As características de comportamento alimentar também têm sido usadas no melhoramento genético animal como forma de aprimorar o conhecimento sobre ingestão de matéria seca, ganho médio diário e eficiência alimentar em bovinos de corte e assim selecionar os animais de forma mais eficiente



(BENFICA et al., 2020; CHEN et al., 2014; DURUNNA et al., 2011; NKRUMAH et al., 2007).

De acordo com Ellen et al. (2014), embora a seleção de bovinos de corte venha sendo realizada para eficiência alimentar a partir de dados de comportamento alimentar, ainda faltam pesquisas que abordem estudos com parâmetros e avaliações genéticas relacionados a organização social. Sendo assim, entender como a dominância social influencia na expressão das características de importância produtiva como o consumo, comportamento, eficiência alimentar e crescimento de bovinos de corte auxiliará na forma como os animais são selecionados nos programas de melhoramento genético. Com a evolução das técnicas de melhoramento genético, tem-se buscado a seleção de reprodutores com base nas informações genômicas dos indivíduos, aumentando a acurácia de predição, principalmente, para as características menos herdáveis e mais complexas de serem obtidas a campo.

## 1.1 HIPÓTESES

A hierarquia social é uma característica influenciada geneticamente e apresenta correlação genética com as características relacionadas ao comportamento alimentar, à eficiência alimentar e ao crescimento de bovinos da raça Nelore.

## 1.2 OBJETIVOS

### 1.2.1 Objetivo geral

Estimar os parâmetros genéticos para características relacionadas ao comportamento alimentar e a organização social de bovinos Nelore, considerando as informações de pedigree e genômicas.

### 1.2.2 Objetivos específicos

Estimar os parâmetros genéticos para evento de alimentação e evento de refeição e identificar se as medidas refletem a mesma resposta aos usuários.

Descrever o pacote socialh em linguagem R, desenvolvido para determinar a organização social de animais gregários a partir de dados de cochos eletrônicos.

Estimar parâmetros genéticos para características de organização social (valor de dominância e hierarquia social) associadas as características de comportamento alimentar, consumo alimentar residual e crescimento de bovinos Nelore obtidas a partir de dados de cochos eletrônicos.

Identificar regiões genômicas associadas ao valor de dominância em bovinos Nelore e as vias metabólicas relacionadas à expressão fenotípica da característica.

## REFERÊNCIAS

- BENFICA, L. F. et al. Genetic association among feeding behavior, feed efficiency, and growth traits in growing indicine cattle. **Journal of Animal Science**, v. 98, n. 11, 1 nov. 2020.
- BICA, G. S. et al. Social hierarchy and feed supplementation of heifers: Line or piles? **Applied Animal Behaviour Science**, v. 220, 1 nov. 2019.
- BOUISSOU, M.-F. et al. The Social Behaviour of Cattle. In: KEELING, L. J.; GONYOY, H. W. (Eds.). . **Social Behaviour in Farm Animals**. New York: CABI Publishing, 2001. p. 113–145.
- CHEN, L. et al. Phenotypic and genetic relationships of feeding behavior with feed intake, growth performance, feed efficiency, and carcass merit traits in Angus and Charolais steers. **Journal of Animal Science**, v. 92, n. 3, p. 974–983, 2014.
- COIMBRA, P. A. D.; MACHADO FILHO, L. C. P.; HÖTZEL, M. J. Effects of social dominance, water trough location and shade availability on drinking behaviour of cows on pasture. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 139, n. 3–4, p. 175–182, jul. 2012.
- DE SOUSA, K. T. et al. Degree of affinity among dairy heifers affects access to feed supplementation. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 234, n. July 2019, 2021.
- DENIZ, M. et al. Social hierarchy influences dairy cows' use of shade in a silvopastoral system under intensive rotational grazing. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 244, n. July, p. 105467, 2021.
- DREWS, C. The Concept and Definition of Dominance in Animal Behaviour. **Behaviour**, v. 125, n. 3–4, p. 283–313, 1993.
- DURUNNA, O. N. et al. Feed efficiency differences and reranking in beef steers fed grower and finisher diets. **Journal of Animal Science**, v. 89, n. 1, p. 158–167, 1 jan. 2011.
- ELLEN, E. D. et al. The prospects of selection for social genetic effects to improve welfare and productivity in livestock. **Frontiers in Genetics**. Frontiers Media S.A., 2014.
- FORIS, B. et al. Automatic detection of feeding- and drinking-related agonistic behavior and dominance in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 10, p. 9176–9186, 1 out. 2019.
- HUZZEY, J. M. et al. Short communication: Automatic detection of social competition using an electronic feeding system. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 5, p. 2953–2958, 2014.
- LEHNER, P. **Handbook of ethological methods**. 2. ed. [s.l.] Cambridge University Press, 1998.

MCDONALD, P. V.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Technical note: Using an electronic drinker to monitor competition in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 4, p. 3495–3500, 2019.

MCDONALD, P. V.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Hot weather increases competition between dairy cows at the drinker. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 4, p. 3447–3458, 1 abr. 2020.

NEETHIRAJAN, S. et al. Recent advancement in biosensors technology for animal and livestock health management. **Biosensors and Bioelectronics**, v. 98, n. April 2017, p. 398–407, 2017.

NKRUMAH, J. D. et al. Genetic and phenotypic relationships of feeding behavior and temperament with performance, feed efficiency, ultrasound, and carcass merit of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 85, n. 10, p. 2382–2390, 2007.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

Os bovinos são animais gregários e a convivência em grupo garantiu a sobrevivência dessa espécie ao longo das gerações (ALCOCK, 2011). O primeiro laço social ocorre entre a mãe e o bezerro (HUDSON; MULLORD, 1977; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2007), e com o decorrer do tempo, o número de interações com outros indivíduos do grupo aumenta progressivamente (REINHARDT; REINHARDT, 1981). As interações sociais no primeiro ano de vida do animal acontecem por meio de simulações de lutas que são associadas a corridas e montas, principalmente, entre os indivíduos da mesma idade (REINHARDT; REINHARDT, 1982; VITALE et al., 1986). As relações sociais de um animal com seus coespecíficos não são um comportamento pré-programado, pois dependem do aprendizado a partir da observação das características dos outros membros do grupo e se desenvolvem com o avançar da idade (VEISSIER et al., 1998).

### 2.1 ORGANIZAÇÃO SOCIAL DE BOVINOS

A organização social dos animais gregários é estabelecida por meio de interações sociais (DREWS, 1993) que podem ser classificadas em agonísticas (ex: atos agressivos e respostas à agressão) e não agonísticas (ex: lambeduras e comportamento sexual) (BOUISSOU et al., 2001). As interações agonísticas ocorrem com maior frequência na formação de novos grupos (BØE; FÆREVIK, 2003) e auxiliam no estabelecimento das relações de dominância-subordinação entre os indivíduos (KONDO; HURNIK, 1990). O termo dominância está relacionado aos confrontos que ocorrem entre díades (pares de animais), em que o animal dominante tende a inibir a presença de outro animal, que no caso é subordinado a ele (BEILHARZ'; ZEEB, 1982). Fatores como idade, peso (DENIZ et al., 2021; ŠÁROVÁ et al., 2013), sexo, presença de chifre (CHASE et al., 2002) e raça dos indivíduos podem influenciar na posição social do indivíduo no grupo (JENSEN, 2017). Uma vez estabelecidas, as relações de dominância podem persistir por um longo período entre os animais (BOUISSOU et al., 2001).

As relações de dominância dentro do grupo ajudam a manter a ordem social estável, diminuindo o número de conflitos desnecessários entre os indivíduos (BOUISSOU et al., 2001) e regulando o acesso a recursos essenciais como alimento

(BICA et al., 2019; DE SOUSA et al., 2021), água (COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012; FORIS et al., 2019) e sombra (DENIZ et al., 2021). No entanto, os efeitos da dominância social são exibidos com maior frequência nos casos de alta densidade de lotação, como por exemplo, quando o espaço no cocho é insuficiente para o número de animais (HUZZEY et al., 2006); ou quando a localização do bebedouro impede o acesso de vários animais ao mesmo tempo (COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012b). Nesses casos, os animais dominantes tendem a ter acesso prioritário aos recursos em relação aos animais subordinados. Consequentemente, o comportamento alimentar (LLONCH et al., 2018; VAL-LAILLET et al., 2009) e o ganho de peso dos animais (FIOL; CARRIQUIRY; UNGERFELD, 2017) são afetados, e animais subordinados tendem a ser prejudicados.

### 2.1.1 Determinação da dominância social

Para determinar a dominância social é necessário registrar as interações agonísticas que ocorrem entre os animais de um mesmo grupo (LEHNER, 1998), que podem ocorrer com contato físico, por meio de cabeçadas e coices ou sem contato físico, quando um animal ameaça e o outro recua (KONDO; HURNIK, 1990). Geralmente, essas interações ocorrem como forma de disputas, entre díades, por acesso aos recursos disponíveis no ambiente, como alimento e água. Nas disputas, um animal da díade é denominado ator - quando inicia a ação e vence a disputa - e o outro animal é denominado reator - quando recebe a ação e perde a disputa.

O registro das interações agonísticas pode ser realizado por meio de observações diretas ou indiretas. As observações diretas são realizadas *in loco*, ou seja, o observador anota as interações agonísticas que ocorrem entre os indivíduos durante o período em que estava presente no mesmo ambiente que os animais (MIRANDA-DE LA LAMA et al., 2013). E as observações indiretas, ocorrem quando os registros são realizados por meio de imagens de câmeras de vídeo (HASKELL et al., 2019; LLONCH et al., 2018). Durante as observações são registradas as identificações do animal ator e do reator e, em ambos os casos, as observações demandam muito tempo, o que dificulta o estudo das interações sociais entre os animais.

Outra forma de registro é baseada na detecção automática de disputas por recursos por meio de sensores eletrônicos e algoritmos computacionais (FORIS et al., 2019; HUZZEY et al., 2014; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019;

RUTTER et al., 1987). Esse tipo de registro é possível quando o local de avaliação conta com alimentadores e/ou bebedouros eletrônicos equipados com sensores, que são capazes de ler os brincos de identificação eletrônicos de cada animal. A metodologia utiliza as informações de saída de um animal e a subsequente entrada de um novo animal no mesmo cocho para estimar as disputas entre dois animais. Esse método facilita as pesquisas relacionadas a dominância social, pois não há necessidade da presença de um observador. Porém, vale ressaltar que sistemas automáticos (ex.: alimentadores e bebedouros) ainda são pouco utilizados para estudos relacionados ao comportamento dos bovinos, devido ao custo para aquisição desses equipamentos.

Após o registro das interações agonísticas, as informações podem ser inseridas em uma matriz sociométrica (LEHNER, 1998), na qual será possível verificar a frequência de interações agonísticas entre cada díade. Na diagonal da matriz sempre constará valores iguais à zero, pois um animal não interage com ele mesmo. Porém, quando o valor entre uma díade for igual a zero, significa que não foi registrado nenhuma interação agonística entre esses animais. Assim, quanto mais completa a matriz estiver, melhor será a representação da dominância social do grupo observado (DE VRIES, 1995).

Para determinar a hierarquia social dos animais a partir da matriz sociométrica, vários métodos foram propostos na literatura (BEILHARZ et al., 1963; DAVID, 1987; GALINDO; BROOM, 2000; HEMELRIJK; WANTIA; GYGAX, 2005; KONDO; HURNICK, 1990b). No entanto, as diferentes metodologias apresentam resultados distintos e não existe um consenso de qual seria a melhor, ficando a critério do pesquisador identificar aquela que mais se adequa ao banco de dados a ser utilizado. Um dos métodos desenvolvidos para determinar a hierarquia social foi apresentado por Kondo e Hurnick (1990), que considera todas as vitórias e derrotas de cada díade e retorna como resultado o valor de dominância de cada animal dentro do grupo. Para tanto, as frequências das relações diádicas do  $i^{\text{ésimo}}$  animal em relação ao  $j^{\text{ésimo}}$  animal obtidas na matriz sociométrica são sumarizadas em uma matriz qualitativa com valores iguais a -1 (subordinação – quando o animal perdeu mais disputas do que venceu), 0 (empate - quando o número de vitórias para ambos os membros da díade é igual) ou +1 (dominância – quando o animal venceu mais disputas do que perdeu). Os valores qualitativos são obtidos pela razão entre diferença entre o número de vezes que o

animal  $i$  foi ator em relação ao animal  $j$  ( $X_{ij}$ ) e número de vezes que o animal  $j$  foi ator em relação ao animal  $i$  ( $X_{ji}$ ) e o módulo da diferença entre  $X_{ij}$  e  $X_{ji}$ .

O valor de dominância para o  $i$ ésimo animal ( $S_i$ ) é calculado a partir do somatório das colunas da matriz qualitativa. Os animais que apresentam os maiores de  $S_i$  são considerados dominantes, enquanto os animais com menores valores são subordinados. Para fins teóricos, é possível estratificar os animais do grupo em uma escala de dominância (dominantes, intermediários e subordinados) utilizando os valores de  $S_i$ , a partir da razão entre a diferença do valor de dominância máximo e mínimo pelas três categorias de dominância (COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012).

Os métodos de determinação social foram desenvolvidos com a intenção de transformar informações qualitativas (interações agonísticas) em valores quantitativos (valor de dominância), para facilitar o estudo das relações de dominâncias entre os animais. A metodologia apresentada por Kondo e Hurnick (1990) é uma das únicas a considerar todas as disputas entre todos os animais do grupo, de modo que os valores obtidos possibilitam melhor representatividade da hierarquia social do grupo observado.

### 2.1.2 A genética de dominância social

Estudos prévios estimaram a herdabilidade para valor de dominância de vacas leiteiras e relataram valores de 0,40 para bezerras (BEILHARZ; BUTCHER; FREEMAN, 1966) e 0,15 para vacas multíparas (DICKSON et al., 1970). Para bovinos de corte, a herdabilidade estimada para dominância social foi de 0,12 (SARTORI; MANTOVANI, 2012). No entanto, para bovinos de corte, o coeficiente de herdabilidade foi estimado a partir de dados coletados em torneios de lutas, em que pares de vacas duelam entre si e a vaca vencedora é considerada dominante e a vaca perdedora é a subordinada. As informações obtidas em torneios ou campeonatos realizados com o objetivo de instigar confrontos entre os animais tendem a ser diferentes dos dados coletados em grupos de animais, pois as circunstâncias proporcionadas pelo ambiente de luta são completamente diferentes das encontradas no convívio em grupo (KONDO; HURNICK, 1990). Embora na literatura existam poucos estudos relacionados sobre a influência genética na dominância social, os resultados encontrados indicam que há variabilidade genética entre os animais.



Além da escassez de informações sobre os efeitos genéticos aditivos diretos, não há na literatura trabalhos sobre as correlações genéticas entre a dominância social e as outras características de importância produtiva na bovinocultura de corte, como: consumo, crescimento, eficiência alimentar, ganho de peso e reprodução dos animais. Porém, com o avanço da tecnologia e o recente aprimoramento das técnicas de obtenção das relações de dominância social entre os animais (FORIS et al., 2019; HUZZEY et al., 2014; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019; RUTTER et al., 1987), a coleta de informações de dominância social passou a ser viável, possibilitando a realização de novos estudos que abordem a dominância social do ponto de vista da genética utilizando técnicas genômicas.

### 2.1.3 Os estudos de regiões genômicas associadas a organização social

Os estudos de regiões genômicas associadas (GWAS – *genome wide association studies*) têm como objetivo identificar possíveis regiões de um ou mais cromossomos dentro de uma espécie, que possam ter efeitos sobre determinada característica fenotípica (FORTES et al., 2012). Inicialmente, os estudos de GWAS foram utilizados para a detecção de regiões relacionadas a doenças genéticas em humanos, mas com o aprimoramento das técnicas e o avanço dos conhecimentos computacionais, o GWAS vem sendo aplicado em diferentes espécies animais (SHARMA et al., 2015). Esse método é abrangente, pois consegue detectar efeitos genéticos fracos, com menor número de amostras em relação aos estudos de ligação.

Em relação aos estudos genômicos relacionados a dominância social existem registros na literatura que identificaram genes que podem estar ligados a expressão das características de comportamento social. O sistema monoaminérgico tem sido estudado no âmbito da hierarquia social devido ao papel na expressão de características como agressão, motivação e recompensa com camundongos e macacos (VAN DER KOOIJ; SANDI, 2015). Lewejohann et al. (2010) estudaram a função do transportador de serotonina (*SLC6A4*) na dominância social e os achados sugerem que o gene *SLC6A4* pode influenciar na relação de dominância entre os animais, agindo por meio de outros aspectos do comportamento social como a motivação. A motivação tem sido relacionada ao funcionamento dopaminérgico e a expressão gênica diferencial no sistema de neurotransmissores pode ser relevante para a expressão da dominância social em animais gregários (MILLER-

BUTTERWORTH et al., 2008). Assim como o sistema monoaminérgico, os neuropeptídeos – ocitocina e vasopressina – têm sido relacionados ao comportamento social, pois influenciam na expressão da agressão e dominância nos vertebrados (VAN DER KOOIJ; SANDI, 2015). As variações na sinalização dos neuropeptídeos servem para promover a diversidade comportamental nos contextos sociais (VAN DER KOOIJ; SANDI, 2015). Nos roedores, camundongos com uma deleção seletiva do gene *OXT* – gene precursor da produção de ocitocina - foram menos propensos a entrar em confrontos quando colocados no mesmo ambiente que camundongos sem a deleção (LAZZARI et al., 2013). Porém, mais estudos são necessários para que os mecanismos genéticos envolvidos na expressão de características de dominância social sejam identificados.

Em relação aos bovinos, os primeiros estudos relacionados à montagem do genoma completo da espécie *Bos taurus* foram publicados em 2009 (LIU et al., 2009; ZIMIN et al., 2009), os quais auxiliaram no desenvolvimento de novas pesquisas comparativas e evolutivas inter e intra espécie. No entanto, ainda não foram encontrados artigos que identificaram genes ou regiões genômicas relacionados a dominância social em bovinos.

## 2.2 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A dominância social dos bovinos, apesar de amplamente difundida na literatura, ainda é uma característica pouco estudada no âmbito da genética. Pouco se sabe sobre os efeitos genéticos diretos relacionados a expressão dessa característica, provavelmente, devido à dificuldade em coletar informações fenotípicas e, conseqüentemente, construir bancos de dados consistentes para que as análises genéticas sejam realizadas. Assim, as novas técnicas para determinar a hierarquia social a partir de sistemas de cochos eletrônicos podem auxiliar na obtenção de dados, de modo a propiciar o desenvolvimento de pesquisas genéticas relacionadas a característica.

## REFERÊNCIAS

- ALCOCK, J. **Comportamento Animal: Uma Abordagem Evolutiva**. 9. ed. [s.l.] Artmed, 2011.
- BEILHARZ, R. G. et al. **SOCIAL POSITION AND BEHAVIOUR OF DAIRY HEIFERS IN YARDS** *Animal Behaviour*. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <<https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/0003347263902732>>.
- BEILHARZ, R. G.; BUTCHER, D. F.; FREEMAN, A. E. Social Dominance and Milk Production in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 49, n. 7, p. 887–892, 1966.
- BEILHARZ, R. G.; ZEEB, K. Social dominance in dairy cattle. **Applied Animal Ethology**, p. 79–97, 1982.
- BICA, G. S. et al. Social hierarchy and feed supplementation of heifers: Line or piles? **Applied Animal Behaviour Science**, v. 220, 1 nov. 2019.
- BØE, K. E.; FÆREVIK, G. Grouping and social preferences in calves, heifers and cows. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 80, n. 3, p. 175–190, 25 fev. 2003.
- BOUISSOU, M.-F. et al. The Social Behaviour of Cattle . In: KEELING, L. J.; GONYOY, H. W. (Eds.). . **Social Behaviour in Farm Animals**. New York: CABI Publishing, 2001. p. 113–145.
- CHASE, I. D. et al. Individual differences versus social dynamics in the formation of animal dominance hierarchies. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 99, n. 8, p. 5744–5749, 16 abr. 2002.
- COIMBRA, P. A. D.; MACHADO FILHO, L. C. P.; HÖTZEL, M. J. Effects of social dominance, water trough location and shade availability on drinking behaviour of cows on pasture. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 139, n. 3–4, p. 175–182, jul. 2012.
- DAVID, H. A. Ranking from unbalanced paired-comparison data. **Biometrika**. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <<http://biomet.oxfordjournals.org/>>.
- DE SOUSA, K. T. et al. Degree of affinity among dairy heifers affects access to feed supplementation. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 234, n. July 2019, 2021.
- DE VRIES, H. (1995). An improved test of linearity in dominance hierarchies containing unknown or tied relationships. **Animal Behaviour**, 50(5), 1375–1389.
- DENIZ, M. et al. Age and body mass are more important than horns to determine the social position of dairy cows. **Journal of Ethology**, v. 39, n. January 2021, p. 19–27, 2021a.
- DENIZ, M. et al. Social hierarchy influences dairy cows' use of shade in a silvopastoral system under intensive rotational grazing. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 244, n. July, p. 105467, 2021b.

DICKSON, D. P. et al. Social Dominance and Temperament of Holstein Cows. **Journal of Dairy Science**, v. 53, n. 7, p. 904–907, 1970.

DREWS, C. The Concept and Definition of Dominance in Animal Behaviour. **Behaviour**, v. 125, n. 3–4, p. 283–313, 1993.

FIOL, C.; CARRIQUIRY, M.; UNGERFELD, R. Social dominance in prepubertal dairy heifers allocated in continuous competitive dyads: Effects on body growth, metabolic status, and reproductive development. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 3, p. 2351–2359, 1 mar. 2017.

FORIS, B. et al. Automatic detection of feeding- and drinking-related agonistic behavior and dominance in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 10, p. 9176–9186, 1 out. 2019.

GALINDO, F.; BROOM, D. M. The relationships between social behaviour of dairy cows and the occurrence of lameness in three herds. **Research in Veterinary Science**, v. 69, n. 1, p. 75–79, 2000.

HASKELL, M. J. et al. Relationships between feeding behaviour, activity, dominance and feed efficiency in finishing beef steers. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 210, n. October 2018, p. 9–15, 2019.

HEMELRIJK, C. K.; WANTIA, J.; GYGAX, L. **The Construction of Dominance Order: Comparing Performance of Five Methods Using an Individual-Based Model** *Source: Behaviour*. [s.l.: s.n.].

HUDSON, S. J.; MULLORD, M. M. Short Communication investigations of Maternal Bonding In Dairy Cattle. **Applied Animal Ethology**. [s.l.: s.n.].

HUZZEY, J. M. et al. Stocking Density and Feed Barrier Design Affect the Feeding and Social Behavior of Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n. 1, p. 126–133, 2006.

HUZZEY, J. M. et al. Short communication: Automatic detection of social competition using an electronic feeding system. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 5, p. 2953–2958, 2014.

JENSEN, M. B. The role of social behavior in cattle welfare. In: **Advances in Cattle Welfare**. [s.l.] Elsevier, 2017. p. 123–155.

KONDO, S.; HURNIK, J. F. Stabilization of social hierarchy in dairy cows. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 27, n. 4, p. 287–297, 1 out. 1990.

LAZZARI, V. M. et al. Oxytocin modulates social interaction but is not essential for sexual behavior in male mice. **Behavioural Brain Research**, v. 244, p. 130–136, 1 maio 2013.

LEHNER, P. **Handbook of ethological methods**. 2. ed. [s.l.] Cambridge University Press, 1998.

LEWEJOHANN, L. et al. Social status and day-to-day behaviour of male serotonin transporter knockout mice. **Behavioural Brain Research**, v. 211, n. 2, p. 220–228, 25 ago. 2010.

LLONCH, P. et al. Temperament and dominance relate to feeding behaviour and activity in beef cattle: Implications for performance and methane emissions. **Animal**, v. 12, n. 12, p. 2639–2648, 2018.

MCDONALD, P. V.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Technical note: Using an electronic drinker to monitor competition in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 4, p. 3495–3500, 1 abr. 2019.

MILLER-BUTTERWORTH, C. M. et al. Sequence Variation in the Primate Dopamine Transporter Gene and Its Relationship to Social Dominance. **Molecular Biology and Evolution**, v. 25, n. 1, p. 18–28, 1 jan. 2008.

MIRANDA-DE LA LAMA, G. C. et al. Influence of social dominance on production, welfare and the quality of meat from beef bulls. **Meat Science**, v. 94, n. 4, p. 432–437, 1 ago. 2013.

REINHARDT, V.; REINHARDT, A. Cohesive Relationships in a Cattle Herd (*Bos Indicus*). **Behaviour**, v. 77, n. 3, p. 121–150, 1 jan. 1981.

REINHARDT, V.; REINHARDT, A. Mock Fighting in Cattle. **Behaviour**, v. 81, n. 1, p. 1–13, 1982.

RUTTER, S. M. et al. Automatically recorded competitive feeding behaviour as a measure of social dominance in dairy cows. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 17, n. 1–2, p. 41–50, 1987.

ŠÁROVÁ, R. et al. Pay respect to the elders: Age, more than body mass, determines dominance in female beef cattle. **Animal Behaviour**, v. 86, n. 6, p. 1315–1323, dez. 2013.

SARTORI, C.; MANTOVANI, R. Indirect genetic effects and the genetic bases of social dominance: evidence from cattle. **Heredity** **2013 110:1**, v. 110, n. 1, p. 3–9, 12 set. 2012.

VAL-LAILLET, D. et al. Allogrooming in cattle: Relationships between social preferences, feeding displacements and social dominance. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 116, n. 2–4, p. 141–149, 2009.

VAN DER KOOIJ, M. A.; SANDI, C. The genetics of social hierarchies. **Current Opinion in Behavioral Sciences**, v. 2, p. 52–57, 2015.

VEISSIER, I. et al. **Ontogeny of social awareness in domestic herbivores** **Applied Animal Behaviour Science**. [s.l.: s.n.].

VITALE, A. F. et al. Social behaviour of the calves of semi-wild Maremma cattle, *Bos primigenius taurus*. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 16, n. 3, p. 217–231, 1 nov. 1986.

VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Maternal behavior in cattle.  
**Hormones and Behavior**, v. 52, n. 1, p. 106–113, jun. 2007.

#### **4 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE COMPORTAMENTO ALIMENTAR DE BOVINOS DE CORTE**

Júlia de Paula Soares Valente<sup>1</sup>, Joslaine Noely dos Santos Goncalves Cyrillo<sup>2</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>2</sup>, Laila Talarico Dias<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>2</sup>Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, 13380-011, Sertãozinho, Brasil.

Autor correspondente: Júlia de Paula Soares Valente - E-mail: [juliadepaulasoaresvalente@gmail.com](mailto:juliadepaulasoaresvalente@gmail.com); ORCID: 0000-0001-8589-6747

## RESUMO

Os cochos eletrônicos são ferramentas utilizadas para monitorar o comportamento alimentar individual de bovinos. Porém, alguns fabricantes disponibilizam aos usuários informações sobre evento de alimentação - que considera todas as visitas ao cocho do animal -, enquanto outros fornecem dados de evento de refeição - que é um conjunto de eventos de alimentação, desde que esses eventos ocorram em um intervalo inferior a cinco minutos - o que pode gerar generalizações de conceitos e dúvidas na hora de usar as informações corretamente. Portanto, os objetivos do presente trabalho foram estimar os parâmetros genéticos para evento de alimentação e evento de refeição e identificar se as medidas refletem a mesma resposta aos usuários. Foram utilizados dados de evento de alimentação e evento de refeição de 858 bovinos Nelore que participaram do teste de eficiência alimentar do Instituto de Zootecnia. Os parâmetros genéticos (herdabilidade e correlação genética) foram estimados para as seguintes características: consumo de matéria seca por dia ( $CMS_d$ ; kg/dia) e por visita ( $CMS_v$ ; kg/visita), tempo de permanência no cocho por dia ( $TPC_d$ ; min/dia) e por visita ( $TPC_v$ ; min/visita), frequência de visitas ao cocho por dia (FVC, vezes/dia) e ganho médio diário (GMD; kg/dia). As herdabilidades para as características de consumo e comportamento alimentar variaram de moderada a alta tanto para evento de alimentação (0,35 a 0,57) como para evento de refeição (0,31 a 0,58). Já as correlações genéticas entre evento de alimentação e evento de refeição para as características estudadas, apenas o  $CMS_d$  e  $TPC_d$  apresentaram correlações altas e significativas ( $0,99 \pm 0,01$  e  $0,85 \pm 0,05$ , respectivamente). Apenas as informações obtidas para consumo de matéria seca por dia e tempo de permanência no cocho por dia para evento de alimentação e evento de refeição refletem resultados semelhantes para as análises dos parâmetros genéticos, enquanto as outras características relacionadas ao comportamento alimentar de bovinos não demonstram os mesmos resultados.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, correlação fenotípica, correlação genética, herdabilidade.



## 4.1 INTRODUÇÃO

Os princípios da pecuária de precisão (autônomo, preciso e contínuo) associados aos avanços tecnológicos de componentes eletrônicos resultaram no surgimento de dispositivos físicos integrados capazes de fornecer suporte para monitorar e gerenciar os sistemas de produção (Neethirajan et al., 2017). Um exemplo destes dispositivos são os cochos eletrônicos, ferramenta utilizada para monitorar o comportamento alimentar individual de bovinos, por meio do registro do tempo de permanência e da quantidade de alimento ingerido a cada visita ao cocho. Os cochos eletrônicos captam e armazenam um grande volume de dados de maneira rápida e precisa que podem ser aplicados em diferentes áreas da pecuária (ex: comportamento social, alimentar e hídrico).

Os registros das características de comportamento alimentar, como evento de alimentação, que considera todas as visitas ao cocho do animal, e evento de refeição, que é um conjunto de eventos de alimentação, desde que esses eventos ocorram em um intervalo inferior a cinco minutos, têm sido usados no melhoramento genético animal como forma de aprimorar o conhecimento sobre ingestão de matéria seca, ganho médio diário e eficiência alimentar em bovinos de corte e assim selecionar os animais de forma mais eficiente (Benfica et al., 2020; Chen et al., 2014; Durunna et al., 2011; Nkrumah et al., 2007). No entanto, diversas empresas, além de comercializar cochos eletrônicos, fornecem, em todo o mundo, serviços de armazenamento e processamento dos dados coletados pelos equipamentos. Porém, o tipo de dado disponibilizado aos usuários varia de fabricante para fabricante, o que pode gerar generalizações de conceitos e dúvidas na hora de usar as informações corretamente e, conseqüentemente, afetar o modo como os resultados serão interpretados (Geary, 2005). Portanto, os objetivos do presente trabalho foram estimar os parâmetros genéticos para evento de alimentação e evento de refeição, que são os dois tipos de informação mais comuns disponibilizados pelos fabricantes, e identificar se as medidas refletem a mesma resposta aos usuários.

## 4.2 MATERIAL E MÉTODOS

Todos os procedimentos de manejo seguiram as diretrizes de bem-estar animal e foram conduzidos de acordo com a Lei Estadual No. 11.977 do Estado de São Paulo,

Brasil. Foram utilizados dados de 858 bovinos machos da raça Nelore, nascidos entre 2012 e 2020, com, aproximadamente, 280 dias de idade, pertencentes ao rebanho do Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, Estado de São Paulo, Brasil, que participaram dos testes de eficiência alimentar entre os anos de 2013 e 2021 (para detalhes acessar: Ceacero et al. (2016)). Em todos os anos de teste os animais foram alojados em dois piquetes coletivos pareados (1.758 m<sup>2</sup> e 1.929 m<sup>2</sup>) com sombra artificial (122 m<sup>2</sup>). Em cada piquete havia um bebedouro coletivo (1.500 L) e cinco cochos eletrônicos GrowSafe System (Vytelle – Kansas city, Missouri, Estados Unidos da América) equipados com barras de proteção vertical e horizontal, que permitia o acesso de apenas um animal por vez. Os animais receberam brinco de identificação eletrônica para reconhecimento de cada indivíduo nos cochos eletrônicos. A dieta foi fornecida duas vezes ao dia (08h e 15h) e os animais tinham acesso *ad libitum* ao alimento, a água e ao sal mineral (para mais informações acessar: BENFICA et al., 2020).

Para as análises foram utilizados dois bancos de dados, um contendo informações do evento de alimentação e outro com informações do evento de refeição. O evento de alimentação pode ser definido como o tempo de permanência de um animal  $\alpha$  dentro de um cocho específico  $\beta$ , com início quando o animal  $\alpha$  é reconhecido pelo cocho  $\beta$  e término quando o animal  $\alpha$  retira completamente a cabeça do cocho  $\beta$ . Enquanto o evento de refeição é o tempo de permanência de um animal  $\alpha$  dentro de um ou mais cochos (e.g.,  $\beta$  e  $\sigma$ ), e tem início quando o animal  $\alpha$  é reconhecido por um cocho  $\beta$  e termina quando o animal  $\alpha$  não é identificado em nenhum outro cocho ( $\beta$  ou  $\sigma$ ) em um intervalo superior a cinco minutos (GROW SAFE, 2014). Isto significa que um evento de refeição pode ser representado por um evento de alimentação em um único cocho, ou um conjunto de eventos de alimentação em cochos diferentes, desde que o intervalo entre o final e o início de um novo evento de alimentação não seja superior a cinco minutos (GROW SAFE, 2014).

Os bancos de dados (eventos de alimentação e de refeição) continham as informações de tempo de permanência no cocho e consumo de alimento (um segundo de atraso na mensuração e precisão de 10 g (GROW SAFE, 2014)). Durante a edição dos dados foram retirados: os registros com status “falha” - situações como o desaparecimento do alimento sem que houvesse o reconhecimento de um animal no cocho, ausência de alimento no cocho, a falta de energia nas instalações e dias de manejo com os animais -, os registros com tempo de permanência no cocho igual a

zero segundos e animais com menos de 54 dias de permanência no teste de eficiência alimentar. Os mesmos animais e dias de registro para cada ano de prova nos dois bancos de dados foram mantidos nos dois bancos de dados, de forma a padronizar as informações. Para evitar possíveis *outliers* nas análises, os animais com registros para as características estudadas fora do intervalo de  $\pm 3,5$  desvios-padrão da média foram removidos.

As seguintes características de consumo e comportamento alimentar foram avaliadas: consumo de matéria seca por dia ( $CMS_d$ ; kg/d) e por visita ( $CMS_v$ ; kg/visita), tempo de permanência no cocho por dia ( $TPC_d$ ; min/dia) e por visita ( $TPC_v$ ; min/visita), frequência de visitas ao cocho por dia ( $FVC$ , vezes/dia) e ganho médio diário ( $GMD$ , kg/dia). A característica  $GMD$  foi incluída nas análises para melhor identificar a relação que há entre as características estudadas e as características de relevância econômica.

Os parâmetros genéticos de consumo e comportamento alimentar foram estimados a partir do modelo linear misto por meio do software AIREML da família BLUPF90 (MISZTAL et al., 2021). O modelo para análise genética pode ser escrito na forma matricial da seguinte maneira:

$$y = X\beta + Za + e$$

Em que:  $y$  é o vetor das características observadas;  $\beta$  é o vetor do efeito fixo (grupo de teste e como covariáveis, o efeito linear da idade do animal no início do teste de eficiência alimentar e os efeitos linear e quadrático da idade da vaca);  $a$  é o vetor do efeito genético aditivo direto;  $X$  e  $Z$  são as matrizes de incidência para cada efeito, respectivamente; e  $e$  é o vetor do efeito residual. Assumiu-se as seguintes pressuposições:  $E(y) = X\beta$ ,  $E(a) = 0$ ,  $E(e) = 0$  e  $Var(a) = A \otimes S_a$  e  $Var(e) = I \otimes S_e$ , em que  $S_a$  é variância genética aditiva,  $S_e$  é a variância residual,  $A$  é a matriz de parentesco (12.228 animais, cinco gerações para trás),  $I$  é a matriz de identidade e  $\otimes$  é o produto de Kronecker entre as matrizes.

#### 4.3 RESULTADOS

As estatísticas descritivas para as características consumo alimentar, comportamento alimentar e ganho médio diário estão apresentadas na TABELA 1.

TABELA 1 – ESTATÍSTICA DESCRITIVA PARA AS CARACTERÍSTICAS DE CONSUMO E COMPORTAMENTO INGESTIVO OBTIDAS POR MEIO DOS BANCOS DE DADOS DE EVENTO DE ALIMENTAÇÃO E EVENTO DE REFEIÇÃO EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE AVALIADOS NO TESTE DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR

Caract.	Evento de alimentação				Evento de refeição			
	Média	DP <sup>7</sup>	Máximo	Mínimo	Média	DP	Máximo	Mínimo
CMS <sub>v</sub> <sup>1</sup> kg/visita	0,14	0,03	0,29	0,03	0,38	0,22	1,32	0,07
CMS <sub>d</sub> <sup>2</sup> kg/dia	7,91	1,75	15,58	2,35	7,91	1,74	14,11	2,35
TPC <sub>v</sub> <sup>3</sup> minutos/visita	01:03	00:30	03:18	00:19	07:51	05:31	28:02	01:12
TPC <sub>d</sub> <sup>4</sup> horas/dia	01:41:04	00:28:43	03:46:32	00:33:11	02:43:38	00:38:47	06:47:19	01:01:53
FVC <sup>5</sup> visitas/dia	91	21	156	33	28	12	87	5
GMD <sup>6</sup> kg/dia	1,10	0,24	1,68	0,20	1,10	0,234	1,678	0,20

<sup>1</sup>CMS<sub>v</sub>: consumo de matéria seca por visita; <sup>2</sup>CMS<sub>d</sub>: consumo de matéria seca por dia; <sup>3</sup>TPC<sub>v</sub>: tempo de permanência no cocho por visita; <sup>4</sup>TPC<sub>d</sub>: tempo de permanência no cocho por dia; <sup>5</sup>FVC: frequência de visitas ao cocho; <sup>6</sup>GMD: ganho médio diário; <sup>7</sup>DP: desvio-padrão.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade estão apresentadas na TABELA 2. É possível notar que todas as características de consumo e comportamento alimentar apresentaram herdabilidades que variaram de moderada a alta tanto para evento de alimentação como para evento de refeição, indicando possibilidade de resposta à seleção direta.

TABELA 2 – ESTIMATIVAS DAS VARIÂNCIAS GENÉTICAS ADITIVAS ( $\sigma^2_a$ ), VARIÂNCIAS RESIDUAIS ( $\sigma^2_e$ ) E HERDABILIDADES ( $h^2$ ) PARA EVENTO DE ALIMENTAÇÃO E EVENTO DE REFEIÇÃO PARA CARACTERÍSTICAS DE CONSUMO E COMPORTAMENTO ALIMENTAR DE BOVINOS DA RAÇA NELORE AVALIADOS NOS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR

Característica	Evento de alimentação			Evento de refeição		
	$\sigma^2_a$ (EP <sup>6</sup> )	$\sigma^2_e$ (EP)	$h^2$ (EP)	$\sigma^2_a$ (EP)	$\sigma^2_e$ (EP)	$h^2$ (EP)
CMS <sub>v</sub> <sup>1</sup> kg/visita	197,01 (49,08)	364,90 (40,85)	0,35 (0,08)	5399,60 (1385,5)	8781,30 (1114,50)	0,38 (0,09)
CMS <sub>d</sub> <sup>2</sup> kg/dia	0,62 (0,12)	0,50 (0,08)	0,55 (0,09)	0,70 (0,13)	0,51 (0,09)	0,58 (0,09)
TPC <sub>v</sub> <sup>3</sup> minutos/visita	298,06 (69,80)	390,94 (54,23)	0,43 (0,09)	6702,60 (1795,9)	11732,00 (1460,3)	0,36 (0,09)
TPC <sub>d</sub> <sup>4</sup> horas/dia	421,09 (80,23)	312,17 (57,34)	0,57 (0,09)	562,33 (105,65)	354,75 (73,97)	0,61 (0,09)
FVC <sup>5</sup> visitas/dia	128,53 (31,00)	169,48 (24,05)	0,43 (0,09)	20,61 (6,16)	44,67 (5,19)	0,31 (0,09)

<sup>1</sup>CMS<sub>v</sub>: consumo de matéria seca por visita; <sup>2</sup>CMS<sub>d</sub>: consumo de matéria seca por dia; <sup>3</sup>TPC<sub>v</sub>: tempo de permanência no cocho por visita; <sup>4</sup>TPC<sub>d</sub>: tempo de permanência no cocho por dia; FVC: frequência de visitas ao cocho; <sup>6</sup>EP: erro padrão.

As estimativas das correlações genéticas entre as características ganho de peso médio diário, consumo e comportamento alimentar para os eventos de alimentação e de refeição estão apresentadas nas TABELA 3. Os valores de correlação genética estimados para os eventos de alimentação e refeição entre as características consumo de matéria seca por visita ( $CMS_v$ ), consumo de matéria seca por dia ( $CMS_d$ ), tempo de permanência no cocho por visita ( $TPC_v$ ) e tempo de permanência no cocho por dia ( $TPC_d$ ) foram positivos e variaram de moderada a alta magnitude. Já para frequência de visitas ao cocho (FVC) a maioria dos valores estimados foram negativos e variaram de baixa a alta magnitude, com exceção da correlação entre FVC e  $CMS_d$  para evento de alimentação que foi positiva e de moderada magnitude. Em relação as correlações entre as características de consumo e comportamento alimentar com o ganho médio diário (GMD) os valores comportaram-se de forma similar tanto para evento de alimentação quanto para evento de refeição, sendo em sua maioria positivas e de moderada a alta magnitude.

Na diagonal da TABELA 3 estão apresentadas as correlações genéticas entre evento de alimentação e evento de refeição para as características estudadas. Entre as cinco características analisadas apenas  $CMS_d$  e  $TPC_d$  apresentaram forte e significativa correlação genética.

TABELA 3 – ESTIMATIVAS DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE GANHO MÉDIO DIÁRIO, CONSUMO E COMPORTAMENTO ALIMENTAR PARA EVENTO DE ALIMENTAÇÃO (ABAIXO DA DIAGONAL) E EVENTO DE REFEIÇÃO (ACIMA DA DIAGONAL) E ENTRE OS EVENTOS DE ALIMENTAÇÃO E REFEIÇÃO (NA DIAGONAL) DE BOVINOS DA RAÇA NELORE AVALIADOS NOS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR

Característica	Evento de refeição						
	$CMS_v$ (EP <sup>7</sup> )	$CMS_d$ (EP)	$TPC_v$ (EP)	$TPC_d$ (EP)	FVC (EP)	GMD (EP)	
Evento de alimentação	$CMS_v$ <sup>1</sup>	<b>0,63</b>	0,76	0,83	0,54	-0,49	0,45
	kg/visita	<b>(0,13)</b>	(0,04)	(0,02)	(0,05)	(0,06)	(0,08)
	$CMS_d$ <sup>2</sup>	0,54	<b>0,99</b>	0,75	0,73	-0,06	0,71
	kg/dia	(0,05)	<b>(0,01)</b>	(0,04)	(0,04)	(0,08)	(0,05)
	$TPC_v$ <sup>3</sup>	0,85	0,44	<b>0,60</b>	0,88	-0,48	0,21
	minutos/visita	(0,02)	(0,06)	<b>(0,14)</b>	(0,02)	(0,06)	(0,08)
	$TPC_d$ <sup>4</sup>	0,58	0,65	0,85	<b>0,85</b>	-0,16	0,29
	horas/dia	(0,05)	(0,04)	(0,02)	<b>(0,05)</b>	(0,08)	(0,06)
	FVC <sup>5</sup>	-0,68	0,23	-0,54	-0,04	<b>0,36</b>	0,05
	visitas/dia	(0,04)	(0,07)	(0,05)	(0,07)	<b>(0,19)</b>	(0,10)
GMD <sup>6</sup>	0,48	0,75	0,32	0,33	-0,10	-	
kg/dia	(0,08)	(0,04)	(0,07)	(0,06)	(0,10)	-	

<sup>1</sup> $CMS_v$ : consumo de matéria seca por visita; <sup>2</sup> $CMS_d$ : consumo de matéria seca por dia; <sup>3</sup> $TPC_v$ : tempo de permanência no cocho por visita; <sup>4</sup> $TPC_d$ : tempo de permanência no cocho por dia; FVC: frequência de visitas ao cocho; <sup>6</sup>EP: erro padrão.

#### 4.4 DISCUSSÃO

O comportamento alimentar consiste em eventos de alimentação separados por intervalos sem alimentação, que podem ser agrupados em refeições (YEATES et al., 2001). Assim, as informações de evento de alimentação e evento de refeição têm a mesma origem, porém são formadas a partir de processamentos de dados distintos.

As estatísticas descritivas indicaram que apenas o consumo de matéria seca por dia apresentou média semelhante (TABELA 1) para evento de alimentação e evento de refeição, pois como a característica expressa o total de matéria seca que o indivíduo ingeriu ao longo do dia, era esperado que as médias fossem semelhantes independentemente da informação utilizada. No entanto, os valores obtidos para consumo de matéria seca por visita ( $CMS_v$ ), tempo de permanência no cocho por visita ( $TPC_v$ ) e por dia ( $TPC_d$ ) e frequência de visitas ao cocho (FVC) não foram semelhantes. O principal motivo da diferença entre os valores encontrados para essas características está relacionado ao fato de que o evento de refeição considera um conjunto de eventos de alimentação, desde que o intervalo entre os eventos de alimentação não seja maior do que cinco minutos, de modo que o  $TPC_v$  e  $TPC_d$  serão mais altos para dados de evento de refeição. Para FVC ocorre o oposto, em que os valores para frequência de visitas serão maiores para evento de alimentação, pois são contabilizados todas as vezes que o animal visitou o cocho, enquanto para evento de refeição os valores representam o número de refeições que o animal fez durante o dia. Conseqüentemente, o  $CMS_v$  será afetado uma vez que os valores são obtidos a partir da razão do consumo de matéria seca por dia pela frequência de visitas ao cocho ( $CMS_d/FVC$ ), de modo que o consumo por visita ao cocho para evento de alimentação é menor que para evento de refeição.

As estimativas de herdabilidade (TABELA 2) variaram de moderada a alta magnitude, ou seja, as características de consumo e comportamento alimentar respondem à seleção direta, independentemente da forma como foram analisadas (evento de alimentação ou evento de refeição). Assim, quando os valores obtidos são interpretados a partir das magnitudes e do sentido biológico observa-se que na maioria dos casos os resultados tenderam a seguir no mesmo sentido tanto para evento de alimentação como para evento de refeição.

Para as correlações genéticas entre as características (TABELA 3), em geral, não houve diferenças de magnitude e/ou sinal, pois, mesmo havendo diferenças na composição dos bancos de dados, todas as características referem-se ao comportamento alimentar. Apenas as correlações genéticas entre frequência de visita ao cocho e consumo de matéria seca por dia apresentaram sentido e magnitude diferentes. Quando observados os valores das correlações genéticas entre as mesmas características oriundas do evento de alimentação e evento de refeição (diagonal da TABELA 3), os resultados foram de alta magnitude para consumo de matéria seca por dia ( $CMS_d$ ) e tempo de permanência no cocho por dia ( $TPC_d$ ), ou seja, a seleção para uma característica causará resposta correlacionada de magnitude semelhante na outra, sugerindo que as características não devem ser usadas simultaneamente em análises genéticas, a fim de evitar redundâncias.

Para as demais características ( $CMS_v$ ,  $TPC_d$  e FVC) as correlações foram mais baixas devido ao fato de que ao utilizar-se o evento de refeição, as visitas ao cocho sem consumo são suprimidas e englobadas dentro de uma refeição, sendo um evento de refeição um conjunto de eventos de alimentação (TOLKAMP; KYRIAZAKIS, 1999a). Além disso, também existe uma diferença quando leva-se em consideração a frequência de visitas ao cocho, pois cada evento de alimentação refere-se a uma visita ao cocho. Já o evento de refeição está relacionado ao número de refeições que o animal fez ao longo do dia, ou seja, é formado por uma ou mais visitas ao cocho, de modo que o termo mais adequado para valores de frequência baseados em evento de refeição seria frequência de refeições por dia ao invés de frequência de visitas ao cocho por dia. De modo geral, ambas as formas de registro de comportamento alimentar (evento de alimentação e evento de refeição) são válidas e podem ser amplamente utilizadas no meio científico (ex: evento de alimentação (PARSONS et al., 2020; ROBINSON; ODDY, 2004); e evento de refeição (TOLKAMP; KYRIAZAKIS, 1999b)). Assim, o evento de alimentação fornece dados mais específicos para pesquisas que desejam avaliar número de visitas ao cocho por dia, consumo de matéria seca por visita e comportamento social (FORIS et al., 2019; HUZZEY et al., 2014; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019), pois registra informações por cocho, e o evento de refeição oferece informações mais abrangentes, que são mais adequadas para estudo que desejam avaliar resultados médios diários.

#### 4.5 CONCLUSÃO

Apenas as informações obtidas para consumo de matéria seca por dia e tempo de permanência no cocho por dia para evento de alimentação e evento de refeição refletem resultados semelhantes para as análises dos parâmetros genéticos, enquanto as outras características relacionadas ao comportamento alimentar de bovinos não demonstram os mesmos resultados. Assim, as definições de cada banco devem ser observadas, para que sejam feitas as corretas interpretações das variáveis, a fim de evitar equívocos no momento da discussão dos resultados.

#### AGRADECIMENTOS

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Brasil) pela bolsa de estudos. À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, bolsa nº 2017/10630-2 e bolsa nº 2017/50339-5) pelo suporte financeiro para realizar os experimentos no Instituto de Zootecnia. Finalmente, os autores agradecem à equipe do Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, Estado de São Paulo, Brasil, pela concessão do banco de dados.

#### CONFLITO DE INTERESSES

Os autores declaram não haver conflito de interesses.



## REFERÊNCIAS

FORIS, B. et al. Automatic detection of feeding- and drinking-related agonistic behavior and dominance in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 10, p. 9176–9186, 1 out. 2019.

GROW SAFE. **GrowSafe Feed Intake and Behavior Monitoring System Specification and Technical Reference Document ©2014**, 2014.

HUZZEY, J. M. et al. Stocking density and feed barrier design affect the feeding and social behavior of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n. 1, p. 126–133, 1 jan. 2006.

MCDONALD, P. V.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Technical note: Using an electronic drinker to monitor competition in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 4, p. 3495–3500, 2019.

MISZTAL, I. et al. **Manual BLUPF90 family of programs**, 2021. Disponível em: <[http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90\\_all2.pdf](http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf)>. Acesso em: 13 fev. 2021

PARSONS, I. L. et al. Characterization of feeding behavior traits in steers with divergent residual feed intake consuming a high-concentrate diet. **Journal of Animal Science**, v. 98, n. 7, 1 jul. 2020.

ROBINSON, D. L.; ODDY, V. H. Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 90, n. 2–3, p. 255–270, 2004.

TOLKAMP, B. J.; KYRIAZAKIS, I. To split behaviour into bouts, log-transform the intervals. **Animal Behaviour**, v. 57, n. 4, p. 807–817, 1999a.

TOLKAMP, B. J.; KYRIAZAKIS, I. A comparison of five methods that estimate meal criteria for cattle. **Animal Science**, v. 69, n. 3, p. 501–514, 1999b.

YEATES, M. P. et al. The use of Mixed Distribution Models to Determine Bout Criteria for Analysis of Animal Behaviour. **Journal of Theoretical Biology**, v. 213, n. 3, p. 413–425, 7 dez. 2001.

## **5 SOCIALH: AN R PACKAGE FOR DETERMINING THE SOCIAL HIERARCHY OF CATTLE USING DATA FROM INDIVIDUAL ELECTRONIC BINS**

Júlia de Paula Soares Valente<sup>1,2\*</sup>, Matheus Deniz<sup>2</sup>, Karolini Tenffen de Sousa<sup>2</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>3</sup>, Laila Talarico Dias<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, Paraná, Brazil.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFPR, Curitiba, Paraná, Brazil.

<sup>3</sup>Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Sertãozinho, São Paulo, Brazil.

Correspondent author

E-mail: [juliadepaulasoaresvalente@gmail.com](mailto:juliadepaulasoaresvalente@gmail.com);

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8589-6747>

Submitted to PlosOne

## Abstract

Cattle have a complex social organization, with negative (agonistic) and positive (affiliative) interactions that affect access to environmental resources. So, social behavior has a major impact on animal production, and it is an important factor to improve the welfare of farm animals. The use of data from electronic systems to determine social competition has already been validated; however, the studies used non-free software or did not make the code available. With the data from electronic systems is possible to identify when one animal takes the place of another animal at the feeders or drinkers. However, there is no package for the R environment to detect replacements from the electronic systems. Our general approach consisted of created a user-friendly R package for social behavior analysis. The workflow of the socialh package comprises several steps that can be used sequentially or separately, allowing data input from electronic systems, or obtained from the animals' observation. We provide an overview of all functions of the socialh package and demonstrate how this package can be applied using data from electronic feed bins of beef cattle. The socialh package provides support for researchers to determine the social hierarchy of gregarious animals through the synthesis of agonistic interactions (or replacement) in a friendly, versatile, and open-access system, thus contributing to scientific research.

**Keywords:** aggressive behaviour, precision livestock farming, replacement, social competition, welfare

## 5.1 INTRODUCTION

The automation of production systems has allowed the simultaneous monitoring of various animals' parameters. For example, sensors have been shown to be useful for monitoring the cows' location (RIABOFF et al., 2020), activities (e.g., walking (HERBUT; ANGRECKA, 2018; TIPPENHAUER et al., 2021); lying down (SMID et al., 2019a; TULLO; FINZI; GUARINO, 2019)), and feeding and drinking behavior (time and duration (MATTACHINI et al., 2019; TSAI et al., 2020)). Furthermore, electronic feeders and drinkers are also useful for detecting social competition (FORIS et al., 2019a; HUZZEY et al., 2014b; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019b) since most disputes occur during feed time (BICA et al., 2019a; DE SOUSA et al., 2021b) and at drinkers on hot days (MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2020a). With the data from electronic bins is possible to define a competition; once an animal (the actor) takes the place of the previous animal (reactor) at the bin (HUZZEY et al., 2014b; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019b).

Previous studies have applied algorithms for the autonomous detection of replacements using data from individual electronic bins (FORIS et al., 2019a; HUZZEY et al., 2014b; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019b, 2020a). However, there are no studies that assessed the general applicability of a replacement detection algorithm developed in open-access systems (e.g., R software) to assess social relationships, such as dominance of farm animals. Thus, our general approach was to develop and to make available a user-friendly R package, named `socialh`, that can be used to detect replacements using data from individual electronic bins to determine the social hierarchy based on the competition between each pair of animals in the herd (KONDO; HURNIK, 1990a). The aim of this study was to describe the `socialh` package version 0.1.0. Our package is intended for users who wish to implement more flexible social behaviour analysis since the R environment allows the integration of several functions from different packages. In addition, we provide an overview of `socialh` and demonstrate its features and applicability using a real-world example.

## 5.2 OVERVIEW OF SOCIALH

Our approach is to create a user-friendly R package to analyze social behavior. First, we developed a function to identify replacements using data from electronic

feeder or drinker systems. Second, we integrated this function to determine the social rank and hierarchy. The advantage of R is that it is an open-access software and that it offers several resources for data analyses. The socialh package was developed for the R environment (R CORE TEAM, 2021) and is available from the Comprehensive R Archive Network (CRAN) at <https://cran.r-project.org/web/packages/socialh/index.html>. The workflow of the socialh package comprises several steps (FIGURE 1) that can be used sequentially or separately. The functions of the socialh package are listed in TABLE 4.

FIGURE 1 - R PACKAGE FLOW CHART FOR SOCIAL BEHAVIOUR ANALYSIS. \*FORMAT OF DATASHEET: DATE - DD/MM/YYYY; TIME - HOUR:MINUTES:SECONDS.

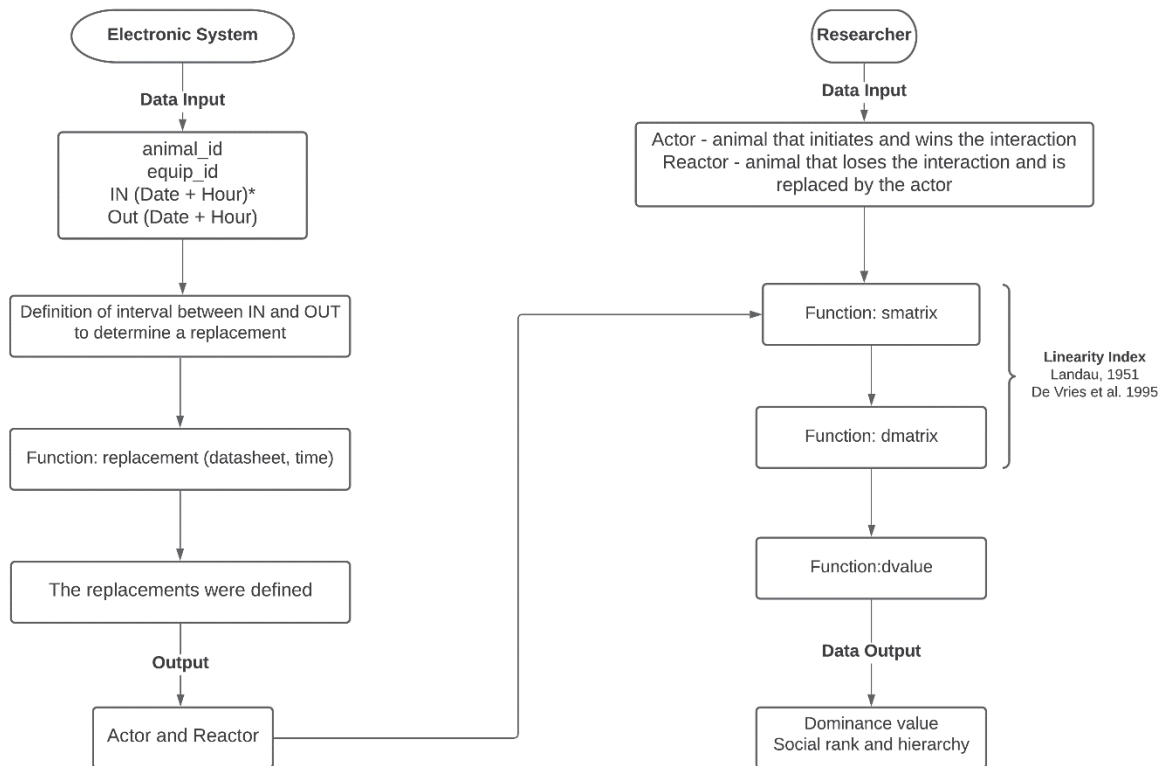


TABLE 4 – FUNCTIONS AND DESCRIPTIONS OF THE SOCIALH R PACKAGE

Function	Description
replacement	Identifies replacements between the actor and reactor from electronic bin data.
smatrix	Builds a square matrix containing the frequency of dominance-related behaviours
dmatrix	Determines the $S_{ij}$ dyadic dominance relationship from a sociomatrix.
dvalue	Determines the dominance value, social rank and hierarchy from the $S_{ij}$ dyadic relationship matrix.
landau_index	Calculates the linearity index developed by Landau (1951).
improved_index	Calculates the linearity index improved by de Vries (1995).

### 5.3 DATA PREPARATION AND IMPORT

We would like to highlight that the data preparation depends on the database and the objective of each research; we therefore did not include these functions in the package. For the analysis of social behaviour data from individual electronic bins the database must contain the equipment identification (column name: `equip_id`), animal identification (column name: `animal_id`), date and time (dd/mm/yyyy and hour:minutes:seconds) when the animal entered at the feeder (column name: `IN`), and date and time (dd/mm/yyyy and hour:minutes:seconds) when the animal left the feeder (column name: `OUT`). On the other hand, when social behaviour is analysed using data collected by video or in person, the database must contain two parameters (columns): actor and reactor.

For the present article, we used a dataset obtained from a weight gain test to illustrate the functions of the `socialh` package. The data were provided by the Beef Cattle Research Center, Institute of Animal Science, Sertãozinho, São Paulo State, Brazil. All management procedures followed animal welfare guidelines and were conducted in accordance with State Law No. 11 977 of the State of São Paulo, Brazil.

The database of the weight gain test conducted in 2019 included 74 Nelore males with a mean age ( $\pm$  SD) of  $292 \pm 26$  days and a mean weight of  $255.9 \pm 44.5$  kg. The group was housed for 85 days in a paddock (3 138 m<sup>2</sup>) without shade that contained 12 electronic feed bins (Intergado<sup>®</sup>, Contagem, Minas Gerais, Brazil). The Total Mixed Ration (TMR) was offered twice a day (800 and 1500 hours) and consisted of corn silage, brachiaria hay, soybean meal, ground corn, and mineral salt + urea, with 67% total digestible nutrients and 13% crude protein at a forage:concentrate ratio of 65:35. The total mixed ration (TMR) was formulated for an average daily gain of 1.1 kg/day. All animals (n=74) had *ad libitum* access to TMR and water and were fitted with an ear tag transponder that allowed the electronic feeding system to record the date and time when each animal entered and left the feeder. The database obtained from the electronic feeder consisted of 311864 lines of feeding events. A feeding event occurs when the ear tag transponder of an animal is read by a single feeder without an absence of other reading of the same ear tag transponder of more than 300 seconds (5 min.). A feeding event will be interrupted when a different ear tag transponder (another animal) is recognized by the system.

## 5.4 SPECIFICATIONS AND IMPLEMENTATION OF THE FUNCTIONS

### 5.4.1 Replacement identification

The interactions between two animals to establish their mutual dominance-subordination status include a series of actions. These actions can be described as agonistic interactions when observed between two animals that bunt, push, fight, threaten, and avoid each other (BICA et al., 2019a, 2020; COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012a; DE SOUSA et al., 2021b; DENIZ et al., 2021c; KONDO; HURNIK, 1990a; PINHEIRO MACHADO et al., 2020). Other authors describe these actions as displacements (VAL-LAILLET et al., 2008a) or aggressive displacements (DEVRIES; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2004) when a visible physical contact (head butt, push with shoulder or any direct contact) from one cow (initiator or actor) results in the complete withdrawal of the other animal's (receiver or reactor) head from beneath the feed rail so that the receiver leaves the feeder. Recently, the use of electronic feeding systems has led to a new definition of interactions since the use of these devices does not require observation of the animals. Thus, Huzzey et al. (2014b), defining social competition using automatic feeding systems, described replacements when one cow displaces a feeding cow and then takes her position at the feeder. This definition was used in other studies that assessed social competition using electronic systems (FORIS et al., 2019a; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019b, 2020a). What all definitions have in common is that they require the researcher to determine for each agonistic dyadic interaction the animal that starts and wins (actor or winner) and the animal that avoids or loses the interaction (reactor or loser).

In our package, we used the definition of replacement proposed by Huzzey et al. (2014b). A replacement was identified when the algorithm detected a specific interval between two different animals that sequentially visited the same bin (feed or water), i.e., the animal that occupied the feeder (reactor) was completely withdrawn by the following animal that occupied the same feeder (actor). The definition of the optimal interval to identify replacements depends on the species and animal category. For example, for lactating Holstein cows, previous studies used data from feeders and water bins to determine different intervals for the identification of a replacement. Huzzey et al. (2014b) highlighted that, for feed bins, a shorter interval ( $\leq 26$  s) between successive feeding events of two cows at one feed bin was associated with competitive

replacement. On the other hand, for water bins, McDonald et al. (MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019b) found the optimal interval for the identification of replacements to be  $\leq 29$  s. Combining electronic feed and water bin data, Foris et al. (2019a) found that a 20- to 30-s interval was optimal to identify replacements.

After pre-processing of the electronic bins data and determination of the optimal interval to identify a replacement, the user can apply the replacement() function specifying the following parameters: data - the database can be used in wide format, and sec - optimal interval in seconds, i.e., [replacement(database, sec.)]. This function orders the dataset according to the columns equip\_id and IN, in order to identify a replacement (FIGURE 2). For each feeding event, the time when the bin was not occupied immediately following the event was identified, i.e., each interval is then coded associating a replacement (OK) or not (0). The output data frame of the replacement() function is printed in two columns: actor and reactor. In our database, the replacement function using the interval of 14s found 134557 replacements.

FIGURE 2 – A SAMPLE OF THE INPUT DATABASE WITH DATA FROM THE ELECTRONIC FEEDING SYSTEM OF NELLORE CATTLE USED IN THE REPLACEMENT() FUNCTION

equip_id	animal_id	IN	OUT
3	048	07/25/2019 17:22:03	07/25/2019 17:22:06
1	083	06/18/2019 06:47:54	06/18/2019 06:49:30
1	083	06/18/2019 06:51:04	06/18/2019 06:51:42
1	083	06/18/2019 07:32:19	06/18/2019 07:34:45
2	083	06/18/2019 07:37:31	06/18/2019 07:39:19
2	083	06/18/2019 09:01:44	06/18/2019 09:02:06
2	083	06/18/2019 09:03:22	06/18/2019 09:04:06
1	083	06/18/2019 09:05:07	06/18/2019 09:06:07
2	083	06/18/2019 09:08:55	06/18/2019 09:09:29

```
#First, install and load the socialh R package
> install.packages("socialh")
> library(socialh)
#Load the database
> example.data <- read.csv("behavior_data.csv")
```



```

# Apply the replacement(x, sec) function to create a data table
with actor and reactor and save as an object to use later.
> replace <- replacement (example.data, 14)
> head(replace)
  actor reactor
    421     332
    323     421
    332     323
    323     332
    381     323
    549     381

```

#### 5.4.2 Matrix determinations: sociometric and dyadic

The output data frame of replacement (actor and reactor) permits to determine the dominance value for each animal. There are several R packages and software that can be used to infer the animals' dominance value, but these softwares employ different methodologies. For example, the R package named “aniDom” uses the original and the randomized Elo-rating method (FARINE; SÁNCHEZ-TÓJAR, 2017), the R package “Elorating” calculates David's scores (NEUMANN; KULIK, 2014), the R package “compete” runs the I&SI method (CURLEY, 2016), and the R package “steepness” also calculates David's scores and normalized David's scores (LEIVA; VRIES., 2014). For the socialh package, we chose to use the method proposed by Kondo and Hurnik (1990a). This index considers all agonistic interactions between each pair of animals and the individual “social performance” in relation to other herd members. Other authors also preferred this index for similar reasons (BICA et al., 2019a, 2020; COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012a; DE SOUSA et al., 2021b; DENIZ et al., 2021c; PINHEIRO MACHADO et al., 2020). To our knowledge, socialh is the first R package that adopted the method proposed by Kondo and Hurnik (1990a).

To obtain the dominance value based on Kondo and Hurnik (1990a), we developed three functions: smatrix(), dmatrix() and dvalue(). The functions, which are described below, can be used sequentially or combined with functions from other packages that also determine the dominance value of an animal. We also highlight that

the user can apply these three functions to analyse data obtained through the replacement() function or input data from direct (in-person) or indirect (video) observations.

The user can apply the smatrix() function after application of the replacement function or input a new dataset in wide format with two columns: actor and reactor. The smatrix function builds a square matrix that contains the frequency of dominance-related behaviours (replacements). The dmatrix() function transforms the smatrix into a dyadic dominance relationship as proposed by Kondo and Hurnik (1990a). Therefore, the dyadic dominance relationship of the  $i^{\text{th}}$  animal relative to the  $j^{\text{th}}$  animal ( $S_{ij}$ ) is assessed qualitatively by the sign of the difference between  $X_{ij}$  and  $X_{ji}$ , which always results in a value of -1, 0 or +1 (Equation 1). The values distinguish four relationships: domination (value +1), subordinations (value -1), tied (i.e., equal numbers of wins for both members of a dyad), and unknown (no data) relationship (both values 0).

$$S_{ij} = \frac{X_{ij} - X_{ji}}{|X_{ij} - X_{ji}|} \quad (1)$$

The output data frame of smatrix is a square matrix with the actors in the column and reactors in the row (FIGURE 3a) and the output of dmatrix is a square matrix containing the dyadic dominance relationship (FIGURE 3b).

FIGURE 3 – EXAMPLE OF THE OUTPUT DATA FRAME OF THE (A) SMATRIX() FUNCTION AND (B) DMATRIX() FUNCTION

a)		Actor					b)		Actor				
		A	B	C	D	E			A	B	C	D	E
Reactor	A	0	0	1	0	2	Reactor	A	0	-1	+1	0	-1
	B	2	0	0	2	0		B	+1	0	-1	0	0
	C	0	3	0	2	0		C	-1	+1	0	+1	-1
	D	2	2	1	0	3		D	+1	0	-1	0	-1
	E	5	0	1	4	0		E	+1	0	+1	+1	0

```
#Use the smatrix() function to create sociomatrix by a replacement
data table and save as an object to use later.
```

```
> social <- smatrix (replace)
```

```
> head(social)
```

	actor					
reactor	251	252	255	259	261	263
251	0	32	62	17	37	23
252	43	0	10	19	8	14
255	56	12	0	7	26	16
259	15	5	10	0	3	10
261	34	9	37	6	0	15
263	26	16	16	11	8	0

#Apply the dmatrix() function to transform the sociomatrix in a dyadic dominance relationship matrix and save as an object to use later.

```
> dyadic <- dmatrix (social)
```

```
> head(dyadic)
```

	actor					
reactor	251	252	255	259	261	263
251	0	-1	1	1	1	-1
252	1	0	-1	1	-1	-1
255	-1	1	0	-1	-1	0
259	-1	-1	1	0	-1	-1
261	-1	1	1	1	0	1
263	1	1	0	1	-1	0

The dvalue() function sums the dyadic dominance relationship by column (actor) as proposed by Kondo and Hurnik (1990a). Therefore, the dyadic relationship of the  $i^{\text{th}}$  animal relative to the  $j^{\text{th}}$  animal ( $S_{ij}$ ) is assessed qualitatively according to Equation (2).

$$S_i = \sum_{j=i}^n S_{ij} \quad (2)$$

where  $S_i$  is the sum of all relationships involving animal  $i$ , and  $n$  is the number of possible interactions of one animal in the group with the other animals.

The social rank (high and low) and hierarchy (dominant, intermediate and subordinate) are assigned according to dominance value. The choice of dividing the

group according to social rank (2 categories) or hierarchy (3 categories) depends on the study objectives. Both social rank and hierarchy are estimated by the distance between the highest (+ X) and the lowest (- Y) dominance value, plus 1 (corresponds to dominance value zero), which determines the number of points in the range (Equation 3; see (COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012a)).

$$SH = \frac{|\text{Distance between highest (+ X) and lowest (- Y) dominance value}| + 1}{2 \text{ or } 3} \quad (3)$$

For social rank, animals with dominance values in the first half, i.e., those with the lowest values including negative ones, are classified as low rank, and animals with dominance values in the second half are classified as high rank. For social hierarchy, animals with dominance values in the first tertile, i.e., those with the lowest values including negative ones, are classified as subordinate. Animals with dominance values in the second tertile are classified as intermediate, and animals with dominance values in the third tertile with higher positive values are classified as dominant. The output data frame of the `dvalue()` function is printed in four columns: `dominance_value`, `animal_id`, `social_hierarchy` and `social_rank`.

```
#Employ the dvalue() function to determine dominance value, social rank
and social hierarchy by a dyadic matrix.
```

```
> dominance <- dvalue (dyadic)
```

```
> head(dominance)
```

	dominance_value	animal_id	social_hierarchy	social_rank
1:	-46	494	subordinate	lower
2:	-37	490	subordinate	lower
3:	-36	482	subordinate	lower
4:	-30	477	subordinate	lower
5:	-28	265	subordinate	lower
6:	-27	529	subordinate	lower

```
> tail(dominance)
```

	dominance_value	animal_id	social_hierarchy	social_rank
1:	23	285	dominant	high
2:	26	381	dominant	high

3:	27	332	dominant	high
4:	29	308	dominant	high
5:	30	267	dominant	high
6:	35	321	dominant	high

### 5.4.3 Linearity index

First, we developed the `landau_index()` function to determine the linearity index ( $h$ ; Equation 4) of the group as proposed by Landau (1951). To apply the `landau_index()` function, the user must specify a dyadic matrix obtained with the `dmatrix` function, i.e., [`landau_index (dmatrix)`].

$$h = \left( \frac{12}{n^3 - n} \right) \sum_{i=1}^n \left[ V_i - \left( \frac{n-1}{2} \right) \right]^2, \quad (4)$$

where  $h$  is the linearity index;  $n$  is the number of animals in the group;  $V_i$  is the number of animals that a given animal dominated.

```
#Apply the landau_index() function to determine the linearity index by
a dyadic matrix.
> landau <- landau_index (dyadic)
> print(landau)
[1] 0.1743385
```

Second, we developed the `improved_index()` function. This function applies the improved linearity test ( $h'$ ; Equation 5) due to unknown relationships, as described by de Vries (DE VRIES, 1995). To apply the `improved_index` function, the user must specify a dyadic matrix obtained with the `dmatrix` function and the sociomatrix obtained with the `smatrix` function, i.e., [`improved_index (dmatrix, smatrix)`]. Both indexes range from 0 to 1, with 0 being a non-linear and 1 a perfectly linear hierarchy. The linearity index indicates the unknown relationships in the group. The presence of unknown relationships decreases the calculated linearity of a hierarchy (SÁNCHEZ-TÓJAR; SCHROEDER; FARINE, 2018) and can affect the statistical significance of the linearity index (KLASS; CORDS, 2011; SCHMID; DE VRIES, 2013).

$$h' = h + \frac{6}{n^3 - n} * u \quad (5)$$

where  $h'$  is the linearity index;  $h$  is the Landau linearity index;  $n$  is the number of individuals, and  $u$  is the number of unknown relationships.

```
#Apply the improved_index() function to determine the improved
linearity index by a dyadic matrix and a sociomatrix.
> improved_index <- landau_index (dyadic, social)
> print(improved_index)
[1] 0.1754908
```

## 5.5 FINAL CONSIDERATIONS

The `socialh` package provides support for researchers to determine the social hierarchy of gregarious animals through the synthesis of agonistic interactions (or replacements) in a friendly, versatile, and open-access system, thus contributing to scientific research. The fact that the `socialh` package uses the method proposed by Kondo and Hurnik (1990a) does not mean that researchers cannot adopt other methods or integrate the results obtained with `socialh` in other social packages. In addition, as demonstrated by our example, `socialh` facilitates the analysis of large databases.

## ACKNOWLEDGEMENTS

The São Paulo Research Foundation (FAPESP, grant #2017/10630-2 and grant #2017/50339-5). The staffs of Beef Cattle Research Center, Institute of Animal Science, Sertãozinho, São Paulo State, Brazil for the data grant. JPSV, MD, and KTS acknowledge CAPES (Coordination for the Improvement of High Education Personnel) for the scholarship. Finally, we also thank the professor Luiz Carlos Pinheiro Machado Filho, PhD for all the shared knowledge that motivated us to work with social behaviour.

## CONFLICT OF INTEREST

The authors declare no conflicting of interest.

## REFERENCES

- BICA, G. S. et al. Social hierarchy and feed supplementation of heifers: Line or piles? **Applied Animal Behaviour Science**, v. 220, 2019.
- BICA, G. S. et al. Time of grain supplementation and social dominance modify feeding behaviour of heifers in rotational grazing systems. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 7, 2020.
- COIMBRA, P. A. D.; MACHADO FILHO, L. C. P.; HÖTZEL, M. J. Effects of social dominance, water trough location and shade availability on drinking behaviour of cows on pasture. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 139, n. 3–4, p. 175–182, 2012.
- CURLEY, J. P. **Compete: Analyzing social hierarchies**. Retrieved from <https://cran.r-project.org/web/packages/compete/index.html>, 2016.
- DE SOUSA, K. T. et al. Degree of affinity among dairy heifers affects access to feed supplementation. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 234, n. January, p. 1–7, 2021.
- DE VRIES, H. An improved test of linearity in dominance hierarchies containing unknown or tied relationships. **Animal Behaviour**, v. 50, n. 5, p. 1375–1389, 1995.
- DENIZ, M. et al. Age and body mass are more important than horns to determine the social position of dairy cows. **Journal of Ethology**, v. 39, n. January 2021, p. 19–27, 2021.
- DEVRIES, T. J.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Effect of Feeding Space on the Inter-Cow Distance, Aggression, and Feeding Behavior of Free-Stall Housed Lactating Dairy Cows. **Journal of Dairy Science**, v. 87, n. 5, p. 1432–1438, 2004.
- FARINE, D. R.; SÁNCHEZ-TÓJAR, A. **aniDom: Inferring dominance hierarchies and estimating uncertainty**. Retrieved from <https://cran.r-project.org/package=aniDom>, 2017.
- FORIS, B. et al. Automatic detection of feeding and drinking related agonistic behavior and dominance in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, 2019.
- HERBUT, P.; ANGRECKA, S. Relationship between THI level and dairy cows' behaviour during summer period. **Italian Journal of Animal Science**, v. 17, n. 1, p. 226–233, 2018.
- HUZZEY, J. M. et al. Short communication: Automatic detection of social competition using an electronic feeding system. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 5, p. 2953–2958, 2014.
- KLASS, K.; CORDS, M. Effect of unknown relationships on linearity, steepness and rank ordering of dominance hierarchies: Simulation studies based on data from wild monkeys. **Behavioural Processes**, v. 88, n. 3, p. 168–176, 2011.



KONDO, S.; HURNIK, J. F. Stabilization of social hierarchy in dairy cows. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 27, n. 4, p. 287–297, 1990.

LANDAU, H. G. On dominance relations and the structure of animal societies: I. Effect of inherent characteristics. **Bulletin of Mathematical Biophysics**, v. 13, n. 1922, p. 1–19, 1951.

LEIVA, D.; VRIES., H. DE. **steepness: Testing steepness of dominance hierarchies. R package version 0.2–2.** <https://CRAN.R-project.org/package=steepness>, 2014.

MATTACHINI, G. et al. Effects of feeding frequency on the lying behavior of dairy cows in a loose housing with automatic feeding and milking system. **Animals**, v. 9, n. 4, 2019.

MCDONALD, P. V.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Technical note: Using an electronic drinker to monitor competition in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 4, p. 3495–3500, 2019.

MCDONALD, P. V.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Hot weather increases competition between dairy cows at the drinker. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 4, p. 3447–3458, 2020.

NEUMANN, C.; KULIK, L. **EloRating: Animal dominance hierarchies by elo rating.** Retrieved from <https://cran.r-project.org/web/packages/EloRating/index.html>, 2014.

PINHEIRO MACHADO, T. M. et al. Licking and agonistic interactions in grazing dairy cows as indicators of preferential companies. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 227, p. 1–6, 2020.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing.** R Foundation for Statistical Computing Viena, Austria, 2021.

RIABOFF, L. et al. Use of predicted behavior from accelerometer data combined with GPS data to explore the relationship between dairy cow behavior and pasture characteristics. **Sensors (Switzerland)**, v. 20, n. 17, p. 1–33, 2020.

SÁNCHEZ-TÓJAR, A.; SCHROEDER, J.; FARINE, D. R. A practical guide for inferring reliable dominance hierarchies and estimating their uncertainty. **Journal of Animal Ecology**, v. 87, n. 3, p. 594–608, 2018.

SCHMID, V. S.; DE VRIES, H. Finding a dominance order most consistent with a linear hierarchy: An improved algorithm for the I&SI method. **Animal Behaviour**, v. 86, n. 5, p. 1097–1105, 2013.

SMID, A. M. C. et al. Dairy cow preference for access to an outdoor pack in summer and winter. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 2, p. 1551–1558, 2019.

TIPPENHAUER, C. M. et al. Factors associated with estrous expression and subsequent fertility in lactating dairy cows using automated activity monitoring. **Journal of Dairy Science**, v. 104, n. 5, p. 6267–6282, 2021.

TSAI, Y. C. et al. Assessment of dairy cow heat stress by monitoring drinking behaviour using an embedded imaging system. **Biosystems Engineering**, v. 199, n. 1, p. 97–108, 2020.

TULLO, E.; FINZI, A.; GUARINO, M. Review: Environmental impact of livestock farming and Precision Livestock Farming as a mitigation strategy. **Science of the Total Environment**, v. 650, p. 2751–2760, 2019.

VAL-LAILLET, D. et al. The concept of social dominance and the social distribution of feeding-related displacements between cows. *Applied Animal Behaviour Science*, v. 111, n. 1–2, p. 158–172, 2008.

## **6 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A ORGANIZAÇÃO SOCIAL ASSOCIADAS AS CARACTERÍSTICAS DE COMPORTAMENTO ALIMENTAR, CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL E CRESCIMENTO DE BOVINOS NELORE**

Júlia de Paula Soares Valente<sup>1,2\*</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>3</sup>, Sara Figueiredo Martins Bonilha<sup>3</sup>, Laila Talarico Dias<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>3</sup>Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, 13380-011, Sertãozinho, Brasil.

\*Autor correspondente: Júlia de Paula Soares Valente;

e-mail: [juliadepaulasoaresvalente@gmail.com](mailto:juliadepaulasoaresvalente@gmail.com);

ORCID: 0000-0001-8589-6747

## RESUMO

O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para características de organização social associados as características de comportamento alimentar, consumo alimentar residual e crescimento de bovinos Nelore obtidas a partir de dados de cochos eletrônicos. Os dados de organização social foram obtidos de bovinos machos da raça Nelore (970 animais com registros) avaliados em testes de eficiência alimentar. A hierarquia social foi analisada a partir de duas características: valor de dominância (contínuo) e hierarquia social (três categorias). O método utilizado para determinar a organização social foi baseado nas substituições ocorridas nos cochos eletrônicos a partir de informações de evento de alimentação. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o modelo animal sem (BLUP) e com (ssGBLUP) informações genômicas em análises uni e bicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade foram de  $0,23 \pm 0,07$  (BLUP) e  $0,19 \pm 0,06$  (ssGBLUP) para valor de dominância e  $0,25 \pm 0,08$  (BLUP) e  $0,19 \pm 0,07$  (ssGBLUP) para hierarquia social. As correlações genéticas ( $r_g$ ) entre organização social e consumo de matéria seca por visita e tempo de permanência no cocho por visita foram negativas (variando de -0,29 a -0,41). Em geral, a  $r_g$  entre a organização social e as características de crescimento foram próximas a nulidade, sugerindo que a seleção para o crescimento não afeta a hierarquia social. A presença de efeitos genéticos na expressão das características de organização social de bovinos Nelore foi evidente neste estudo. A organização social está geneticamente associada às características de comportamento alimentar e ao consumo alimentar residual; entretanto, não está geneticamente associada com as características de crescimento.

**Palavras-chave:** bovinocultura de corte, comportamento social correlação genética, herdabilidade, hierarquia social, valor de dominância.

## 6.1 INTRODUÇÃO

Os bovinos são animais gregários e sua organização social se dá por meio das relações de dominância estabelecidas entre os indivíduos do mesmo grupo (PHILLIPS; RIND, 2002). As relações de dominância ajudam a manter uma estrutura social estável, diminuindo o número de conflitos desnecessários entre os indivíduos (BOUISSOU et al., 2001; BOYLAND et al., 2016), além de regular o acesso aos recursos essenciais como alimento (BICA et al., 2019; DE SOUSA et al., 2021), água (COIMBRA; MACHADO FILHO; HÖTZEL, 2012) e sombra (DENIZ et al., 2021). Estudar a organização social dos bovinos de corte é de fundamental importância para compreender como as características de interesse produtivo são afetadas por esse fator; além de auxiliar no estabelecimento de manejos mais eficazes nas fazendas e favorecer o bem-estar dos animais (RAULT, 2012).

As características relacionadas a organização social são complexas, o que as tornam difíceis de serem traduzidas em fenótipos; uma vez que são manifestadas exclusivamente durante as interações sociais, exigindo que pelo menos dois indivíduos estejam presentes para que a característica seja expressa (MOORE, 1997). Além disso, o monitoramento do comportamento social utilizando observação direta (DE SOUSA et al., 2021; DENIZ et al., 2021) ou indireta (FORIS et al., 2019) pode ser demorado e estar sujeito a erros e vies do observador (BOUISSOU et al., 2001).

O conhecimento das características de organização social sob o ponto de vista da genética, além de auxiliar na compreensão dos mecanismos envolvidos nas interações sociais, possibilitará tratar esse assunto sob novas perspectivas (BIJMA, 2020). Todavia, são poucos os relatos encontrados na literatura que abordem parâmetros e avaliações genéticas relacionados a organização social (ELLEN et al., 2014), devido, principalmente, a escassez de fenótipos. Entender como a dominância social influencia a expressão das características de importância produtiva como o consumo, comportamento, eficiência alimentar e crescimento de bovinos de corte possibilitará uma nova perspectiva de como os animais poderão ser selecionados nos programas de melhoramento genético no futuro.

Com o avanço da tecnologia, estudos demonstraram a viabilidade em determinar as relações de dominância nos grupos de bovinos a partir de dados coletados por sistemas de cochos eletrônicos (FORIS et al., 2019; HUZZEY et al., 2014; MCDONALD; VON KEYSERLINGK; WEARY, 2019). Tal metodologia viabilizou a

transformação de características de organização social em fenótipos com maior praticidade. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para características de organização social (valor de dominância e hierarquia social) associadas as características de consumo e comportamento alimentar, consumo alimentar residual e crescimento de bovinos Nelore obtidas a partir de dados de cochos eletrônicos.

## 6.2 MATERIAL E MÉTODOS

Todos os procedimentos de manejo seguiram as diretrizes de bem-estar animal e foram conduzidos de acordo com a Lei Estadual de São Paulo nº 11.977.

### 6.2.1 Animais

Foram utilizados dados de 970 bovinos machos da raça Nelore, nascidos entre 2012 e 2020, com  $282 \pm 39$  dias de idade (no início do teste) que participaram do teste de eficiência alimentar (TEA) no Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, São Paulo, Brasil. entre os anos de 2013 e 2021 no IZ.

### 6.2.2 Instalações

Os testes de eficiência alimentar (TEAs) tiveram duração de  $84 \pm 12$  dias, aproximadamente. Os diferentes grupos de animais foram alojados em um dos três piquetes coletivos disponíveis no IZ (TABELA 5): Piquete 1 ( $1.844 \text{ m}^2$ ): com um bebedouro coletivo (redondo, de cimento, com capacidade para 1.500 L) e cinco cochos eletrônicos GrowSafe System (Vytelle – Kansas city, Missouri, Estados Unidos da América); Piquete 2 ( $3.687 \text{ m}^2$ ): com um bebedouro coletivo (redondo, de cimento, com capacidade para 1.500 L) e 10 cochos eletrônicos GrowSafe System; e Piquete 3 ( $3.020 \text{ m}^2$ ): com quatro bebedouros eletrônicos individuais Intergado® (Contagem, Minas Gerais, Brazil) e 12 cochos eletrônicos Intergado®. Os cochos eletrônicos, independentemente do fabricante, tinham barreiras físicas nas laterais que possibilitavam o acesso de apenas um animal por vez. Os animais receberam brinco de identificação eletrônica para reconhecimento individual nos cochos eletrônicos. A

dieta era fornecida duas vezes ao dia (08:00 h e 15:00 h) e os animais tinham acesso *ad libitum* ao alimento, água e sal mineral (para detalhes acesse: Benfica et al. (2020)).

TABELA 5 – DESCRIÇÃO DOS GRUPOS DE ANIMAIS, QUE PARTICIPARAM DOS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR ENTRE OS ANOS DE 2013 E 2021 NO INSTITUTO DE ZOOTECNIA

Ano	Grupo	Piquete	N <sup>1</sup>	II <sup>2</sup> (dias)	IF <sup>3</sup> (dias)	PI <sup>4</sup> (kg)	PF <sup>5</sup> (kg)	DET <sup>6</sup> (dias)	Nº de cochos
2013	1	1	61	279	362	249,1	350,1	83	5
2013	2	1	63	288	371	259,7	364,7	83	5
2014	3	2	58	290	388	295,1	383,5	74	10
2015	4	2	59	275	374	255,2	365,2	98	10
2015	5	3	68	284	382	246,5	355,9	98	12
2016	6	2	71	268	380	243,0	362,7	112	10
2017	7	2	71	273	337	270,5	340,9	60	10
2017	8	3	74	292	376	255,9	357,3	84	12
2018	9	2	56	256	333	247,5	321,6	78	10
2018	10	2	72	350	433	273,0	341,9	84	10
2019	11	1	29	247	330	223,6	317,0	84	5
2019	12	1	27	252	335	225,6	318,2	84	5
2019	13	1	29	332	415	298,0	375,1	84	5
2019	14	1	23	320	404	271,1	349,2	84	5
2020	15	1	38	238	321	217,2	304,9	83	5
2020	16	1	35	234	317	216,9	298,4	83	5
2020	17	1	35	313	382	312,6	398,7	70	5
2020	18	1	33	308	377	294,1	380,9	70	5
2021	19	1	31	248	338	234,7	338,2	90	5
2021	20	1	27	245	335	235,2	334,8	90	5

<sup>1</sup>N = número de animais, <sup>2</sup>II = idade no início do teste; <sup>3</sup>IF = idade no fim do teste; <sup>4</sup>PI = peso no início do teste; <sup>5</sup>PF = peso no fim do teste; <sup>6</sup>DET = dias em teste.

### 6.2.3 Determinação da organização social

O método utilizado para determinar a organização social de cada grupo que participou dos TEAs foi baseado nas substituições ocorridas nos cochos eletrônicos a partir de informações de evento de alimentação (FORIS et al., 2019). Como a quantidade de cochos disponíveis era menor que o número de animais alocados em cada piquete, havia competição por alimento entre os animais e, conseqüentemente, maior número de substituições (HUZZEY et al., 2006). Para detectar uma substituição no cocho eletrônico, utilizou-se o intervalo de até 10 segundos entre a saída de um animal e a entrada de outro no mesmo cocho, uma vez que intervalos maiores podem aumentar a probabilidade de resultados falsos positivos (FORIS et al., 2019).

Para cada grupo foram selecionados dois dias intercalados por semana até o final do TEA (e.g.: semana 1: segunda e quarta; semana 2: terça e quinta; semana 3: quarta e sexta; etc), para minimizar o número de inconsistências (DE VRIES, 1998). Em média foram utilizados 22 dias do TEA para cada grupo e as semanas sem informações devido a falhas técnicas nos cochos eletrônicos foram descartadas. Além disso, somente foram usados os dados coletados durante os períodos após o fornecimento da alimentação: três horas no período da manhã (07:00:00 até 09:59:59) e três horas no período da tarde (14:00:00 até 16:59:59). Tais intervalos de tempo foram escolhidos, pois estudos anteriores evidenciaram que o período de maior ocorrência de deslocamentos e substituições entre os animais acontece nos momentos seguintes ao fornecimento do alimento fresco (DEVRIES; VON KEYSERLINGK, 2005; VAL-LAILLET et al., 2008).

Para determinar a organização social, os dados foram analisados com base nos cálculos propostos por Kondo e Hurnik (1990), por meio do pacote “socialh” (VALENTE; DENIZ; DE SOUSA, 2021) disponível para o software R. O valor de dominância (VD) (contínuo) foi calculado com base no total de vezes que um animal substituiu ou foi substituído em relação a todos os membros do grupo em que foi avaliado (KONDO; HURNIK, 1990). Os valores de hierarquia social (HS) (subordinado (1), intermediário (2) e dominante (3)) foram obtidos a partir do valor de dominância, baseado na metodologia descrita por Coimbra et al. (2012). Após a definição da organização social foram retirados do banco de dados animais com informações de organização social duplicadas (ex.: animal que pula a cerca para acessar o outro piquete).

#### 6.2.4 Dados de comportamento alimentar, eficiência alimentar e crescimento

Para a estimação dos parâmetros genéticos foram utilizados todos os dados disponíveis no arquivo histórico. Para estimar as correlações genéticas foram utilizadas as seguintes características: consumo de matéria seca por dia ( $CMS_d$ ; kg/dia) e por visita ao cocho ( $CMS_v$ ; kg/visita), tempo de permanência no cocho por dia ( $TPC_d$ ; min/dia) e por visita ao cocho ( $TPC_v$ ; min/visita), frequência de visitas ao cocho por dia (FVC, visitas/dia), peso no início do TEA (PI, kg), peso médio no TEA (PM, kg), peso no fim do TEA (PF, kg), peso à seleção (PSEL, kg), ganho médio diário (GMD, kg/dia) e consumo alimentar residual (CAR, kg/dia).



O CMS foi obtido pela média entre o total de matéria seca consumida durante o TEA e o número de dias que permaneceu no TEA ( $CMS_d$ ) ou o número total de visitas ao cocho ( $CMS_v$ ). O TPC foi calculado a partir da média entre o tempo total que o animal permaneceu no cocho durante o TEA e o número de dias em que permaneceu no TEA ( $TPC_d$ ) ou o total de visitas ao cocho ( $TPC_v$ ). E a FVC é o resultado da média entre o total de visitas ao cocho durante o TEA e o número de dias em que o animal permaneceu no TEA. O ganho médio diário (GMD) foi estimado como o coeficiente de regressão linear dos pesos em função dos dias em TEA (DET):  $y_i = \alpha + \beta * DET_i + e_i$ , em que:  $y_i$  = peso do animal na  $i$ ésima observação;  $\alpha$  = intercepto (peso inicial);  $\beta$  = coeficiente de regressão linear (GMD);  $DET_i$  = dias em teste na  $i$ ésima observação e  $e_i$  = erro aleatório associado a cada observação.

O CAR foi estimado como o resíduo da equação de regressão linear do CMS sobre o GMD e o peso vivo metabólico médio ( $PV^{0,75}$ ), segundo a seguinte equação:  $CMS = \beta_1 GMD + \beta_2 PV^{0,75} + e$ , em que:  $\beta_1$  = coeficiente de regressão parcial sobre GMD;  $\beta_2$  = regressão parcial sobre  $PV^{0,75}$  e  $e$  = CAR. O peso vivo metabólico médio ( $PV^{0,75}$ ) foi calculado como  $PV^{0,75} = [\alpha + \beta * (DET/2)]^{0,75}$ , em que DET é o total de dias em teste. E o peso a seleção (PSEL) foi padronizado para P378 (machos) e P550 (fêmeas) (para detalhes ver Ceacero et al., (2016)).

### 6.2.5 Genotipagem e controle de qualidade

Todos os animais foram genotipados com o Illumina BovineHD BeadChip (770k, Illumina Inc., San Diego, CA, EUA) ou com o GeneSeek Genomic Pro/ler HDi 75K (GeneSeek Inc., Lincoln, NE, EUA). Os genótipos com o painel de menor densidade (75k) foram imputados ao painel de alta definição (HD) usando o software FImpute v.3 (SARGOLZAEI; CHESNAIS; SCHENKEL, 2014). Um conjunto de dados imputado contendo, aproximadamente, 6.862 animais com genótipos HD foi utilizado para as análises. O controle de qualidade dos dados genômicos foi realizado, mantendo apenas polimorfismos autossômicos de nucleotídeo único (SNPs) com frequência alélica menor (MAF) > 0,02, P-valor para equilíbrio de Hardy-Weinberg > 10<sup>-5</sup>, *call-rate* > 92% para SNPs e *call-rate* > 85% para as amostras.

### 6.2.6 Análises

O modelo utilizado para análise genética e genômica pode ser escrito na forma matricial da seguinte maneira:

$$y = X\beta + Za \text{ (ou } Zu) + e$$

em que:

$y$  é o vetor das características observadas;

$\beta$  é o vetor do efeito fixo [grupo de teste e grupo de contemporâneos para peso a seleção (ano de nascimento, linha de seleção e instalação) e como covariáveis: o efeito linear da idade do animal no início do TEA e os efeitos linear e quadrático da idade da vaca];

$a$  é o vetor do efeito genético aditivo direto;  $u$  é o vetor do efeito genético aditivo direto com informações genômicas;

$X$  e  $Z$  são as matrizes de incidência para cada efeito, respectivamente, e  $e$  é o vetor do efeito residual.

Assumiu-se as seguintes pressuposições:  $E(y) = X\beta$ ,  $E(a) = 0$ ,  $E(e) = 0$  e  $\text{Var}(a) = A \otimes S_a$  ou  $\text{Var}(u) = H \otimes S_h$  e  $\text{Var}(e) = I \otimes S_e$ , em que  $S_a$  é a variância genética aditiva,  $S_h$  é a variância genética aditiva (A) combinada com a matriz genômica (G),  $S_e$  é a variância residual,  $A$  é a matriz de parentesco (12.228 animais, cinco gerações para trás),  $H$  é a matriz de relação genética aditiva baseada em dados de genótipo,  $I$  é a matriz de identidade e  $\otimes$  é o produto direto entre as matrizes.

Para a análise ssGBLUP, em comparação ao BLUP, o inverso do numerador da matriz de relacionamento  $A^{-1}$  foi substituído pela matriz  $H^{-1}$ , que pode ser calculada da seguinte forma (AGUILAR et al., 2010):

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix},$$

em que,  $A^{-1}$  é a inversa da matriz de relacionamento baseada no pedigree;  $G^{-1}$  é a inversa da matriz de relacionamento genômica; e  $A_{22}^{-1}$  é a inversa da matriz de relacionamento baseada no pedigree para os animais genotipados.

As estimativas de herdabilidade para valor de dominância (VD) e hierarquia social (HS) foram obtidas por análises unicaracterísticas e as estimativas das correlações genéticas foram obtidas por análises bicaracterísticas. Os componentes de co(variância) das características foram estimados pelo método *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) e para as características com informações de genótipos

utilizou-se o *single-step GBLUP* (ssGBLUP). Os parâmetros genéticos foram estimados por inferência frequentista para a característica contínua (VD), por meio do software AIREML (MISZTAL et al., 2021), e a característica categórica (HS) foi estimada por inferência Bayesiana por amostragem de Gibbs, a partir dos softwares THRGIBBS e POSTGIBBS (MISZTAL et al., 2021). Para a HS analisada pelo BLUP, foram definidas cadeias amostrais com 1.500.000 ciclos, sendo que, os primeiros 150.000 ciclos foram descartados (*burn-in*) e utilizou-se amostras a cada 100 iterações. Assim, as médias e os desvios-padrão para efeitos fixos e aleatórios, bem como os componentes de (co)variância foram calculados a partir de 13.500 amostras. Para VD analisada pelo ssGBLUP, foram definidas cadeias amostrais com 500.000 ciclos, sendo que, os primeiros 50.000 ciclos foram descartados (*burn-in*) e utilizou-se amostras a cada 20 iterações. As médias e os desvios-padrão para os efeitos fixos e aleatórios, bem como os componentes de (co)variância foram calculados a partir de 22.500 amostras. A convergência da amostragem de Gibbs foi verificada por meio do diagnóstico de Geweke (1991) utilizando o pacote BOA (SMITH, 2016) disponível para o software R e apenas as amostras da HS (BLUP) convergiram.

### 6.3 RESULTADOS

As estatísticas descritivas para as características de organização social, consumo alimentar, comportamento alimentar, consumo alimentar residual e crescimento utilizadas no presente estudo estão apresentadas na TABELA 6.

TABELA 6 – VALORES MÉDIOS E DESVIOS-PADRÃO (DP) DAS CARACTERÍSTICAS: ORGANIZAÇÃO SOCIAL (VD E HS), COMPORTAMENTO ALIMENTAR (CMS, TPC, FVC), CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL (CAR) E CRESCIMENTO (PI, PM, PF, PSEL, GMD) AVALIADAS EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE DURANTE OS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR

Características	N <sup>14</sup>	GC <sup>15</sup>	Média ± DP
VD <sup>1</sup>	970	14	-0,06 ± 9,98
HS <sup>2</sup>	970	14	1,99 ± 0,68
CMS <sub>v</sub> <sup>3</sup> (kg/visita)	1003	14	0,11 ± 0,04
CMS <sub>d</sub> <sup>4</sup> (kg/dia)	1003	14	7,68 ± 1,75
TPC <sub>v</sub> <sup>5</sup> (minutos/visita)	1003	14	01:17 ± 00:37
TPC <sub>d</sub> <sup>6</sup> (horas/dia)	1003	14	01:43:09 ± 00:28:47
FVC <sup>7</sup> (vezes/dia)	1003	14	88 ± 24
CAR <sup>8</sup> (kg/dia)	1781	33	0,00 ± 0,62
PI <sup>9</sup> (kg)	1781	33	245 ± 49

PM <sup>10</sup> (kg)	1781	33	290 ± 53
PF <sup>11</sup> (kg)	1781	33	332 ± 59
PSEL <sup>12</sup> (kg)	9936	242	303 ± 53
GMD <sup>13</sup> (kg)	1781	33	1,04 ± 0,25

<sup>1</sup>VD: valor de dominância; <sup>2</sup>HS: hierarquia social; <sup>3</sup>CMS<sub>v</sub>: consumo de matéria seca por visita; <sup>4</sup>CMS<sub>d</sub>: consumo de matéria seca por dia; <sup>5</sup>TPC<sub>v</sub>: tempo de permanência no cocho por visita; <sup>6</sup>TPC<sub>d</sub>: tempo de permanência no cocho por dia; <sup>7</sup>FVC: frequência de visitas ao cocho; <sup>8</sup>CAR: conversão alimentar residual; <sup>9</sup>PI: peso no início do teste; <sup>10</sup>PM: peso médio no teste; <sup>11</sup>PF: peso no final do teste; <sup>12</sup>PSEL: peso à seleção (P378 e P550); <sup>13</sup>GMD: ganho médio diário; <sup>14</sup>N: número de animais; <sup>15</sup>GC: grupos de contemporâneos.

Os componentes de variância e os coeficientes de herdabilidade para as características de organização social estão apresentados na TABELA 7. Pode-se observar que as estimativas de herdabilidade para as características valor de dominância e hierarquia social, independentemente do método utilizado, foram moderadas, sendo que, as estimativas de herdabilidade genômica apresentaram valores menores, conforme o esperado.

TABELA 7 – ESTIMATIVAS DAS VARIÂNCIAS GENÉTICAS ADITIVAS ( $\sigma^2_a$ ), VARIÂNCIAS RESIDUAIS ( $\sigma^2_e$ ) E HERDABILIDADES ( $H^2$ ) NO SENTIDO ESTRITO (BLUP) E COM INFORMAÇÃO GENÔMICA (SSGBLUP) PARA AS CARACTERÍSTICAS VALOR DE DOMINÂNCIA (VD) E HIERARQUIA SOCIAL (HS) EM BOVINOS DA RAÇA NELORE DURANTE OS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR

Características	Método	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_e$	$h^2$
VD (EP <sup>1</sup> )	BLUP	23,08 (7,59)	78,60 (6,97)	0,23 (0,07)
	ssGBLUP	19,13 (6,20)	82,15 (6,12)	0,19 (0,06)
HS (DP <sup>2</sup> )	BLUP	0,11 (0,04)	0,34 (0,04)	0,25 (0,08)
	ssGBLUP	0,09 (0,04)	0,36 (0,04)	0,19 (0,07)

<sup>1</sup>EP: erro padrão; <sup>2</sup>DV: desvio-padrão

As correlações genéticas e fenotípicas estão apresentadas na (TABELA 8). As correlações genéticas entre as características de organização social e as características de consumo, comportamento alimentar e consumo alimentar residual (CAR) foram negativas e variaram de baixa a alta, exceto para frequência de visitas ao cocho (FVC), em que as estimativas foram positivas e de moderada magnitude. As correlações entre as características de organização social e de crescimento foram de baixa magnitude. Enquanto as estimativas de correlação fenotípica entre as características de organização social, consumo, comportamento alimentar, CAR e crescimento foram de baixa magnitude. É possível observar que os erros e desvios-padrão para as estimativas foram elevados principalmente para os pesos e ganho médio diário.

TABELA 8 – CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE ORGANIZAÇÃO SOCIAL (VD E HS), COMPORTAMENTO ALIMENTAR (CMS<sub>v</sub>, CMS<sub>d</sub>, TPC<sub>v</sub>, TPC<sub>d</sub>, FVC), CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL (CAR) E CRESCIMENTO (PI, PM, PF, PSEL, GMD) OBTIDAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE DURANTE OS TESTES DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR

Características	Correlação					
	Genética		Genômica		Fenotípica	
	VD <sup>12</sup> (EP <sup>14</sup> )	HS <sup>13</sup> (DP <sup>15</sup> )	VD (DP)	HS (EP)	VD (DP)	HS (EP)
CMS <sub>v</sub> <sup>1</sup>	-0,37 (0,17)	-0,29 (0,17)	-0,41 (0,16)	-0,19 (0,28)	-0,10 (0,03)	-0,07 (0,04)
CMS <sub>d</sub> <sup>2</sup>	-0,05 (0,18)	-0,02 (0,17)	-0,10 (0,17)	0,41 (0,29)	-0,17 (0,03)	-0,14 (0,04)
TPC <sub>v</sub> <sup>3</sup>	-0,47 (0,16)	-0,46 (0,15)	-0,48 (0,15)	-0,06 (0,28)	-0,17 (0,03)	-0,17 (0,04)
TPC <sub>d</sub> <sup>4</sup>	-0,21 (0,17)	-0,31 (0,16)	-0,25 (0,15)	-0,07 (0,28)	-0,21 (0,03)	-0,23 (0,04)
FVC <sup>5</sup>	0,34 (0,18)	0,22 (0,19)	0,44 (0,16)	-0,03 (0,28)	0,11 (0,04)	0,07 (0,04)
CAR <sup>6</sup>	-0,11 (0,26)	-0,18 (0,22)	-0,09 (0,22)	0,16 (0,32)	-0,17 (0,03)	-0,17 (0,03)
PI <sup>7</sup>	0,09 (0,16)	0,21 (0,21)	0,01 (0,15)	-0,23 (0,19)	0,02 (0,03)	0,07 (0,04)
PM <sup>8</sup>	0,07 (0,15)	0,17 (0,18)	-0,001 (0,15)	-0,13 (0,18)	0,02 (0,04)	0,06 (0,04)
PF <sup>9</sup>	0,06 (0,15)	0,14 (0,16)	-0,01 (0,14)	-0,07 (0,17)	0,02 (0,04)	0,05 (0,04)
PSEL <sup>10</sup>	-0,08 (0,14)	-0,02 (0,12)	-0,11 (0,14)	0,03 (0,08)	-0,01 (0,03)	0,01 (0,03)
GMD <sup>11</sup>	-0,03 (0,17)	-0,02 (0,18)	-0,07 (0,16)	0,30 (0,16)	-0,01 (0,04)	-0,02 (0,03)

<sup>1</sup>CMS<sub>v</sub>: consumo de matéria seca por visita; <sup>2</sup>CMS<sub>d</sub>: consumo de matéria seca por dia; <sup>3</sup>TPC<sub>v</sub>: tempo de permanência no cocho por visita; <sup>4</sup>TPC<sub>d</sub>: tempo de permanência no cocho por dia; <sup>5</sup>FVC: frequência de visitas ao cocho; <sup>6</sup>CAR: conversão alimentar residual; <sup>7</sup>PI: peso no início do teste; <sup>8</sup>PM: peso médio no teste; <sup>9</sup>PF: peso no final do teste; <sup>10</sup>PSEL: peso à seleção (P378 e P550); <sup>11</sup>GMD: ganho médio diário; <sup>12</sup>VD: valor de dominância; <sup>13</sup>HS: hierarquia social; <sup>14</sup>DP: desvio-padrão; <sup>15</sup>EP: erro padrão.

## 6.4 DISCUSSÃO

As características sociais de bovinos Nelore influenciaram a expressão do comportamento alimentar, principalmente das características: frequência de visitas ao cocho, tempo de permanência no cocho e consumo de matéria seca; além de estarem associadas ao consumo alimentar residual. Esses resultados indicam que, os animais adaptam seu comportamento e atividade alimentar como resposta ao contexto social e disponibilidade de recursos a que são submetidos (HASKELL et al., 2019).

Os valores estimados para os coeficientes de herdabilidade sugerem que há componente genético nas características de organização social e que elas respondem à seleção direta, ou seja, os resultados encontrados indicam que apesar do efeito

ambiental ter grande influência sobre as características de organização social, o efeito genético existe e deve ser considerado na avaliação dos animais. Porém, o objetivo de estudar o valor de dominância não foi o de utilizar essa característica como critério de seleção para obter animais mais ou menos dominantes, mas buscar entender como essa característica interfere na expressão das características de interesse produtivo, como por exemplo, pesos obtidos em diferentes idades, ganho de peso, eficiência alimentar, composição de carcaça e reprodução. Estudos prévios estimaram os coeficientes de herdabilidade para o valor de dominância de vacas leiteiras e relataram valores de 0,40 para bezerras (BEILHARZ; BUTCHER; FREEMAN, 1966) e 0,15 para vacas (DICKSON et al., 1970), estes resultados diferem dos encontrados no presente estudo. Dentre os fatores que podem ter contribuído para isso estão a raça e a atividade econômica, pois as práticas de manejo de bovinos leiteiros são diferentes dos manejos realizados na bovinocultura de corte (BOUISSOU et al., 2001). Além disso, os lotes de bovinos de corte que tendem a ser mais estáveis devido ao menor número de reagrupamentos quando comparados as fazendas leiteiras (SMID et al., 2019b; WALKER et al., 2015). Para bovinos de corte, apenas um estudo na literatura relatou valor de herdabilidade para dominância social de 0,12 (SARTORI; MANTOVANI, 2012). No entanto, os autores estimaram a herdabilidade a partir de dados coletados em festivais de torneios de lutas realizados na Itália, em que pares de vacas duelam perante o público, e a vaca vencedora é considerada dominante, e a vaca que perdeu o confronto é considerada subordinada. As informações obtidas em torneios ou campeonatos realizados com o objetivo de instigar embates entre os animais tendem a ser diferentes dos dados coletados em grupos de animais de produção, pois as circunstâncias proporcionadas pelo ambiente de luta podem ser mais estressantes do que no ambiente de criação, uma vez que os animais não têm a opção de fuga (KONDO; HURNIK, 1990b).

As estimativas de correlação genética entre as características de valor de dominância e hierarquia social com consumo e comportamento alimentar, exceto consumo de matéria seca por dia, indicaram que as características podem ser influenciadas pelos mesmos grupos de genes. Vale ressaltar que, quando consideradas as correlações entre as características de organização social e consumo de matéria seca por dia, a ordem social que o animal ocupa dentro do grupo parece não afetar o consumo diário de alimento. Para a característica consumo alimentar residual (CAR), as associações genéticas com as características de organização

social indicaram que a seleção para CAR pode estar relacionada com a posição social do indivíduo dentro do grupo em que foi avaliado, ou seja, a seleção de animais mais eficientes pode resultar em animais mais dominantes. Em relação as características de crescimento, a seleção para peso e ganho médio diário parece não ter efeito sobre a organização social dos animais. Os altos valores de desvios e erros-padrão estimados neste estudo podem estar associados ao número reduzido de animais com informações fenotípicas (BIJMA; BASTIAANSEN, 2014; KLEIN; DEFRIES; FINKBEINER, 1973). De modo que, pesquisas com maior número de dados sobre características de organização social são necessárias para que se tenha melhor compreensão sobre a influência da genética para características relacionadas a organização social em bovinos de corte.

As correlações fenotípicas entre as características de organização social e comportamento alimentar foram de baixa magnitude, sugerindo que animais com alta posição social acessam o comedouro com maior frequência ao longo do dia; porém o tempo de permanência no cocho e o consumo de matéria seca por visita e por dia são menores quando comparado aos animais com baixa posição social. Em estudo realizado com bovinos taurinos, Llonch et al. (2018) relataram que o comportamento alimentar dos animais foi influenciado pela sua posição social, no qual os indivíduos dominantes realizaram curtas visitas ao cocho, porém com maior frequência.

As correlações fenotípicas entre as características de organização social e consumo alimentar residual (CAR) indicaram que os animais dominantes tendem a ser mais eficientes do que os animais subordinados. Estudos anteriores identificaram que animais com baixo CAR apresentam maior frequência de visitas ao cocho, menor consumo de alimento e gastam menos tempo no cocho por evento de alimentação, em relação a animais com alto CAR (BENFICA et al., 2020; NKRUHAH et al., 2007), desta forma acredita-se que os animais mais eficientes nesses estudos também foram os animais dominantes. Além disso, há relatos na literatura que apontam que em situação de pastejo, quando são ofertados suplementos alimentares, os animais dominantes e intermediários têm preferência de acesso ao suplemento e gastam mais tempo consumindo esse tipo de alimento em relação aos animais subordinados (BICA et al., 2019b).

Quando confinados, os animais mais dominantes gastam mais tempo no cocho após a entrega do alimento fresco (DEVRIES; VON KEYSERLINGK, 2005; VAL-LAILLET et al., 2008b). Assim, pode-se inferir independente da condição de

alojamento (pastejo ou confinamento), os bovinos dominantes têm acesso privilegiado ao alimento de alta qualidade, de modo que tal vantagem pode estar relacionada a melhor eficiência dos animais dominantes em relação aos subordinados. As associações observadas entre as características de organização social com comportamento e eficiência alimentar sugerem que a posição social do animal pode estar relacionada a motivação em se alimentar, juntamente com fatores como espaço no cocho por animal, tamanho e temperamento dos animais (NKRUMAH et al., 2007).

Para as correlações fenotípicas entre as características de organização social e de crescimento mostraram que os pesos e o ganho médio diário não estão relacionados/associados as características que refletem a organização social dos grupos analisados. No entanto, de acordo Bouissou et al. (2001), a existência de correlação entre peso e dominância não prova, necessariamente, a influência do peso sobre a organização social do grupo, pois o peso pode ser uma consequência da posição social do animal. No mesmo trabalho, os autores relataram que outros elementos, que não foram avaliados como: morfologia, temperamento e questões hormonais podem ter influenciado a organização social dos animais. Assim, sugere-se que novas pesquisas sejam realizadas com bovinos de corte para entender melhor quais efeitos influenciam ou são influenciados pelas características de organização social.

## 6.5 CONCLUSÃO

A presença de efeitos genéticos na expressão das características de organização social de bovinos Nelore foi evidente neste estudo. A organização social está geneticamente associada às características de comportamento alimentar e consumo alimentar residual; entretanto, não apresentou correlação com as características de crescimento dos animais.

O uso das informações coletadas pelos sistemas de cochos eletrônicos para a análise genética de características sociais é viável. A obtenção de dados mais robustos é necessária para melhor estimar a associação genética entre as características de organização social e as características de interesse produtivo, para que tais informações possam ser incluídas nos programas de seleção genética de bovinos de corte.



## AGRADECIMENTOS

JPSV agradece à CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Brasil) pela bolsa de estudos. À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, bolsa nº 2017/10630-2 e bolsa nº 2017/50339-5) pelo suporte financeiro para realizar os experimentos no Instituto de Zootecnia. À equipe do Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, Estado de São Paulo, Brasil, pela concessão dos dados.

## CONFLITO DE INTERESSES

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

## REFERÊNCIAS

- AGUILAR, I. et al. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 743–752, 2010.
- BEILHARZ, R. G.; BUTCHER, D. F.; FREEMAN, A. E. Social Dominance and Milk Production in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 49, n. 7, p. 887–892, 1966.
- BENFICA, L. F. et al. Genetic association among feeding behavior, feed efficiency, and growth traits in growing indicine cattle. **Journal of Animal Science**, v. 98, n. 11, 1 nov. 2020.
- BICA, G. S. et al. Social hierarchy and feed supplementation of heifers: Line or piles? **Applied Animal Behaviour Science**, v. 220, 1 nov. 2019.
- BIJMA, P. Social genetic effects in livestock: Current status and future avenues of research. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 137, n. 3, p. 261–262, 1 maio 2020.
- BIJMA, P.; BASTIAANSEN, J. W. M. Standard error of the genetic correlation: How much data do we need to estimate a purebred-crossbred genetic correlation? **Genetics Selection Evolution**, v. 46, n. 1, 19 nov. 2014.
- BOUISSOU, M.-F. et al. The Social Behaviour of Cattle . In: KEELING, L. J.; GONYOY, H. W. (Eds.). **Social Behaviour in Farm Animals**. New York: CABI Publishing, 2001. p. 113–145.
- BOYLAND, N. K. et al. The social network structure of a dynamic group of dairy cows: From individual to group level patterns. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 174, p. 1–10, 1 jan. 2016.
- CEACERO, T. M. et al. Phenotypic and genetic correlations of feed efficiency traits with growth and carcass traits in nellore cattle selected for postweaning weight. **PLoS ONE**, v. 11, n. 8, p. e0161366, 1 ago. 2016.
- COIMBRA, P. A. D.; MACHADO FILHO, L. C. P.; HÖTZEL, M. J. Effects of social dominance, water trough location and shade availability on drinking behaviour of cows on pasture. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 139, n. 3–4, p. 175–182, jul. 2012.
- DE SOUSA, K. T. et al. Degree of affinity among dairy heifers affects access to feed supplementation. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 234, n. July 2019, 2021.
- DE VRIES, H. Finding a dominance order most consistent with a linear hierarchy: A new procedure and review. **Animal Behaviour**, v. 55, n. 4, p. 827–843, 1998.
- DENIZ, M. et al. Social hierarchy influences dairy cows' use of shade in a silvopastoral system under intensive rotational grazing. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 244, n. July, p. 105467, 2021a.

DENIZ, M. et al. Age and body mass are more important than horns to determine the social position of dairy cows. **Journal of Ethology**, v. 39, n. 1, p. 19–27, 1 jan. 2021b.

DEVRIES, T. J.; VON KEYSERLINGK, M. A. G. Time of feed delivery affects the feeding and lying patterns of dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 88, n. 2, p. 625–631, 2005.

DICKSON, D. P. et al. Social Dominance and Temperament of Holstein Cows. **Journal of Dairy Science**, v. 53, n. 7, p. 904–907, 1970.

ELLEN, E. D. et al. The prospects of selection for social genetic effects to improve welfare and productivity in livestock. **Frontiers in Genetics**. Frontiers Media S.A., , 2014.

FORIS, B. et al. Automatic detection of feeding- and drinking-related agonistic behavior and dominance in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 10, p. 9176–9186, 1 out. 2019.

GEWEKW, J. Evaluating the accuracy of sampling -based approaches to the calculation of posterior moments. **Research Department Staff Report**, 1991.

HASKELL, M. J. et al. Relationships between feeding behaviour, activity, dominance and feed efficiency in finishing beef steers. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 210, n. October 2018, p. 9–15, 2019.

HASKELL, M. J.; SIMM, G.; TURNER, S. P. Genetic selection for temperament traits in dairy and beef cattle. **Frontiers in Genetics**. Frontiers Research Foundation, 2014.

HUZZEY, J. M. et al. Stocking density and feed barrier design affect the feeding and social behavior of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n. 1, p. 126–133, 1 jan. 2006.

HUZZEY, J. M. et al. Short communication: Automatic detection of social competition using an electronic feeding system. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 5, p. 2953–2958, 2014.

KLEIN, T. W.; DEFRIES, J. C.; FINKBEINER, C. T. Heritability and Genetic Correlation,: Standard Errors of Estimates and Sample Size. **Behavior Genetics**. [s.l: s.n.].

KONDO, S.; HURNIK, J. F. Stabilization of social hierarchy in dairy cows. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 27, n. 4, p. 287–297, 1 out. 1990.

LLONCH, P. et al. Temperament and dominance relate to feeding behaviour and activity in beef cattle: Implications for performance and methane emissions. **Animal**, v. 12, n. 12, p. 2639–2648, 2018.

MCDONALD, P. V.; VON KEYSERLINGK, M. A. G.; WEARY, D. M. Technical note: Using an electronic drinker to monitor competition in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 4, p. 3495–3500, 2019.

- MISZTAL, I. et al. **Manual BLUPF90 family of programs**, 2021. Disponível em: <[http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90\\_all2.pdf](http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf)>. Acesso em: 13 fev. 2021
- MOORE, A. J. Indirect genetic effects of social interactions. **Evolution**, v. 51, n. 5, p. 1352–1362, 1997.
- NKRUMAH, J. D. et al. Genetic and phenotypic relationships of feeding behavior and temperament with performance, feed efficiency, ultrasound, and carcass merit of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 85, n. 10, p. 2382–2390, 2007.
- PHILLIPS, C. J. C.; RIND, M. I. The Effects of Social Dominance on the Production and Behavior of Grazing Dairy Cows Offered Forage Supplements. **Journal of Dairy Science**, v. 85, n. 1, p. 51–59, 1 jan. 2002.
- RAULT, J. L. Friends with benefits: Social support and its relevance for farm animal welfare. **Applied Animal Behaviour Science**, 15 jan. 2012.
- SARGOLZAEI, M.; CHESNAIS, J. P.; SCHENKEL, F. S. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. **BMC Genomics**, v. 15, n. 1, 17 jun. 2014.
- SARTORI, C.; MANTOVANI, R. Indirect genetic effects and the genetic bases of social dominance: evidence from cattle. **Heredity**, v. 110, n. 1, p. 3–9, 12 set. 2012.
- SMID, A. M. C. et al. Short communication: The effects of regrouping in relation to fresh feed delivery in lactating Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 7, p. 6545–6550, 1 jul. 2019.
- SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program (BOA)**. Iowa City, IA, University of Iowa, 20 jan. 2016.
- VALENTE, J. P. S.; DENIZ, M.; DE SOUSA, K. T. **socialh**. Curitiba, PR, 14 maio 2021.
- VAL-LAILLET, D. et al. The concept of social dominance and the social distribution of feeding-related displacements between cows. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 111, n. 1–2, p. 158–172, 2008.
- WALKER, J. K. et al. The effect of conspecific removal on behavioral and physiological responses of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 98, n. 12, p. 8610–8622, 1 dez. 2015.

## **7 REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS AO VALOR DE DOMINÂNCIA EM BOVINOS NELORE**

Júlia de Paula Soares Valente<sup>1,2\*</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>3</sup>, Sara Figueiredo Martins Bonilha<sup>3</sup>, Laila Talarico Dias<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil.

<sup>3</sup>Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, 13380-011, Sertãozinho, Brasil.

\*Autor correspondente: Júlia de Paula Soares Valente;

e-mail: juliadepaulasoaresvalente@gmail.com;

ORCID: 0000-0001-8589-6747

## RESUMO

A identificação dos genes ou regiões genômicas que influenciam as características de organização social como o valor de dominância (VD) é essencial para compreender os processos que agem na expressão da hierarquia social em bovinos de corte. O objetivo deste estudo foi identificar regiões genômicas associadas ao VD em bovinos Nelore e elucidar as vias metabólicas relacionadas à expressão fenotípica da característica. O valor de dominância foi determinado para 970 bovinos machos da raça Nelore, nascidos entre 2012 e 2020, com média de idade de  $282 \pm 39$  dias no início do teste de eficiência alimentar (TEA), pertencentes ao rebanho do Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho, São Paulo, Brasil. Todos os animais foram genotipados com painéis de 770k ou 75k. As regiões genômicas com maior associação com valor de dominância foram observadas nos cromossomos BTA 2, 5, 9 e 11. Foram encontrados 47 genes relacionados ao VD em cinco cromossomos, explicando 30% da variância genética aditiva total. A ontologia gênica revelou dois genes: *FGD6* e *RAB11FIP5*, presentes nos cromossomos 5 e 11, respectivamente, que estão associados a processos neurológicos relacionados ao VD. Embora não haja na literatura trabalhos que relacionem os genes encontrados com a organização social em bovinos, existem relatos de que esses genes estão associados a expressão do autismo em humanos, o que mostra a possibilidade de que de fato estejam associados ao comportamento social em bovinos.

## 7.1 INTRODUÇÃO

Os bovinos estabelecem relações de dominância intraespecífica para manter a ordem social estável e diminuir o número de conflitos desnecessários entre os indivíduos (BOUISSOU et al., 2001). No entanto, os animais dominantes tendem a ter acesso prioritário ao cocho de alimentação e água em relação aos animais subordinados. Conseqüentemente, o comportamento alimentar (LLONCH et al., 2018; VAL-LAILLET et al., 2009) e o ganho de peso dos animais (FIOL; CARRIQUIRY; UNGERFELD, 2017) são afetados, e animais subordinados tendem a ser prejudicados.

Uma forma de mensurar a dominância social dos bovinos é a partir do valor de dominância (KONDO; HURNIK, 1990), porém pouco se sabe sobre os efeitos genéticos relacionados a expressão dessa característica em bovinos da raça Nelore. No entanto, a moderada herdabilidade genômica para o valor de dominância (CAPÍTULO 4), evidencia a existência de variância genética aditiva.

O estudo de associação genômica ampla (GWAS) é uma metodologia acessível para identificar genes candidatos associados a características de interesse na criação dos animais de produção. No entanto, ainda não há relatos na literatura que buscaram genes relacionados ao valor de dominância em bovinos. Dessa forma, o objetivo do presente estudo foi identificar regiões genômicas associadas ao valor de dominância em bovinos Nelore e elucidar as vias metabólicas relacionadas à expressão fenotípica da característica.

## 7.2 MATERIAL E MÉTODOS

Todos os procedimentos de manejo seguiram as diretrizes de bem-estar animal e foram conduzidos de acordo com a Lei Estadual nº 11.977 do Estado de São Paulo, Brasil.

### 7.2.1 Animais e fenótipos

Foram utilizados dados coletados de 970 bovinos machos da raça Nelore, nascidos entre 2012 e 2020, com média de  $282 \pm 39$  dias de idade no início do teste de eficiência alimentar (TEA), pertencentes ao rebanho do Instituto de Zootecnia (IZ),

Sertãozinho, São Paulo, Brasil. Os animais participaram dos TEAs realizados entre os anos de 2013 e 2021 no IZ, que tiveram duração média de  $84 \pm 12$  dias (para detalhes Ceacero et al., 2016). Os procedimentos de análise da característica, assim como os valores de herdabilidade e correlações genéticas foram relatados no CAPÍTULO 4 dessa dissertação.

### 7.2.2 Genotipagem e controle de qualidade

Todos os animais foram genotipados com chip Illumina BovineHD BeadChip (770k, Illumina Inc., San Diego, CA, EUA) ou com o GeneSeek Genomic Profiler HDi 75K (GeneSeek Inc., Lincoln, NE, EUA). Os genótipos dos animais genotipados com o painel de menor densidade (75k) foram imputados ao painel HD utilizando o software FImpute v.3 (SARGOLZAEI; CHESNAIS; SCHENKEL, 2014). Foi utilizado um conjunto de dados imputado contendo, aproximadamente, 6.862 animais com genótipos HD. O controle de qualidade dos dados genômicos foi realizado, mantendo apenas SNPs autossômicos com frequência alélica menor (MAF)  $> 0,02$ , p-valor para equilíbrio de Hardy-Weinberg  $> 10^{-5}$ , *call-rate*  $> 92\%$  para SNPs e *call-rate*  $> 85\%$  para as amostras.

### 7.2.3 Análises

As análises GWAS foram realizadas por meio da metodologia GBLUP de etapa única (ssGBLUP), utilizando programas da família BLUPF90 (MISZTAL et al., 2021). Os efeitos dos SNPs, bem como seus pesos, foram calculados em três iterações, conforme sugerido por Lourenço et al. (2020). As iterações foram descritas como proposto por Wang et al. (2012):

$$D_{(t)} = 1$$

$$G_{(t)} = \frac{WD_{(t)}W'}{\sum_{i=1}^M 2p_i(1-p_i)}$$

Onde: t é o número da iteração. Os efeitos SNP ( $\hat{u}$ ) foram obtidos como:

$$\hat{u} = \lambda DW'G^{-1}\hat{a}_g = M'[MDM']^{-1}\hat{a}_g$$



onde  $\hat{a}_g$  é um vetor dos efeitos animais de animais genotipados, que foi representado por uma função dos efeitos do SNP ( $\hat{a}_g = Wu$ );  $W$  é a matriz contendo os genótipos para cada locus;  $\hat{u}$  é o vetor dos efeitos do SNP;  $\lambda$  é a razão de variância, calculada de acordo com VanRaden (2008);  $D$  é a matriz diagonal de pesos das variâncias SNP; e  $G$  é a matriz de relacionamento genômico, construída como descrito acima. A seguinte equação foi aplicada para calcular os pesos usados para os SNPs:

$$d_{i(t+1)} = \widehat{u_{i(t)}}^2 2p_i(1 - p_i)$$

Onde:  $i$  = SNP  $i$ . Por fim, o programa calcula  $G$  com os novos pesos dos marcadores como:

$$G_{(t+1)} = \frac{WD_{(t+1)}W'}{\sum_{i=1}^M 2p_i(1 - p_i)}$$

Os resultados do ssGWAS foram apresentados como uma proporção da variância genética aditiva total explicada pelas janelas genômicas de 2 Mp de SNPs adjacentes.

#### 7.2.4 Análise funcional e redes gênicas

Após a realização do ssGWAS, as janelas genômicas que explicaram mais de 0,5% da variância genética aditiva total da característica foram consideradas as regiões genômicas mais relevantes. Os genes candidatos posicionais localizados nessas regiões foram identificados com base no banco de dados Ensembl Genes 105 incorporado na ferramenta BioMart (KINSELLA et al., 2011). Posteriormente, o banco de dados PANTHER (MI et al., 2017) foi utilizado para realizar as anotações funcionais, que apontaram em quais vias metabólicas os genes candidatos estão envolvidos para gerar a expressão fenotípica de VD.

### 7.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As regiões genômicas com maior associação com valor de dominância (VD) foram observadas nos cromossomos BTA 2, 5, 9 e 11 (FIGURA 4). A proporção da variância genética aditiva total para valor de dominância foi de 30%, e os 45 genes candidatos relacionados a essas janelas estão apresentados na TABELA 9. A análise ontológica dos genes (GO) indicou dois genes candidatos (*FGD6* e *RAB11FIP5*). Na literatura, há relatos de que em humanos os dois genes apresentam relação com a expressão do transtorno do espectro autista (ROOHI et al., 2008; THONGNAK et al., 2018). O transtorno do espectro autista é uma alteração do neurodesenvolvimento descrito por anormalidades nas interações sociais e comunicação e no comportamento restrito e repetitivo (VEENSTRA-VANDERWEELE; CHRISTIAN; COOK, 2004). Portanto, os dois genes candidatos apresentam comportamentos que podem estar relacionados a expressão de características relacionadas ao comportamento social dos animais.

FIGURA 4 – MANHATTAN PLOT DA PORCENTAGEM DE VARIAÇÃO GENÉTICA ADITIVA EXPLICADA POR JANELAS ADJACENTES DE 2.0 MB PARA VALOR DE DOMINÂNCIA EM BOVINOS NELORE

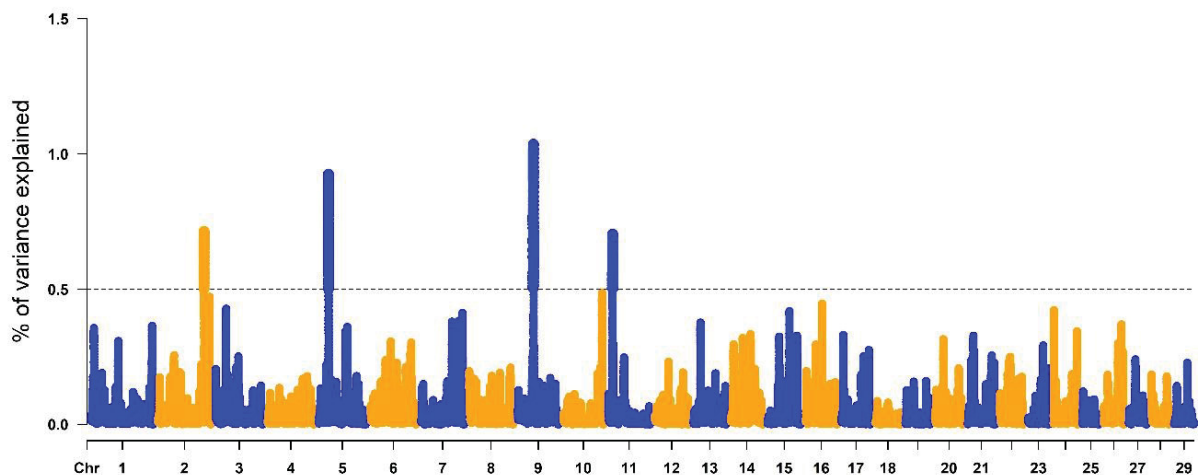


TABELA 9 – IDENTIFICAÇÃO E DESCRIÇÃO DOS GENES CANDIDATOS EM JANELAS GENÔMICAS QUE EXPLICARAM MAIS DE 0,5% DA VARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA TOTAL PARA VALOR DE DOMINÂNCIA EM BOVINOS NELORE.

Regiões Genômicas	Símbolo do gene	Nome do gene	Var <sup>1</sup> (%)
BTA 2 118803760:118824701	<i>SPATA3</i>	<i>Spermatosis associated 3</i>	0,51
BTA 2 118183281:118232898	<i>SP110</i>	<i>SP110 nuclear body protein</i>	0,54
BTA 2 118714413:118715459	<i>GPR55</i>	<i>G protein-coupled receptor 55</i>	0,66

BTA 2 118530388:118632791	<i>CAB39</i>	<i>Calcium binding protein 39</i>	0,67
BTA 2 118362310:118396685	<i>SP140L</i>	<i>SP140 nuclear body protein-like</i>	0,67
BTA 2 118666034:118680136	<i>ITM2C</i>	<i>Integral membrane protein 2C</i>	0,69
BTA 5 23915775:24071389	<i>PLXNC1</i>	<i>Plexin C1</i>	0,50
BTA 5 24766344:24868854	<i>FGD6</i>	<i>FYVE, RhoGEF and PH domain containing 6</i>	0,59
BTA 5 24721336:24760106	<i>NR2C1</i>	<i>Nuclear receptor subfamily 2 group C member 1</i>	0,66
BTA 5 24070404:24345243	<i>CEP83</i>	<i>Centrosomal protein 83</i>	0,68
BTA 5 24306913:24595494	<i>TMCC3</i>	<i>Transmembrane and coiled-coil domain family 3</i>	0,86
BTA 9 39424555:39477476	<i>AMD1</i>	<i>Adenosylmethionine decarboxylase 1</i>	0,50
BTA 9 39168422:39281019	<i>SLC16A10</i>	<i>Solute carrier family 16 member 10</i>	0,50
BTA 9 40710828:40714565	<i>SMPD2</i>	<i>Sphingomyelin phosphodiesterase 2</i>	0,54
BTA 9 40698480:40710698	<i>MICAL1</i>	<i>Microtubule associated monooxygenase, calponin and LIM domain containing 1</i>	0,56
BTA 9 40680702:40691320	<i>ZBTB24</i>	<i>Zinc finger and BTB domain containing 24</i>	0,57
BTA 9 40387289:40559531	<i>FIG4</i>	<i>FIG4 phosphoinositide 5-phosphatase</i>	0,61
BTA 9 40221514:40223897	<i>GPR6</i>	<i>G protein-coupled receptor 6</i>	0,65
BTA 9 40714260:40749877	<i>PPIL6</i>	<i>Peptidylprolyl isomerase like 6</i>	0,68
BTA 9 40567444:40620337	<i>AK9</i>	<i>Adenylate kinase 9</i>	0,70
BTA 9 39325007:39373157	<i>RPF2</i>	<i>Ribosome production factor 2 homolog</i>	0,75
BTA 9 39477920:39644633	<i>CDK19</i>	<i>Cyclin dependent kinase 19</i>	0,76
BTA 9 39753078:39788314	<i>SLC22A16</i>	<i>Solute carrier family 22 member 16</i>	0,95
BTA 9 39796263:39813956	<i>DDO</i>	<i>D-aspartate oxidase</i>	0,97
BTA 9 39853683:39980056	<i>METTL24</i>	<i>Methyltransferase like 24</i>	0,97
BTA 9 40037421:40109999	<i>WASF1</i>	<i>WASP family member 1</i>	0,97
BTA 9 39988950:40037184	<i>CDC40</i>	<i>Cell division cycle 40</i>	1,03
BTA 11 10504933:10514090	<i>BOLA3</i>	<i>bolA family member 3</i>	0,50
BTA 11 10696134:10730414	<i>DGUOK</i>	<i>Deoxyguanosine kinase</i>	0,55
BTA 11 10561669:10666478	<i>TET3</i>	<i>Tet methylcytosine dioxygenase 3</i>	0,55
BTA 11 11371161:11498288	<i>SFXN5</i>	<i>Sideroflexin 5</i>	0,56
BTA 11 10736902:10761462	<i>ACTG2</i>	<i>Actin gamma 2, smooth muscle</i>	0,57
BTA 11 10828592:10837538	<i>C11H2orf78</i>	<i>Chromosome 11 C2orf78 homolog</i>	0,60

BTA 11 10848262:10864265	<i>DUSP11</i>	<i>Dual specificity phosphatase 11</i>	0,60
BTA 11 11326325:11369731	<i>RAB11FIP5</i>	RAB11 family interacting protein 5	0,62
BTA 11 10793276:10817432	<i>STAMBP</i>	STAM binding protein	0,62
BTA 11 10889460:11079798	<i>ALMS1</i>	<i>ALMS1 centrosome and basal body associated protein</i>	0,63
BTA 11 10874115:10880817	<i>TPRKB</i>	TP53RK binding protein	0,63
BTA 11 11168103:11195919	<i>FBXO41</i>	F-box protein 41	0,66
BTA 11 11197280:11214567	<i>CCT7</i>	<i>Chaperonin containing TCP1 subunit 7</i>	0,67
BTA 11 11158418:11161386	<i>EGR4</i>	Early growth response 4	0,67
BTA 11 11234192:11240497	<i>NOTO</i>	Notochord homeobox	0,67
BTA 11 11220289:11232163	<i>SMYD5</i>	SMYD family member 5	0,67
BTA 11 11215589:11219819	<i>PRADC1</i>	Protease associated domain containing 1	0,68

<sup>1</sup>Var (%): porcentagem da variância explicada

O gene *FGD6* (BTA5) foi mencionado no estudo desenvolvido por Thongnak *et al.* (2018), que identificou uma possível variante causadora do transtorno do espectro autista no gene *FGD6* (c.2951G>A, p = 0,0041) em humanos. O gene *FGD6* apresenta a via de regulação da atividade da *GTPase* (GO:0043087) e pode ativar o gene *CDC42*, um membro da família Ras de proteínas Rho e Rac, trocando *GDP* ligado por *GTP* livre. Os genes envolvidos na sinalização *GTPase/Ras*, com o componente Rho *GTPases*, são conhecidos por estarem envolvidos na regulação de dendritos e plasticidade da coluna e associados à deficiência intelectual (PINTO *et al.*, 2010). Além disso, esses genes podem desempenhar um papel na regulação do citoesqueleto de actina e na forma da célula (por semelhança). O gene *FGD6* ainda é pouco relatado na literatura, porém existe grandes indicativos de que esse gene possa estar relacionado com as relações sociais dos bovinos.

O gene *RAB11FIP5* (*RAB11 Family Interacting Protein 5*) é codificador de proteínas e apresenta várias vias como exocitose regulada (GO:0045055), exocitose (GO:0006887), secreção por célula (GO:0032940), exportação da célula (GO:0140352), secreção celular (GO:0046903). O efetor RAB está envolvido no tráfego de proteínas de endossomos de reciclagem apical para a membrana plasmática apical. Nos neurônios, endossomos de reciclagem participam da triagem e transporte de receptores de neurotransmissores. Quando contendo RAB11 os endossomos de reciclagem trafegam receptores de glutamato para locais pós-

sinápticos, contribuindo para a potenciação de longo prazo da força sináptica (PARK et al., 2004). De modo que, o *RAB11FIP5*, um efetor de Rab11, possivelmente também está envolvido neste processo e na transdução do sinal do neurotransmissor, assim a interrupção da ativação desse gene pode contribuir para a expressão do transtorno do espectro autista (ROOHI et al., 2008).

#### 7.4 CONCLUSÃO

Embora não haja na literatura trabalhos que relacionem os genes encontrados com a organização social em bovinos, existem relatos de que esses genes estão associados a expressão do autismo em humanos, o que mostra a possibilidade de que de fato estejam associados ao comportamento social em bovinos.

## REFERÊNCIAS

- BOUISSOU, M.-F. et al. The Social Behaviour of Cattle . In: KEELING, L. J.; GONYOY, H. W. (Eds.). . **Social Behaviour in Farm Animals**. New York: CABI Publishing, 2001. p. 113–145.
- FIOL, C.; CARRIQUIRY, M.; UNGERFELD, R. Social dominance in prepubertal dairy heifers allocated in continuous competitive dyads: Effects on body growth, metabolic status, and reproductive development. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 3, p. 2351–2359, 1 mar. 2017.
- KINSELLA, R. J. et al. Ensembl BioMarts: a hub for data retrieval across taxonomic space. **Database**, v. 2011, 1 jan. 2011.
- KONDO, S.; HURNIK, J. F. Stabilization of social hierarchy in dairy cows. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 27, n. 4, p. 287–297, 1 out. 1990.
- LLONCH, P. et al. Temperament and dominance relate to feeding behaviour and activity in beef cattle: Implications for performance and methane emissions. **Animal**, v. 12, n. 12, p. 2639–2648, 2018.
- LOURENCO, D. et al. Single-Step Genomic Evaluations from Theory to Practice: Using SNP Chips and Sequence Data in BLUPF90. **Genes** **2020**, Vol. 11, Page 790, v. 11, n. 7, p. 790, 14 jul. 2020.
- MI, H. et al. PANTHER version 11: expanded annotation data from Gene Ontology and Reactome pathways, and data analysis tool enhancements. **Nucleic Acids Research**, v. 45, n. D1, p. D183–D189, 4 jan. 2017.
- MISZTAL, I. et al. **Manual BLUPF90 family of programs**, 2021. Disponível em: <[http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90\\_all2.pdf](http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf)>. Acesso em: 13 fev. 2021
- PARK, M. et al. Recycling endosomes supply AMPA receptors for LTP. **Science**, v. 305, n. 5692, p. 1972–1975, 24 set. 2004.
- PINTO, D. et al. Functional impact of global rare copy number variation in autism spectrum disorders. **Nature** **2010** **466:7304**, v. 466, n. 7304, p. 368–372, 9 jun. 2010.
- ROOHI, J. et al. A de novo apparently balanced translocation [46,XY,t(2;9)(p13;p24)] interrupting RAB11FIP5 identifies a potential candidate gene for autism spectrum disorder. **American Journal of Medical Genetics Part B: Neuropsychiatric Genetics**, v. 147B, n. 4, p. 411–417, 5 jun. 2008.
- SARGOLZAEI, M.; CHESNAIS, J. P.; SCHENKEL, F. S. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. **BMC Genomics**, v. 15, n. 1, 17 jun. 2014.

THONGNAK, C. et al. Whole-Exome Sequencing Identifies One de Novo Variant in the FGD6 Gene in a Thai Family with Autism Spectrum Disorder. **International Journal of Genomics**, v. 2018, 2018.

VAL-LAILLET, D. et al. Allogrooming in cattle: Relationships between social preferences, feeding displacements and social dominance. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 116, n. 2–4, p. 141–149, 2009.

VANRADEN, P. M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 1 nov. 2008.

VEENSTRA-VANDERWEELE, J.; CHRISTIAN, S. L.; COOK, E. H. AUTISM AS A PARADIGMATIC COMPLEX GENETIC DISORDER. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.genom.5.061903.180050>, v. 5, p. 379–405, 26 ago. 2004.

WANG, H. et al. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. **Genetics Research**, v. 94, n. 2, p. 73–83, abr. 2012.

## 8 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nos sistemas de produção de bovinos de corte os animais são manejados em grupo, ou seja, a relação de dominância-subordinação acontece rotineiramente entre os indivíduos. No entanto, apesar de amplamente descrita nas pesquisas comportamentais, a dominância social ainda é pouco estudada no âmbito da genética. No presente estudo, foi possível determinar a dominância social dos animais e realizar análises genéticas para a característica a partir de um banco de dados histórico, com registros de evento de alimentação coletados por cochos eletrônicos. Como constatado, a dominância é uma característica herdável e apresenta correlações com características de interesse produtivo, como o comportamento alimentar e o consumo alimentar residual. Também foi possível identificar dois possíveis genes relacionados a expressão da dominância social em bovinos Nelore. Portanto, os resultados obtidos no presente estudo demonstraram que a dominância social recebe influências genéticas, porém seria interessante que futuros trabalhos fossem realizados com maior número de animais para aprimorar as respostas obtidas.



## ANEXO I

**Package ‘socialh’**

May 14, 2021

**Title** Rank and Social Hierarchy for Gregarious Animals**Version** 0.1.0

**Description** Tools developed to facilitate the establishment of the rank and social hierarchy for gregarious animals by the Si method developed by Kondo & Hurnik (1990)<doi:10.1016/0168-1591(90)90125-W>. It is also possible to determine the number of agonistic interactions between two individuals, sociometric and dyadics matrix from dataset obtained through electronic bins.

**License** GPL-3**Encoding** UTF-8**Imports** dplyr, data.table, magrittr, stats, utils**RoxygenNote** 7.1.1**Suggests** rmarkdown, knitr, testthat (>= 3.0.0)**VignetteBuilder** knitr**Config/testthat/edition** 3**NeedsCompilation** no

**Author** Julia Valente [aut, cre] (<<https://orcid.org/0000-0001-8589-6747>>),  
 Matheus Deniz [aut, ctb] (<<https://orcid.org/0000-0001-8079-0070>>),  
 Karolini de Sousa [aut, ctb] (<<https://orcid.org/0000-0003-4743-8547>>)

**Maintainer** Julia Valente <[juliadepaulasoareshvalente@gmail.com](mailto:juliadepaulasoareshvalente@gmail.com)>**Repository** CRAN**Date/Publication** 2021-05-14 10:40:03 UTC**R topics documented:**

dmatrix	2
dvalue	3
improved_index	4
landau_index	5
replacement	6
smatrix	7
<b>Index</b>	<b>8</b>

## ANEXO II

### Submission Confirmation for PONE-D-21-29427 - [EMID:dcaaa537fe4fd22f]

1 message

PLOS ONE <em@editorialmanager.com>

Responder a: PLOS ONE <plosone@plos.org>

Para: Júlia Valente <juliadepaulasoesvalente@gmail.com>

10 de setembro de 2021 19:30

PONE-D-21-29427  
socialh : An R package for determining the social hierarchy of cattle using data from individual electronic bins  
PLOS ONE

Dear Dr. Valente,

Thank you for submitting your manuscript entitled 'socialh'. An R package for determining the social hierarchy of cattle using data from individual electronic bins' to PLOS ONE. Your assigned manuscript number is PONE-D-21-29427.

We will now begin processing your manuscript and may contact you if we require any further information. You will receive an update once your manuscript passes our in-house technical check; you can also check the status of your manuscript by logging into your account at <https://www.editorialmanager.com/pone/>.

If during submission you selected the option for your manuscript to be posted on the bioRxiv preprint server (<http://biorxiv.org>), we will be assessing the manuscript for suitability shortly. If suitable, your preprint will be made publicly available on bioRxiv and you will receive an email confirmation from them when it has posted. Please check your response to this question and email us as soon as possible at [plosone@plos.org](mailto:plosone@plos.org) if it has been answered incorrectly. Further information about our partnership with bioRxiv to facilitate the rapid availability of life sciences research is available at <http://journals.plos.org/plosone/preprints>.

If you have any inquiries or other comments regarding this manuscript please contact [plosone@plos.org](mailto:plosone@plos.org).

Thank you for your support of PLOS ONE.

Kind regards,  
PLOS ONE

In compliance with data protection regulations, you may request that we remove your personal registration details at any time. (Use the following URL: <https://www.editorialmanager.com/pone/login.asp?a=f>). Please contact the publication office if you have any questions.

### ANEXO III





## VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

09 a 12 de novembro de 2020

### CERTIFICADO

Certificamos que o trabalho

#### **HERDABILIDADE E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS GUZERÁ SOB SELEÇÃO**

dos autores JÚLIA DE PAULA SOARES VALENTE ;

foi aceito para publicação nos Anais do VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos -

Edição on-line, realizado de 09 a 12 de novembro de 2020.

  
FERNANDA VIDIGAL DUARTE SOUZA  
Presidente VI CBRG  
Presidente SBRG

  
LARA DURÃES SETTE  
Presidente de Honra VI CBRG

Realização:



Apoio:



Patrocínio:

