

**Relação do Polimorfismo de Locos STR
com Parâmetros Genéticos de
Características de Crescimento e
Carcaça em Bovinos Nelore**



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Cerrados
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 246

Relação do Polimorfismo de Locos STR com Parâmetros Genéticos de Características de Crescimento e Carcaça em Bovinos Nelore

*Cláudio de Ulhôa Magnabosco
Lucileide Vilela Resende
Mariana Pires de Campos Telles
José Benedito de Freitas Trovo
Thannya Nascimento Soares
Mariana Márcia Santos Mamede*

Embrapa Cerrados
Planaltina, DF
2009

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Cerrados

BR 020, Km 18, Rod. Brasília/Fortaleza

Caixa Postal 08223

CEP 73310-970 Planaltina, DF

Fone: (61) 3388-9898

Fax: (61) 3388-9879

<http://www.cpac.embrapa.br>

sac@cpac.embrapa.br

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: *Fernando Antônio Macena da Silva*

Secretária-Executiva: *Marina de Fátima Vilela*

Secretária: *Maria Edilva Nogueira*

Supervisão editorial: *Jussara Flores de Oliveira Arbués*

Equipe de revisão: *Francisca Eljani do Nascimento*

Jussara Flores de Oliveira Arbués

Assistente de revisão: *Elizelva de Carvalho Menezes*

Normalização bibliográfica: *Shirley da Luz Soares Araújo*

Editoração eletrônica: *Leila Sandra Gomes Alencar*

Capa: *Leila Sandra Gomes Alencar*

Foto(s) da capa: *Cláudio de Ulhôa Magnabosco*

Impressão e acabamento: *Divino Batista de Souza*

Alexandre Moreira Veloso

1ª edição

1ª impressão (2009): tiragem 100 exemplares

Edição online (2009)

Todos os direitos reservados

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Cerrados

R382 Relação de polimorfismo de locos STR com parâmetros genéticos de características de crescimento e carcaça em bovinos nelore / Cláudio de Ulhôa Magnabosco... [et al.]. – Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2009.

50 p. — (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Cerrados, ISSN 1676-918X, ISSN online 2176-509X ; 246).

1. Bovino – Nelore. 2. Carcaça – crescimento. I. Magnabosco, Cláudio de Ulhôa. II. Série.

Sumário

Resumo	5
Abstract.....	6
Introdução.....	7
Material e Métodos.....	13
Origem das informações	13
Obtenção dos dados moleculares	13
Análise estatística	16
Resultados e Discussão.....	20
Características de crescimento e carcaça	20
Conclusões.....	43
Referências	43

Relação do Polimorfismo de Locus STR com Parâmetros Genéticos de Características de Crescimento e Carcaça em Bovinos Nelore

Cláudio de Ulhôa Magnabosco¹; Lucileide Vilela Resende²; Mariana Pires de Campos Telles³; José Benedito de Freitas Trovo⁴; Thannya Nascimento Soares⁵; Mariana Márcia Santos Mamede⁶

Resumo

O objetivo deste estudo foi identificar possíveis associações entre polimorfismos dos STR com características de crescimento e carcaça. O arquivo de dados possui informações de 218 animais da raça Nelore, donde foi colhido sangue e extraído o DNA. Para as análises de associação dos loci BM1824, BM2113, CSN3, ETH225, SPS115 com as características de crescimento e carcaça, foram utilizadas GMD112, PC426, AOL, EG e P8, com os efeitos fixos: idade da vaca, ano da prova, mês de nascimento do animal e os cinco locos. Foi adotado um modelo para cada característica para análises dos parâmetros genéticos, demonstrando valores significativos para ano da prova e para os locos CSN3 e BM2113 (GMD112) e SPS115 (EG). A estimativa do coeficiente de endogamia foi de 0,0485, próximo ao encontrado para os locos STR (0,04). As características GMD112, PC426, AOL, EG e P8 apresentaram médias de 1100,8; 341,3; 56,9; 2,3; 3,9; respectivamente e herdabilidade de, no máximo, 0,61 (GMD112); 0,81 (PC426); 0,55 (AOL); 0,70 (EG) e 0,75 (P8). A partir desses dados, conclui-se que as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade não apresentaram diferença significativa após a inclusão dos locos, sendo sugeridos posteriores estudos com um maior número de loci e animais.

Termos para indexação: amostragem de Gibbs, Bos indicus, microssatélite, MTGSAM, prova de ganho em peso.

¹ Zootecnista, Ph.D., Pesquisador da Embrapa Cerrados, mclaudio@cpac.embrapa.br

² Zootecnista, M.Sc., Bolsista da Capes, Doutorado em Ciência Animal, UFG, lvilelar@gmail.com

³ Bióloga, Dra., Professora da UFG, tellesmpc@gmail.com

⁴ Engenheiro Agrônomo, Ph.D., Pesquisador Embrapa Cenargen, trovo@cnpaf.embrapa.br

⁵ Bióloga, Dra., Professora da UFG, tnssoares@gmail.com

⁶ Médica Veterinária, Associação Goiana dos Criadores de Zebu (AGCZ), mmamede@cnpaf.embrapa.br

Relations between Polymorphisms of STR Locus with Genetic Parameters of Growth and Carcass Traits in Nellore Cattle

Abstract

The purpose of this study was to genetically characterize bovine from three feeding test, using STR markers, testing possible associations between these genetic polymorphisms and growth average daily gain at 112 days (GMD112), weight at 426 days (PC426) and carcass traits longissimus muscle area (AOL), fat thickness (EG) e rump fat thickness (P8). Data and DNA were extracted from blood samples of 218 animals. They were genotyped for the BM1824, BM2113, CSN3, ETH225, SPS115 loci. For the analysis of the association was defined a model using as fixed effects the age of dam, year of test, month of birth and the five loci. The analyses to define the model to be used showed significant values for year of the test (all traits) and for the loci SN3 and BM2113 (GMD112) and SPS115 (EG). The inbreeding coefficient was equal to 0.0485, close to the one found for the STR loci (0.04). Averages of the traits GMD112, PC426, AOL, EG and P8 were 1100.8, 341.3, 56.9, 2.3 and 3.9, respectively, and the maximum heritabilities were 0.61 (GMD112), 0.81 (PC426), 0.55 (AOL), 0.70 (EG) and 0.75 (P8). Estimates for variance components and heritabilities did not presented a significant improvement after adding STR data in the models, suggesting that more studies, using bigger data set and loci, are necessary to confirm these results.

Index terms: Bos indicus, Gibbs sampling, microsatellite, MTGSAM, performance tests.

Introdução

No rebanho brasileiro atual, é imprescindível mencionar a importância dos zebuínos, principalmente da raça Nelore, que ocupa o primeiro lugar entre as raças criadas no País. Cerca de 85 % do rebanho brasileiro é formado pelas raças zebuínas (165 milhões de cabeças); dessas, 90 % apresentam, em algum grau, genes da raça Nelore (ou seja, 145 milhões de bovinos) (RIPAMONTE, 2002; GAZETA, 2005).

Na bovinocultura de corte, a redução dos custos de produção vem sendo alcançada pela diminuição da idade de abate dos animais. Para isso, além de medidas de manejo adequadas, faz-se necessária a escolha de animais mais precoces e com maior potencial genético para ganho de peso (JOSAHKIAN, 2000; GAZETA, 2005). Essa escolha pode ser feita a partir de provas de ganho em peso.

A Prova de Ganho em Peso (PGP) visa identificar animais geneticamente superiores para características de crescimento, baseando-se na performance individual do animal (GONÇALVES et al., 2000). Participam da PGP animais machos, portadores de RGN (Registro Genealógico de Nascimento), com variação de idade de, no máximo, 90 (noventa) dias, submetidos a um mesmo manejo e regime alimentar durante o período de prova, para avaliação do mérito genético nos caracteres: ganho em peso, peso final e tipo (JOSAHKIAN et al., 2003).

O conhecimento das características quantitativas e qualitativas de carcaça é fundamental na indústria de carne, pois tem como objetivo a melhora da qualidade do produto final. A determinação dessas características, de maneira rápida e com boa precisão, pode ser obtida através de ultrassonografia usada para estimar a proporção de músculo e quantidade de gordura, sendo mais acurada do que o peso vivo, escore visual e outras características facilmente medidas (SILVA et al., 2003). Assim, medidas de carcaça feitas em animais jovens, incorporadas a índices de seleção, podem afetar, de forma positiva, a tendência genética das características de crescimento e qualidade

de carne nos programas de melhoramento genético, influenciando o intervalo de gerações, a exatidão e também a intensidade de seleção (KARSBURG, 2003).

Muitas características de interesse econômico para o melhoramento genético de bovinos são influenciadas pelos efeitos genéticos direto e materno. O efeito genético direto é devido aos genes que afetam diretamente o desenvolvimento do animal. Dessa forma, a partir de um modelo genético aditivo, podem ser estimados os componentes de variância e a herdabilidade para os efeitos genéticos aditivos (MAGNABOSCO, 1997).

Estimativas de componentes de variância e herdabilidade são parâmetros populacionais essenciais, tanto para a pesquisa, como para a prática em melhoramento genético animal. Esses parâmetros são inerentes a determinada população e podem mudar com o tempo, em virtude de mudanças em sua estrutura genética e decisões de manejo (FALCONER, 1987).

Os componentes de variância e herdabilidade, importantes na predição do mérito genético dos indivíduos, têm sido estimados por diferentes métodos, que evoluem à medida que novas teorias e novas técnicas computacionais são desenvolvidas. O método de estimação pode ser um fator importante na obtenção dos parâmetros genéticos, juntamente com o estabelecimento de um modelo matemático que descreva corretamente os dados com a inclusão de fatores importantes, como raça, sexo, manejo e a origem dos dados (VAN MELIS et al., 2003).

Desde o início da década de 1980, o método mais utilizado para estimação de componentes de variâncias e parâmetros genéticos é o Método da Máxima Verossimilhança Restrita (Restricted Maximum likelihood - REML), por apresentar propriedades que são de interesse para o melhoramento animal, sendo invariante a parte fixa do modelo e, portanto, com considerável poder de controle sobre os vícios causados pela seleção. Porém, recentemente métodos bayesianos vêm sendo utilizados como uma opção para solução de problemas

relacionados à avaliação de mérito genético em populações animais. A aplicação de métodos de Markov Chain Monte Carlo (MCMC), entre os quais se destaca a Amostragem de Gibbs (Gibbs Sampling - GS), também pode ser utilizada como uma ferramenta, de forma a propiciar uma inferência bayesiana (LÔBO et al., 1997; MAGNABOSCO et al., 1998; MAGNABOSCO et al., 2001; MAGNABOSCO et al., 2002a; MAGNABOSCO et al., 2002b; MAGNABOSCO et al., 2003; FARIA, 2003; BARBOSA, 2005).

A Amostragem de Gibbs (GS) é um procedimento de integração numérica usado na estimação das distribuições conjuntas e marginais de todos os parâmetros do modelo, por meio de reamostragem de todas as distribuições condicionais da cadeia de Markov. É uma técnica para obtenção indireta de variáveis aleatórias de uma distribuição (marginal), sem ter que calcular sua densidade de probabilidade (MAGNABOSCO, 1997).

Segundo Van Tassel et al. (1995), o método GS apresenta várias vantagens em relação aos métodos usuais que empregam a teoria BLUP (*best linear unbiased prediction* – melhor preditor linear não viesado), pois não requer soluções para as equações de modelo misto; e permite análise de conjunto de informações maiores do que quando se usa o REML, com técnicas de matrizes esparsas, propiciando estimativa direta e precisa dos componentes de variância, dos valores genéticos e dos intervalos de confiança para essas estimativas.

As estimativas dos parâmetros genéticos para características de crescimento ponderal da raça Nelore têm apresentado grande variabilidade, sendo bons indicadores da resposta à seleção ou melhoramento genético a ser alcançado. Esses parâmetros são necessários para estimar as respostas diretas e correlacionadas à seleção, para elaborar índices de seleção e prever o valor genético dos animais. Nesses programas de seleção em bovinos de corte, têm sido frequentemente utilizadas as características ponderais pesos e ganhos em peso, baseados fundamentalmente nas altas correlações existentes entre elas (GUNSKI et al., 2001; SIQUEIRA et al., 2003).

Até meados da década de 1960, os estudos de genética e de melhoramento genético eram realizados pela análise de genes associados a caracteres morfológicos de fácil identificação visual, que contribuíram muito para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para a construção das primeiras versões de mapas genéticos. Entretanto, o pequeno número de marcadores em uma mesma espécie diminuía a probabilidade de se encontrar associações significativas entre esses marcadores e caracteres de importância para programas de melhoramento ou para estudos teóricos (FALCONER, 1987; ALFENAS et al., 1991; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; GRIFFITHS et al., 1999).

O desenvolvimento de novas tecnologias favoreceu o aumento na localização de pontos de referência nos cromossomos, denominados de marcadores moleculares. Esses marcadores têm se mostrado poderosa ferramenta no estudo de populações naturais ou domesticadas, com avanços em estudos de análise da variabilidade genética entre e dentro de populações, além de acessar a variabilidade genética existente entre raças, espécies ou grupos taxonômicos, sendo de grande utilidade no melhoramento genético. Os marcadores baseados em PCR (Reação em Cadeia da Polimerase – *Polymerase Chain Reaction*) mais amplamente utilizados no melhoramento genético de bovinos são os microssatélites ou STR (Repetições curtas em série - *Short Tandem Repeats*) (HILLIS et al., 1996; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; REGITANO, 2001).

STR são marcadores baseados em PCR cujos primers possuem sequências conhecidas. As regiões microssatélites são pequenas sequências não codificadoras de DNA, compostas de um a seis nucleotídeos repetidos em série. São bastante abundantes e dispersas ao longo do genoma de eucariotos, correspondendo a mais de 20 % do genoma dos mamíferos, sendo muito utilizados em projetos de mapeamento, por apresentarem alto grau de polimorfismo. Um loco para ser considerado polimórfico deve apresentar a frequência do alelo mais comum inferior a 0,99 (MACHUGH et al., 1998; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; CHAMBERS; MACAVOY 2000; LANZA et al., 2000; MATIOLI; PASSOS-BUENO, 2001; OLIVEIRA; HENKES, 2001).

O polimorfismo de um determinado loco STR depende do número de sequências repetidas; assim os diferentes alelos de um loco distinguem-se pelo número de unidades de repetição. Como a diferença entre os alelos geralmente é pequena, a detecção das STR é feita em gel de eletroforese de poliacrilamida ou agarose de alta resolução (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; LANZA et al., 2000; MATIOLI; PASSOS-BUENO, 2001; OLIVEIRA; HENKES, 2001). São tipicamente codominantes, altamente multialélicos, apresentando o maior conteúdo informativo de polimorfismo por loco entre todas as classes de marcadores moleculares (CHAMBERS; MACAVOY 2000; VILLELA, 2004).

Além da sua utilização na avaliação da variabilidade genética, que é a primeira etapa em qualquer programa de manejo de um estoque genético, as aplicações mais imediatas que se podem dar aos marcadores genéticos no melhoramento animal são: identificação precisa da genealogia do animal (análise de vínculo genético); estabelecimento de marcadores raciais (marcadores específicos para cada raça), que contribua na determinação de linhagens e até mesmo na identificação das raças utilizadas para formação de um animal mestiço; mapeamento de marcadores QTLs (*Quantitative Trait Loci* – Locos de características quantitativas); identificação de genótipos geneticamente superiores de uma forma mais direta; seleção de progenitores; identificação precoce de genes favoráveis ou não, como os genes que participam do controle de caracteres como ganho de peso, qualidade de carcaça, precocidade, fertilidade, entre outras, podendo-se dirigir os cruzamentos entre animais, de modo que a descendência apresente características zootécnicas desejáveis; e seleção assistida por marcadores moleculares (SAMM) (REGITANO et al., 1999; MARTINEZ et al., 2000; TAMBASCO et al., 2000; UNANIAN et al., 2000; HAEGEMAN et al., 2003; MACHADO et al., 2003; MATEUS et al., 2004).

A genealogia é de suma importância quando se pretende identificar os melhores genótipos, por isso devemos evitar os erros provenientes das mais variadas fontes, tais como: anotações errôneas; troca de sêmen; touros que pulam cercas; identificação incorreta dos animais

pelos funcionários das propriedades, etc., as quais podem levar a perdas incalculáveis. A estrutura de pedigree tem grande valor nas avaliações genéticas com uso da metodologia denominada Modelo Animal, que utiliza todas as informações disponíveis de ascendentes e descendentes. Erros de genealogia levam à diminuição da acurácia nas avaliações genéticas, reduzindo, portanto, o ganho genético, já que a seleção de reprodutores errados diminui o diferencial de seleção. Os erros de paternidade podem chegar a 20 % dos registros de animais em diversos países, dessa forma, evidencia-se a importância das verificações de parentesco, confirmando ou não as informações contidas nos pedigrees (RON et al., 1996; PEREIRA, 1999; JOSAHKIAN, 2000; CURI; LOPES, 2002; VISSCHER et al., 2002).

Os marcadores moleculares podem auxiliar os melhoristas e criadores na seleção de reprodutores e em estratégias de acasalamento com o objetivo de maximizar o ganho genético (no curto prazo) e preservar a diversidade genética da população (no longo prazo), permitindo a determinação do potencial genético de um animal com maior precisão. Eles podem aumentar ainda mais o progresso genético que vem sendo observado, pois independem da influência do ambiente, podendo ser utilizados precocemente, inclusive na fase embrionária (REGITANO; COUTINHO, 2001; PAZ, 2002). Podem, ainda, ser relacionados às características de interesse, que geralmente são resultantes da expressão de vários genes ao mesmo tempo (QTL - Quantitative Trait Loci). Se genes afetando uma característica quantitativa (QTL) ou qualitativa estiverem num segmento cromossômico próximo àquele marcador, o monitoramento da segregação do polimorfismo pode permitir uma inferência indireta da presença do QTL e o valor fenotípico a ser esperado para a característica quantitativa (MARTINEZ et al., 2000; OLIVEIRA; HENKES, 2001; SONSTEGARD et al., 2001).

Diversos estudos têm sido conduzidos com o objetivo de associação entre polimorfismos genéticos e características de importância econômica. Em bovinos de corte, características de composição de carcaça, pesos a diferentes idades, ganho de peso em determinado período, curva de crescimento e caracteres como circunferência

torácica foram associadas aos polimorfismos dos genes do hormônio de crescimento, da kappa-caseína, da β -lactoglobulina e da miostatina (ROCHA et al., 1992; MOODY et al., 1996; CASAS et al., 2000; UNANIAN et al., 2000; PAZ et al., 2004). Com base no exposto, o objetivo deste trabalho foi identificar possíveis associações entre polimorfismos dos microsátélites BM1824, BM2113, CSN3, ETH225, SPS115 e as características ganho médio diário de peso aos 112 dias (GMD112); peso calculado para os 426 dias (PC426); área de olho de lombo, cm² (AOL); espessura de gordura na 12a-13a costela, mm (EG); espessura de gordura na garupa, mm (EGP8) em zebuínos, e verificar a possibilidade de utilização desses polimorfismos em programas de seleção assistida por marcadores moleculares (MAS).

Material e Métodos

Origem das informações

O conjunto de dados para este estudo foi obtido a partir de três Provas de Ganho em Peso (PGP) realizadas pela Associação Goiana de Criadores de Zebu (AGCZ), totalizando 218 animais, machos, Nelore. Todos os animais são PO, registrados, com informações de genealogia até os bisavôs, datas de nascimento e idade da vaca ao parto, fornecidas pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Os animais participantes são oriundos de 62 rebanhos, dos estados de Goiás e Mato Grosso.

Esse conjunto de dados contém informações de duas características de crescimento: ganho médio diário de peso (g) no período de 112 dias da prova (GMD112) e peso calculado (Kg) para os 426 dias (PC426), fornecidas pela AGCZ e três de carcaça: área de olho de lombo, cm² (AOL); espessura de gordura na 12a-13a costela, mm (EG); e espessura de gordura na garupa, mm (P8), obtidas pela Aval Serviços Tecnológicos, que analisou as imagens de ultrassonografia dos animais.

Obtenção dos dados moleculares

Desses animais, foram colhidos de 1 ml a 5 ml de sangue com auxílio de tubos estéreis contendo EDTA, sendo estas conservadas sob

refrigeração. As análises genéticas foram realizadas no Laboratório de Genética e Biodiversidade da Universidade Católica de Goiás. A extração do DNA das amostras, a partir de 500 µl de sangue, foi realizada utilizando o kit de extração de DNA específico para sangue (GFXTM Genomic Blood DNA Purification Kit - *Amersham Biosciences*).

Para a quantificação, o DNA total de cada um dos indivíduos foi submetido à eletroforese horizontal, utilizado o marcador de peso molecular Low DNA Mass Ladder (Invitrogen™). A eletroforese foi conduzida em agarose 1 % e tampão de corrida TBE (0,89 M Tris, pH 8,0; 0,89 M ácido bórico; 0,02 M EDTA), pH 8,1 na concentração de 0,5X. Para a visualização das amostras de DNA, o gel foi corado com brometo de etídio e fotografado com o auxílio do fotodocumentador Kodak Edas 120. Depois de quantificado, o DNA foi diluído para uma concentração final de 3 ng/µl para serem usados na PCR. A partir das amostras de DNA, foram processadas as amplificações dos locos STR, utilizando-se cinco pares de primers (BM1824, BM2113, CSN3, ETH225, SPS115), todos desenvolvidos para análise genética com bovinos (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação dos locos, sequência dos primers, localização cromossômica (C) e referências desses primers utilizados para amplificação em bovinos. As siglas (F) e (R) significam Forward e Reverse, respectivamente.

Locos	Sequência dos Primers (5'→3')	C	Referências
BM1824 (D1S34)	(F) GAGCAAGGTGTTTTCCAATC (R) CATTCTCCAACGTTCCTTG	1	BISHOP et al., 1994
BM2113 (D2S26)	(F) GCTCCTTCTACCAAATACCC (R) CTCCTGAGAAGCAACACC	2	BISHOP et al., 1994; BARENDSE et al., 1997
CSN3 (kappa caseína)	(F) ATGACACCTTAACCTAATCCC (R) GCACCTTATAAGCACACAGC	6	BISHOP et al., 1994; BARENDSE et al., 1997
ETH225 (D9S1)	(F) GATCACCTTCGGACTATTTCCT (R) ACATGACAGCCACGTGCTACT	9	BISHOP et al., 1994; BARENDSE et al., 1997
SPS115 (D15)	(F) AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG (R) AACGAGTGTCTAGTTGGCTGTG	15	CURI & LOPES, 2002

Embora todos os locos tenham sido desenvolvidos para bovinos e já existam as temperaturas de anelamento indicadas para cada um deles, existe a necessidade de ajustes para as condições de amplificação do laboratório. Portanto, para todos os locos, foram realizados diversos testes a fim de escolher a temperatura de anelamento e quantidade de reagentes que permitisse o melhor padrão e a melhor resolução das bandas no gel. Em seguida, o DNA de cada um dos indivíduos foi então amplificado via reação em cadeia da polimerase (PCR) com as temperaturas de anelamento ideais para cada loco.

As reações de PCR, para cada sistema, foram montadas para um volume final de 15 μL , seguindo o seguinte protocolo: 5 μL de DNA ($\sim 3 \text{ ng}/\mu\text{L}$); 4,2 μL dos dois primers (0,9 μM); 1,7 μL tampão da enzima 10X (100 mM Tris-HCl, pH 9,0; 15 mM MgCl_2 ; 500 mM KCl); 1,3 μL de d’NTP (2,5 mM); 1,3 μL de BSA (Albumina Bovina – 10 mg/ml); 0,2 μL da enzima Taq-Polimerase (5 unidades/ μL – *Amersham Biosciences*), completando-se o volume com 1,3 μL de Água Milli-Q. A amplificação dos fragmentos de DNA via PCR, no termociclador (MJ Research Inc), foi realizada utilizando um programa com os seguintes passos: (1º) desnaturação do DNA a 94 °C por 5’ e (2º) a 94 °C por 1’; (3º) anelamento do primer a X °C por 1’; (4º) extensão da molécula pela enzima Taq polimerase a 72 °C por 1’; (5º) 30 ciclos seguindo do 2º ao 4º passo; (6º) passo final de extensão de 7’ a 72 °C.

Para a análise com todos os indivíduos das três provas, os fragmentos produzidos nos diferentes locos foram submetidos à eletroforese em cuba de sequenciamento vertical (Biorad) em gel de poliacrilamida 6 %, utilizando TBE 1X, durante 2 horas, mantendo a corrente elétrica constante em 90 W. Em seguida, os fragmentos foram corados com nitrato de prata para a visualização dos alelos seguindo o protocolo descrito por Creste et al. (2001). Após a revelação e secagem das placas, elas foram colocadas sobre a luz branca para a obtenção dos genótipos, utilizando, como padrão de peso molecular, o marcador 10 bp Ladder (base pairs – pares de base - Invitrogen™).

Após a codificação, essas placas foram escaneadas e então armazenadas. Para confirmar a existência de todos os alelos, depois de codificado os locos para todos os indivíduos, deve-se elaborar uma escada alélica contemplando todos os alelos, com o intuito de minimizar os possíveis erros na obtenção dos genótipos. Então, montou-se uma escada alélica para todos os locos, a fim de confirmar a presença de cada alelo. Para essa montagem, foram feitas novas PCR, escolhendo o mínimo de animais que contemplasse todos os alelos em cada loco.

Análise estatística

Características de crescimento e carcaça

Foram avaliadas as características: GMD112, PC426, AOL, EG e P8, com os efeitos fixos no modelo: IDV (idade da vaca ao parto), ano (ano da prova de ganho em peso), mês (mês de nascimento do animal) e os locos CSN3, BM1824, SPS115, BM2113 e ETH225, para verificar a influência dos locos, ano, IDV e mês nas características avaliadas. Essas análises estatísticas foram realizadas no PROC GLM (General Linear Models) do SAS (Statistical Analysis System) (2003), utilizando um modelo de efeitos fixos. As variáveis dependentes foram: GMD112, PC426, AOL, EG, P8; os efeitos fixos: ano, mês, IDV e os locos CSN3, BM1824, SPS115, BM2113 e ETH225 (Apêndice 1). Também foram calculadas médias e desvios-padrão para as características avaliadas através do PROC MEANS do SAS (2003).

O GMD112 foi calculado pela razão da diferença entre os pesos posterior e anterior à prova e o número de dias entre as duas pesagens (112 - quantidade de dias de prova), de acordo com a seguinte fórmula:

$$\text{GMD} = \frac{\text{PS} - \text{PA}}{\text{IS} - \text{IA}}$$

Em que: PS = peso posterior à pesagem; PA = peso anterior à pesagem; IS = idade do animal em dias, na pesagem posterior; IA = idade do animal em dias, na pesagem anterior.

O peso calculado aos 426 dias de idade foi obtido com base na seguinte fórmula:

$$PC = P \pm GMD \times DA$$

Em que: PC = peso calculado; P = peso observado mais próximo à idade 426 dias; GMD = ganho médio diário no período; DA = diferença em dias, entre as duas pesagens.

A área de olho de lombo (AOL) é uma característica avaliada transversalmente no músculo *Longissimus dorsi* ("contrafilé") na região entre a 12ª e 13ª costela, expressa em centímetros quadrados (cm²) e que está relacionada à quantidade de músculo, rendimento da carcaça e principalmente com cortes nobres. A espessura de gordura (EG) é uma característica mensurada na região entre a 12ª e 13ª costela, a qual quantifica a espessura de gordura subcutânea sobre o músculo longissimus dorsi e é expressa em milímetros (mm). Finalmente, a espessura de gordura subcutânea na garupa (P8) é medida entre a intersecção dos músculos *Gluteus medius* e *Biceps femoris* localizada entre o ílio e o ísquio, expressa em milímetros (mm). Segundo Yokoo (2005), essas medidas estão relacionadas à precocidade de crescimento e de acabamento.

O efeito de ano da prova de ganho em peso foi considerado em três categorias (1 – primeira prova; 2 – segunda prova; e 3 – terceira prova), sendo que o efeito de mês de nascimento do animal foi considerado em quatro categorias (1 – primeiro mês de nascimento de animais em cada prova; 2 – segundo mês; 3 – terceiro mês; e 4 – quarto mês) e a idade da vaca ao parto em quatro categorias (1 – 0 a 2 anos; 2 – 3 a 4 anos; 3 – 5 a 9 anos; e 4 – mais que 10 anos).

Primeiramente, foram feitas as análises de variância pela metodologia dos quadrados mínimos para todas as características objetivando verificar a existência de efeitos significativos. Considerou-se o erro tipo III, oriundo da soma de quadrados do resíduo, indicado para análise de dados desbalanceados a partir do teste F e, posteriormente,

foram feitas novas análises utilizando apenas as características que apresentaram efeito significativo a 0,20 ($P \leq 0,20$), definindo, assim, um modelo para cada característica desse estudo. Quando a interação foi significativa ($P \leq 0,05$), realizou-se a comparação entre as médias, por meio do teste de Tukey. As análises resultaram na eliminação de idade da vaca, mês e alguns locos, de acordo com a característica analisada.

Essas análises preliminares permitiram definir um modelo matricial a ser utilizado para as análises genéticas dos componentes de variância e herdabilidades.

Estimação dos componentes de variância

Os componentes de variância necessários para a obtenção dos parâmetros genéticos foram estimados em análises unicaráter sob modelo animal, pelo método da Amostragem de Gibbs, disponível no software MTGSAM (Multiple Trait using Gibbs Sampler under Animal Model), desenvolvido por Van Tassel e Van Vleck (1996), adaptado e adotado para calcular as distribuições das médias posteriores por meio de amostras e estimativas posteriores dos componentes de variância gerados pela cadeia de Gibbs.

As análises, considerando uma única característica separadamente (unicarater), foram realizadas considerando um modelo animal, conforme o modelo matricial descrito a seguir:

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{Z} \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{e}$$

Como efeitos aleatórios, foram consideradas as contribuições dos efeitos diretos, considerando y como sendo o vetor das variáveis dependentes ($n \times 1$); X a matriz de incidência que associa β com y ; β o vetor dos “efeitos fixos” ($r \times 1$); Z a matriz de incidência que associa a com y ; a representando o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos ($r \times 1$); e e o vetor de resíduos. Dessas definições, considera-se que:

$$E(y) = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} e \text{ Var} \begin{bmatrix} u & A\sigma_{\mu}^2 \\ a & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que: σ_u^2 e σ_e^2 são as variâncias para os efeitos genéticos aditivos diretos e residuais, respectivamente; A é o numerador da matriz de parentesco entre os animais; e I é a matriz identidade apropriada.

Uma vez que os parâmetros são criados, o procedimento iterativo é repetido inúmeras vezes, criando uma cadeia de amostras aleatórias da distribuição posterior marginal. As estimativas das médias posteriores para os componentes de variância são baseados no valor esperado das distribuições de Wishart invertidas (IW), para todas as variáveis aleatórias (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1996).

Tem-se, então, que a média posterior de um componente de variância é calculada como sendo a média dos valores esperados em toda a cadeia, após o período de descarte das amostras iniciais. As estimativas das médias posteriores para as herdabilidades são calculadas como as médias das funções usando os componentes de variância em cada ciclo de Amostragem de Gibbs após o descarte das amostras iniciais.

O MTGSAM foi usado para calcular as médias posteriores dos componentes de variância obtidas a partir das amostras da cadeia de Gibbs, bem como estimar herdabilidades e o valor genético dos animais.

Neste estudo, foram consideradas as distribuições a priori ou iniciais para β como sendo não informativas, ou seja, sem conhecimento prévio dos parâmetros do modelo. Para o cálculo dos componentes de variância, foram usadas as distribuições de Wishart invertidas (IW). As distribuições iniciais IW para os componentes de variância foram consideradas mutuamente independentes. A densidade de Wishart descreve a distribuição das somas de quadrados e produtos cruzados das variáveis aleatórias com distribuição normal. Em casos de modelos unicaracteres, como o usado neste estudo, isso corresponde a uma distribuição de qui-quadrado invertida (MAGNABOSCO, 1997; MAGNABOSCO et al., 2001).

Admitiu-se uma distribuição inicial tendendo ao infinito, que significa a suposição de nenhum conhecimento inicial ou a priori desses efeitos, para os valores iniciais dos componentes de variância, para GMD112 e PC426; e para AOL, EG e P8 foram utilizados valores encontrados por Barbosa (2005). A implementação da Amostragem de Gibbs foi realizada utilizando vários tamanhos de cadeia (TC) de 50.000 a 2.400.000 ciclos, variando para cada análise até a convergência. Nas análises finais, foram utilizados tamanhos de cadeia (TC) de, no mínimo, 1.200.000 ciclos, com período de descarte amostral (k) de 10.000 ciclos e um intervalo amostral de 1.000 ciclos, gerando de 1.190 a 2.390 amostras de médias posteriores dos componentes de variância, de acordo com a análise implementada. O valor do critério de convergência para a obtenção das soluções das equações de modelo misto (MME) pelo método Iterativo de Gauss Seidel (IGS) foi de 10⁻⁹.

O arquivo de dados foi o mesmo utilizado para as análises no SAS, retirando-se as variáveis que não apresentaram efeito significativo, definindo, assim, um modelo final para cada característica analisada.

O modelo proposto inclui um a dois “efeitos fixos” para as características GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova) e EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e um “efeito fixo” para PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo, cm²) e P8 (Espessura de gordura na garupa, mm). Para GMD112, foram usados três modelos: GMD112Ano (tendo como “efeito fixo” ano da prova de ganho em peso), GMD112AnoCSN3 (ano e o loco STR CSN3) e GMD112AnoBM2113 (ano e o loco STR BM2113); para EG, foram usados dois modelos: EGAno (ano) e EGAnoSPS115 (ano e o loco STR SPS115); e, para PC426Ano, AOLAno e P8Ano, foi usado apenas um modelo com o “efeito fixo” ano.

Resultados e Discussão

Características de crescimento e carcaça

As análises preliminares de variância para verificação da consistência dos arquivos de dados e definição do modelo linear a ser utilizado, para

todas as características, permitiram o cálculo de médias, quadrado médio (QM), coeficiente de variação (CV), valores do teste F (F), significância do teste F e coeficiente de determinação (R^2) para o modelo completo, que estão apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2. Médias, quadrado médio (QM), coeficiente de variação (CV), valores do teste F (F), significância do teste F e coeficiente de determinação (R^2), para o modelo utilizando todas as variáveis.

Característica	Média	QM	CV	F	P	R2
GMD112	1100,77	40236,74	13,75	1,76	0,002	0,50
PC426	341,32	3600,63	14,37	1,50	0,02	0,46
AOL	56,93	195,57	14,25	2,97	<,0001	0,73
EG	2,25	1,52	29,17	3,52	<,0001	0,76
P8	3,89	3,54	28,72	2,83	<,0001	0,72

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo, cm^2), EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e P8 (Espessura de gordura na garupa, mm).

Essas análises demonstraram que existem poucas relações significativas para as características estudadas (Tabela 3).

Tabela 3. Resumo do quadro de análise de variância, para o modelo completo.

Variável	FV	GL	QM	F	P
GMD112	Ano	2	358348,53	15,64	<,0001
	Mês	3	25822,628	1,13	0,3405
	Idade	3	14822,350	0,65	0,5862
	CSN3	5	35318,424	1,54	0,1809
	BM1824	13	20922,420	0,91	0,5413
	SPS115	21	17575,703	0,77	0,755
	BM2113	18	34371,784	1,50	0,0985
	ETH225	12	11852,020	0,52	0,9009
PC426	Ano	2	48932,72	20,35	<,0001
	Mês	3	2657,588	1,11	0,3493
	Idade	3	1025,268	0,43	0,7345
	CSN3	5	257,444	0,11	0,9906

Tabela 3. Continuação.

Variável	FV	GL	QM	F	P
	BM1824	13	1704,209	0,71	0,7525
	SPS115	21	1297,278	0,54	0,9493
	BM2113	18	1812,288	0,75	0,7502
	ETH225	12	1871,481	0,78	0,6721
AOL(cm ²)	Ano	1	2739,80	41,63	<,0001
	Mês	3	31,328	0,48	0,6999
	Idade	3	10,214	0,16	0,9261
	CSN3	4	7,366	0,11	0,978
	BM1824	12	87,835	1,33	0,2163
	SPS115	19	59,205	0,90	0,5847
	BM2113	18	80,931	1,23	0,2593
	ETH225	11	113,280	1,72	0,0837
EG(cm)	Ano	1	25,40	58,90	<,0001
	Mês	3	0,627	1,450	0,2334
	Idade	3	0,155	0,360	0,7829
	CSN3	4	0,496	1,150	0,3398
	BM1824	12	0,679	1,570	0,1168
	SPS115	19	0,734	1,700	0,0536
	BM2113	18	0,639	1,480	0,1193
	ETH225	11	0,499	1,160	0,3307
P8(cm)	Ano	1	68,03	54,38	<,0001
	Mês	3	1,433	1,15	0,3363
	Idade	3	0,294	0,24	0,8716
	CSN3	4	0,757	0,61	0,6601
	BM1824	11	0,914	0,73	0,7062
	SPS115	19	0,726	0,58	0,9096
	BM2113	18	1,214	0,97	0,5016
	ETH225	11	1,480	1,18	0,3127

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo, cm²), EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e P8 (Espessura de gordura na garupa, mm), ano (ano da prova de ganho em peso), mês (mês de nascimento do animal), idade (idade da vaca ao parto) e os locos CSN3, BM1824, SPS115, BM2113 e ETH225), grau de liberdade (GL), quadrado médio (QM), valores do teste F (F) e significância do teste F (P).

O efeito de ano da prova foi o único significativo ($P \leq 0,05$) para todas as características consideradas, apresentando valor para o teste F ($P < 0,0001$), bem superior aos encontrados para os outros efeitos (Tabela 3).

Suas médias, valores mínimos e máximos estão apresentados na Fig. 1.

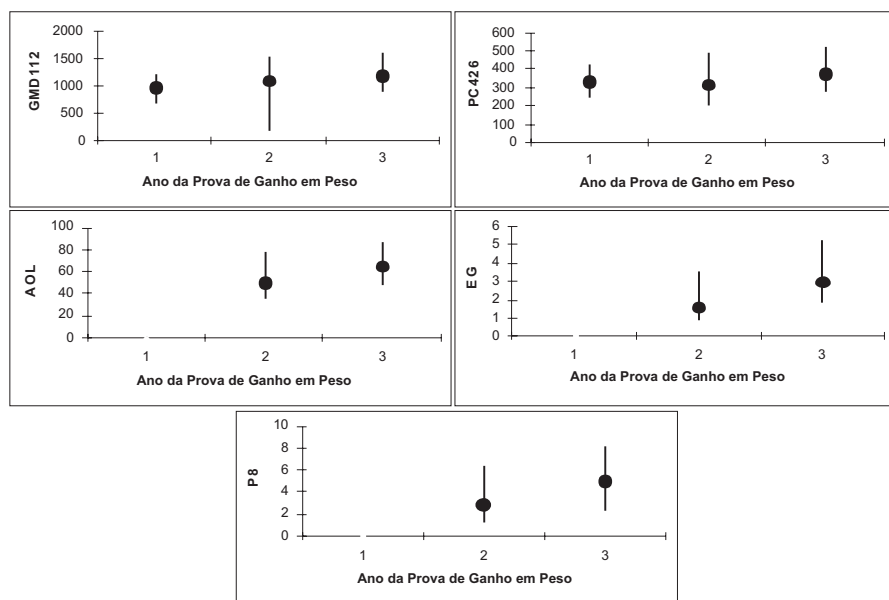


Fig. 1. Médias, valores mínimos e máximos para as características: GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo, cm²), EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e P8 (Espessura de gordura na garupa, mm), considerando o ano das três provas de ganho em peso.

Neste estudo, o efeito da idade da vaca ao parto não foi significativo para as características avaliadas. Souza et al. (2005) e Brito et al. (2001) também não encontraram efeito significativo da idade da vaca ao parto para ganho de peso diário, EG e P8 em bovinos da raça Nelore, entretanto Yokoo (2005) verificou efeito significativo de idade da vaca ao parto para estas características de carcaça (AOL, EG e P8).

na raça Nelore. Segundo Cardoso et al. (2004), o período pós-desmama é uma fase importante na avaliação genética de bovinos de corte por corresponder a um período próximo ao produto final e por melhor representar o ambiente de criação, não sendo diretamente influenciado por efeitos maternos.

As características GMD112, AOL e EG apresentaram efeitos significativos a 0,20 (P 0,20), assim, considerando apenas essas características, foram efetuadas novas análises de variância, com modelos diferentes para cada uma delas (Tabela 4). As características PC426 e P8 só foram significativas para o efeito de ano, assim, o modelo não foi modificado.

Tabela 4. Nível de significância das características de crescimento e carcaça para os efeitos idade da vaca, ano da prova, mês (mês de nascimento do animal) e os locos CSN3, BM1824, SPS115, BM2113 e ETH225, sendo S (significativo, $P \leq 0,05$), MS+ ($0,05 < P \leq 0,15$), MS- ($0,15 < P \leq 0,20$) e NS (não significativo $P > 0,20$).

Característica	Ano	Mês	Id. da vaca	CSN3	BM1824	SPS115	BM2113	ETH225
GMD112	S	NS	NS	MS-	NS	NS	MS+	NS
PC426	S	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
AOL	S	NS	NS	NS	MS-	NS	NS	MS+
EG	S	NS	NS	NS	MS+	S	MS+	NS
P8	S	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo, cm²), EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e P8 (Espessura de gordura na garupa, mm).

Na Tabela 5, são apresentadas as médias, quadrado médio (QM), coeficiente de variação (CV), valores do teste F (F), significância do teste F e coeficiente de determinação (R²) para o modelo com as características que apresentaram efeito de loco significativo.

Das três características apresentadas na Tabela 5, apenas o GMD112 apresentou efeito de loco significativo (Tabela 6), com um coeficiente de determinação maior para o novo modelo ($R^2 = 0,53$) (Tabela 2).

Para AOL e EG, os efeitos fixos de locos, incluídos no novo modelo continuaram não apresentando efeito significativo ($P \leq 0,05$). Assim foi adotado o modelo completo que apresentou um maior coeficiente de determinação para essas duas características (Tabela 2 e Tabela 5). Para AOL, apenas o efeito de ano foi significativo ($F = 41,63$, $P < 0,0001$); e para EG, os efeitos ano ($F = 58,90$, $P < 0,0001$) e loco SPS115 ($F = 1,7$, $P = 0,05$) (Tabela 3).

Tabela 5. Médias, quadrado médio (QM), coeficiente de variação (CV), valores do teste F (F), significância do teste F e coeficiente de determinação (R^2), para o modelo utilizando as variáveis que apresentaram efeito significativo para as características de crescimento e carcaça.

Características	Média	QM	CV	F	P	R^2
GMD112	1100,8	59791	12,35	3,24	<,0001	0,53
AOL	56,93	254,5	14,41	3,78	<,0001	0,64
EG	2,25	2,0	28,73	4,78	<,0001	0,71

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), AOL (Área de olho de lombo, cm^2) e EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm).

Tabela 6. Resumo do quadro de análise de variância apresentando as variáveis GMD112, AOL e EG, fonte de variação (FV – ano e os locos CSN3, BM1824, SPS115, BM2113 e ETH225), grau de liberdade (GL), quadrado médio (QM), valores do teste F (F) e significância do teste F (P).

Variável	FV	GL	QM	F	P
GMD112	Ano	2	548.130,6	29,66	<,0001
	CSN3	5	45.806,75	2,48	0,0341
	BM2113	18	49.645,1	2,69	0,0005
AOL	Ano	1	6.058,1	89,99	<,0001
	BM1824	12	85,89	1,28	0,2443
	ETH225	11	74,05	1,1	0,369
EG	Ano	1	41.591	99,43	<,0001
	BM1824	12	0,617	1,47	0,1466
	SPS115	19	0,643	1,54	0,0892
	BM2113	18	0,637	1,52	0,0975

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), AOL (Área de olho de lombo, cm^2) e EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm).

Apesar de a amostra estudada ser pequena, não se pode garantir que o aumento do número de animais resulte em efeito significativo dos genótipos para as características avaliadas.

Esses resultados mostram que os locos CSN3 e BM2113 podem estar associados à característica GMD112. Para o loco BM2113, Schrooten et al. (2000) encontraram possível associação com produção de leite. Para o loco CSN3, Velmala et al. (1999) e Mosig et al. (2001) encontraram possíveis associações com características de produção de leite. Tambasco et al. (2003) não encontraram associação significativa entre a kappa-caseína com características de produção, utilizando outro tipo de marcador (RFLP). Essas possíveis associações podem ter ocorrido ocasionalmente, ou seja, pela presença de QTLs nos mesmos cromossomos, perto dos locos analisados. Na literatura consultada, foram encontradas associações significativas entre características de crescimento e carcaça para os cromossomos em que estão os locos analisados: cromossomo 2 (GROZ; MACNEIL, 2001); cromossomo 6 (CASAS et al., 2000); cromossomo 15 (KEELE et al., 1999); cromossomos 1 e 2 (STONE et al., 1999); cromossomos 1, 2, 6, 9 e 15 (CASAS et al., 2003b); cromossomos 1 e 2 (CASAS et al., 2003a); cromossomos 1, 2 e 6 (KIM et al., 2003); cromossomos 2 e 6 (SCHROOTEN et al., 2000).

Para as características que apresentaram efeito significativo ($P \leq 0,05$), realizou-se a comparação entre as médias, por meio do teste Tukey. Como as médias com mesmas letras não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey, houve pouca diferença significativa entre as médias, que deve ter ocorrido pelo desbalanceamento nos dados, pois alguns genótipos apresentaram baixa frequência, enquanto outros, num mesmo loco, apresentaram alta frequência. Na Tabela 7, verifica-se que essas informações, em alguns casos, foram obtidas de apenas um animal, sugerindo que esses dados desbalanceados podem estar influenciando os resultados, positiva ou negativamente, sendo necessários maiores estudos com uma maior quantidade de animais, assim como, com dados menos desbalanceados para testar melhor a existência de associações dessas características em estudo com os locos analisados.

Tabela 7. Comparação de médias utilizando o teste Tukey, para as características GMD112 (ganho médio diário em 112 dias) para os locos CSN 3 e BM2113 e EG (espessura de gordura) para o loco SPS115, sendo N a quantidade de animais com cada genótipo.

Características	Genótipos	N	Média
GMD112 _{CSN3}	44	6	1186,17 ^a
	22	114	1122,11 ^a
	24	68	1090,59 ^{ab}
	34	6	1046,00 ^{ab}
	23	23	1028,83 ^{ab}
	14	1	830,00 ^b
GMD112 _{BM2113}	33	1	1357 ^a
	36	1	1250 ^{ab}
	22	8	1176,4 ^{ab}
	45	4	1172 ^{ab}
	15	19	1160,2 ^{ab}
	66	2	1151,5 ^{ab}
	26	9	1144,9 ^{ab}
	24	8	1133 ^{ab}
	55	25	1117,2 ^{ab}
	16	1	1116 ^{ab}
	46	1	1116 ^{ab}
	35	24	1101,9 ^{ab}
	25	41	1095,6 ^{ab}
	23	22	1091,3 ^{ab}
	12	13	1079,7 ^{ab}
	13	13	1060,5 ^{ab}
	34	12	1052,8 ^{ab}
	56	6	1006,2 ^{ab}
	11	8	939,6 ^b
EG _{SPS115}	17	2	3,855 ^a
	13	2	3,215 ^{ab}
	33	1	3,14 ^{ab}
	55	1	3,10 ^{ab}

Continua...

Tabela 7. Continuação.

Características	Genótipos	N	Média
EG _{SPS115}	27	3	2,7033 ^{ab}
	16	7	2,6129 ^{ab}
	46	6	2,6083 ^{ab}
	26	6	2,38 ^{ab}
	35	3	2,3767 ^{ab}
	57	5	2,346 ^{ab}
	14	1	2,24 ^{ab}
	66	43	2,2363 ^{ab}
	36	10	2,215 ^{ab}
	37	3	2,210 ^{ab}
	77	4	2,105 ^{ab}
	67	36	2,0797 ^{ab}
	56	12	1,9658 ^{ab}
	23	1	1,8 ^{ab}
	47	2	1,77 ^{ab}
	25	2	1,35 ^b

Estimativas de componentes de variância

Os resultados obtidos contemplando as médias, desvio-padrão, coeficiente de variação, valores mínimos e máximos das características de crescimento e carcaça estão descritos na Tabela 8.

Tabela 8. Estatística descritiva das características de crescimento e carcaça, sendo DP (desvio padrão) e CV (coeficiente de variação em %).

Características	Média	DP	CV %	Mínimo	Máximo
GMD112	1100,77	170,7	15,51	179,00	1616,00
PC426	341,32	53,2	15,60	206,00	527,00
AOL	56,93	11,28	19,81	36,10	87,32
EG	2,25	0,97	43,28	0,90	5,23
P8	3,89	1,53	39,28	1,30	8,06

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo, cm²), EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e P8 (Espessura de gordura na garupa, mm) para as análises unicarater.

As características GMD112 e PC426 são padronizadas pelo regulamento da ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu) para provas de ganho em peso em confinamento (JOSAHKIAN, 2000), não tendo sido encontrados na literatura revisada mais trabalhos contemplando essas características. No entanto, elas podem ser comparadas com outras características de crescimento pós desmama como P365, P450 e P550, por apresentarem alta correlação genética para os efeitos genéticos diretos.

Foram encontradas estimativas de correlação genética positiva e de alta magnitude, variando de 0,81 a 0,98, para os efeitos genéticos diretos entre os vários pesos pós-desmame (MAGNABOSCO, 1997; NOBRE et al., 2003; SIQUEIRA et al., 2003; MERCADANTE et al., 2004; PAZ et al., 2004; SILVA, 2004).

Na literatura são poucas as informações que permitem uma grande comparação com os resultados encontrados neste estudo para as características AOL, EG e P8. Figueiredo (2001), estudando animais da raça Nelore, com idade média de 17 meses, encontrou médias de 42,57 cm² e 2,41 mm, para as medidas de AOL e EG, respectivamente.

Esses valores estão superiores aos relatados por Yokoo (2005) para as médias de AOL, EG e P8, cujo coeficiente de variação em bovinos da raça Nelore encontra-se inferior ao deste estudo. Os coeficientes de variação encontrados para as características EG e P8 se apresentaram relativamente altos, 43,28 e 39,28, respectivamente. Assim, pode-se inferir que realmente, na raça Nelore e em outras raças zebuínas, conforme mencionado por Figueiredo (2001), devido à gordura de cobertura apresentar menor espessura, a tendência é que haja maiores erros na medição, o que possivelmente aconteça em menor frequência em taurinos. É sugerido, dessa maneira, o desenvolvimento de equipamentos mais sensíveis para avaliação de bovinos com menor espessura de gordura.

Avaliando a espessura de gordura (EG) e espessura de gordura na garupa (P8), as médias observadas foram de 2,25 mm e 3,89 mm, respectivamente. É necessário proceder a uma seleção baseada nessas características considerando que, para abate, exige-se que a carcaça

tenha de 4 mm a 5 mm de gordura de cobertura. A Tabela 16 mostra que existem animais que alcançam o requisito mínimo de peso e espessura de gordura para abate, demonstrando também que existem indícios de uma variabilidade genética nos animais, que permitirá a seleção para essas características.

Razook et al. (2001) encontraram valores próximos aos estimados neste estudo para média ($6,7\pm1,7$; $68,5\pm7,7$ e $937,6\pm158,4$) e coeficiente de variação (25,8; 11,3 e 16,9), respectivamente para as características EG, AOL e GMD114 dias, em animais de raças zebuínas e da raça Caracu, com uma grande diferença na média de EG, que deve ter ocorrido por ser medida diretamente na carcaça do animal e não por ultrassonografia, como neste trabalho.

Na Tabela 9, mostra-se um resumo descritivo das características estudadas, no MTGSAM, apresentando as médias e porcentagem de cada característica para cada classe (ano da prova e genótipo dos animais) analisada.

Tabela 9. Descrição dos dados para as equações do modelo misto no GS, das características de crescimento e carcaça, sendo N o número de observações dentro de cada classe (ano da prova ou genótipo dos animais).

Características	Classes	N	% de N	Média
GMD112 _{Ano}	1	56	25,69	975,96
	2	82	37,61	1.103,80
	3	80	36,70	1.185,10
PC426 _{Ano}	1	56	25,69	331,07
	2	82	37,61	317,89
	3	80	36,70	372,51
AOL _{Ano}	2	81	53,64	49,60
	3	70	46,36	65,41
EG _{Ano}	2	80	53,33	1,62
	3	70	46,67	2,98
P8 _{Ano}	2	78	52,70	2,86
	3	70	47,30	5,04
GMD112 _{CSN3}	14	1	0,46	830,00
	22	114	52,29	1.122,10
	23	23	10,55	1.028,80
	24	68	31,19	1.090,60
	34	6	2,75	1.046,00
	44	6	2,75	1.186,20

Continua...

Tabela 9. Continuação.

Características	Classes	N	% de N	Média
GMD112 _{BM2113}	11	8	3,67	939,63
	12	13	5,96	1.079,70
	13	13	5,96	1.060,50
	15	19	8,72	1.160,20
	16	1	0,46	1.116,00
	22	8	3,67	1.176,40
	23	22	10,09	1.091,30
	24	8	3,67	1.133,00
	25	41	18,81	1.095,60
	26	9	4,13	1.144,90
	33	1	0,46	1.357,00
	34	12	5,50	1.052,80
	35	24	11,01	1.101,90
	36	1	0,46	1.250,00
	45	4	1,83	1.172,00
	46	1	0,46	1.116,00
	55	25	11,47	1.117,20
	56	6	2,75	1.006,20
	66	2	0,92	1.151,50
EG _{SPS115}	13	2	1,33	3,22
	14	1	0,67	2,24
	16	7	4,67	2,61
	17	2	1,33	3,86
	23	1	0,67	1,80
	25	2	1,33	1,35
	26	6	4,00	2,38
	27	3	2,00	2,70
	33	1	0,67	3,14
	35	3	2,00	2,38
	36	10	6,67	2,22
	37	3	2,00	2,21
	46	6	4,00	2,61
	47	2	1,33	1,77
	55	1	0,67	3,10
	56	12	8,00	1,97
	57	5	3,33	2,35
	66	43	28,67	2,24
	67	36	24,00	2,08
	77	4	2,67	2,11

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias), PC426 (Peso calculado aos 426 dias), AOL (Área de olho de lombo), EG (Espessura de gordura) e P8 (Espessura de gordura na garupa).

Além do efeito de ano da prova, foram conduzidas análises para os genótipos que apresentaram efeito significativo ao nível de 5 %,

utilizando o aplicativo MTGSAM para cálculo dos componentes de variância e herdabilidade. Utilizando o MTGSNRM, foi estimado o coeficiente de endogamia dos 1.546 animais, com uma estimativa de 0,05. Desses 1.546 animais, somente 112 eram endogâmicos. Esse nível de endogamia encontrado pode ser considerado baixo para esses animais, possivelmente devido à sua origem, pois são provenientes de vários rebanhos. Esse valor encontrado foi bem próximo ao encontrado nas análises dos locos utilizados neste estudo, que foi de 0,04, sugerindo que a baixa correlação entre a similaridade genética e o parentesco não influenciou no valor da endogamia dos animais como um todo (Tabela 10).

Tabela 10. Número de indivíduos (n), número de alelos observados (na), Heterozigosidade esperada (He), Heterozigosidade observada (Ho) e o índice de fixação médio (f), considerando as duas raças separadamente, nos programas POPGEN e GDA.

Raças	n	na	He	Ho	f
Nelore	218	6,2	0,60	0,57	0,04
Tabapuã	25	5,6	0,69	0,74	-0,06

A endogamia é o sistema de acasalamento entre indivíduos parentes, isto é, que tenham pelo menos um ancestral em comum, tendo como principal efeito genético o aumento da homozigose e, consequentemente, diminuição da heterozigose, alterando, assim, a frequência genotípica com produção de indivíduos mais uniformes, e diminuição da variação genética, podendo levar a sérios problemas reprodutivos e produtivos, provocados pela “depressão endogâmica” (FALCONER, 1987).

Na literatura, é frequente a constatação da influência significativa da endogamia do animal nas características de crescimento, avaliadas pelo peso do indivíduo em diferentes idades (QUEIROZ et al., 2000; SHIMBO, et al., 2000; SCHENKEL et al., 2002). Acima de certos níveis, a endogamia tem sido registrada como deterioradora do rebanho, do vigor e do crescimento dos animais, ocasionando, ainda, diminuição no desempenho reprodutivo (QUEIROZ et al., 2000; SHIMBO, et al., 2000). QUEIROZ et al. (2000) encontraram efeito de

depressão endogâmica sobre peso ao ano para endogamia acima de 19, 5 % em animais da raça Gir.

Nas análises unicarater sob modelo animal utilizando o MTGSAM para as características estudadas, foram utilizados três modelos para GMD112 – GMD112Ano (tendo como “efeito fixo” ano da prova de ganho em peso), GMD112AnoCSN3 (ano e o loco CSN3) e GMD112AnoBM2113 (ano e o loco BM2113); dois modelos para EG – EGAno (ano) e EGAnoSPS115 (ano e o loco SPS115); e para PC426Ano, AOLAno e P8Ano, foi testado apenas um modelo com o “efeito fixo” ano.

Para a obtenção das estimativas dos componentes de variância e herdabilidades, foram realizadas análises utilizando o esquema de cadeia longa com intuito de avaliar as densidades posteriores obtidas a partir de amostras de cadeia de Gibbs. Foi utilizada uma distribuição flat ou achatada (não refletindo nenhum conhecimento inicial do parâmetro estudado $v=0$), para os parâmetros que definem a forma de distribuição inicial. Para os valores iniciais das variâncias, foram utilizados valores obtidos de forma arbitrária para GMD112 e PC426 e valores encontrados por Barbosa (2005) em pesquisa com a raça Nelore utilizando dados de regime extensivo para AOL, EG e P8.

Foi definida a seguinte implementação: tamanho de cadeia de Gibbs variando de 1.200.000 a 2.400.000 ciclos; período de descarte amostral de 10.000 ciclos iniciais; intervalo de utilização amostral a cada 1.000 ciclos, gerando 1.190 a 2.390 amostras das médias posteriores dos componentes de variância das características de crescimento e carcaça, em análises unicarater, no aplicativo MTGSAM.

As análises bayesianas permitiram estimar as densidades marginais posteriores dos parâmetros genéticos e, com essas densidades, pode-se visualizar os erros nas estimativas desses parâmetros, tornando-as mais acuradas (MAGNABOSCO, 1997; BARBOSA, 2005).

Os resultados que serão apresentados foram obtidos quando a convergência foi alcançada nas densidades posteriores para os componentes de variância e herdabilidade. Para verificar a

convergência, uma alternativa é produzir amostras ou estimativas de distribuição dos parâmetros de várias cadeias e compará-las. A partir do momento em que as amostras, ou médias posteriores dessas estimativas forem aproximadamente iguais, pode-se considerar que a convergência foi alcançada (Fig. 2).

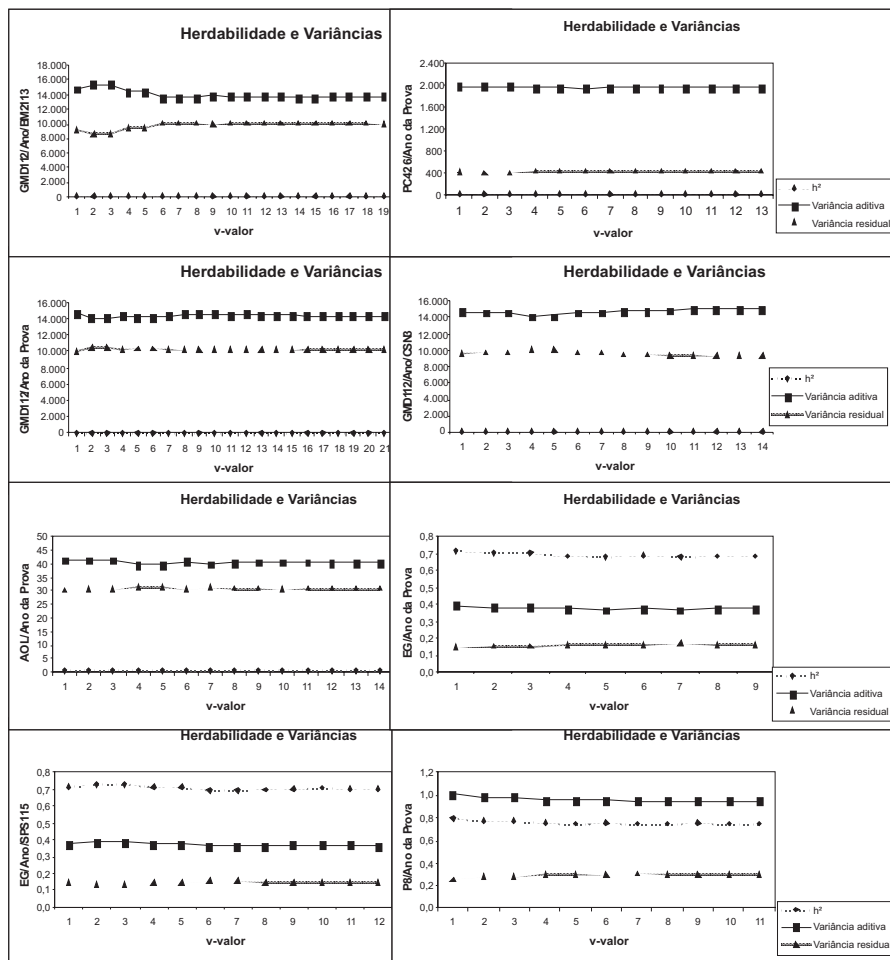


Fig. 2. Valores estimados para os componentes de variância genética aditiva (σ^2_a), residual (σ^2_e) e de herdabilidade das características GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo), EG (Espessura de gordura) e P8 (Espessura de gordura na garupa) a partir das análises unicarater, obtidas pelo método da amostragem de Gibbs.

Os resultados das estimativas de componentes de variância e herdabilidade direta, para as características de crescimento e carcaça, obtidos em análises unicarater, pela Amostragem de Gibbs, são apresentadas na Tabela 11.

Tabela 11. Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) e de herdabilidade das características de crescimento e carcaça a partir das análises unicarater, obtidas pelo método da amostragem de Gibbs.

Características	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
GMD112 _{Ano}	14.354,25	10.352,23	24.706,48	0,57
GMD112 _{AnoCSN3}	15.090,05	9.345,26	24.435,31	0,61
GMD112 _{AnoBM2113}	13.770,36	10.063,12	23.833,49	0,57
PC426 _{Ano}	1.959,98	436,05	2.396,04	0,81
AOL _{Ano}	40,36	31,32	71,68	0,55
EG _{Ano}	0,37	0,16	0,54	0,69
EG _{AnoSPS115}	0,37	0,15	0,52	0,70
P8 _{Ano}	0,95	0,31	1,25	0,75

GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias da prova), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo, cm²), EG (Espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e P8 (Espessura de gordura na garupa, mm)

A inclusão dos locos não apresentou uma influência que alterasse a magnitude dos efeitos de variância, mostrando que a inclusão dos genótipos pouco ou nada alterou os valores encontrados para os componentes de variância e herdabilidade, analisando os diferentes modelos utilizados para a mesma característica. Para testar se esses diferentes modelos estavam modificando os valores genéticos de cada animal, foi realizada uma correlação entre os três modelos utilizados para a características GMD112 e os dois modelos utilizados para EG, mostrando que estes modelos estão altamente correlacionados e que a inclusão dos locos não afetou as estimativas dos valores genéticos nos animais, para as características estudadas. Os valores encontrados foram 0,98 entre GMD112Ano e GMD112AnoCSN3; 0,94 entre GMD112Ano e GMD112AnoBM2113; 0,93 entre GMD112AnoCSN3 e GMD112A; e 0,92 entre EGAno e EGAnoSPS115.

Nas estimativas de herdabilidade, são esperadas diferenças de magnitude, uma vez que a herdabilidade é um parâmetro populacional, podendo sofrer alterações em consequência da seleção, mudanças no manejo, e outros fatores, além de ser influenciada por métodos e modelos de estimação (YOKOO, 2005). Esse autor encontrou coeficientes de herdabilidade para as características AOL, EG e P8 de 0,29, 0,50 e 0,39, respectivamente, utilizando o aplicativo MTDFREML, sendo menores que os valores encontrados neste estudo.

Barbosa (2005) estimou coeficientes de herdabilidade para as características AOL, EG e P8 de 0,64, 0,41 e 0,65, respectivamente, utilizando o aplicativo MTGSAM, sendo próximos aos valores encontrados neste estudo, exceto para EG. Nesse estudo, verifica-se que as estimativas de herdabilidade obtidas para AOL (0,55), EG (0,69) e P8 (0,75) apresentaram valores, na maioria das vezes, superior aos verificados na literatura com raças taurinas e zebuínas.

As características de carcaça estudadas são de grande importância para melhorar o desempenho produtivo de animais da raça Nelore. A área de olho do lombo e a espessura de gordura subcutânea são características altamente relacionadas aos cortes desossados de carcaças bovinas (YOKOO, 2005).

De maneira geral, os valores de herdabilidade encontradas para as características de crescimento, neste estudo, foram bem superiores aos valores encontrados na literatura (Tabela 12).

No entanto, Ribeiro et al. (2001), utilizando o aplicativo Mtdfreml, e Machado et al. (1999), utilizando máxima verossimilhança, encontraram estimativas de h^2_d superiores, mais próximas às encontradas neste estudo de 0,76 e 0,73, respectivamente, para P550 dias, analisando informações de animais da raça Nelore. Golçalves et al. (2000) encontraram h^2_d de 0,47 para ganho de peso em 112 dias, próximo ao encontrado neste estudo, que variou de 0,57 a 0,61, porém, utilizando metodologias diferentes.

Tabela 12. Estimativas de herdabilidade para características de crescimento pós-desmama, encontradas na literatura, utilizando diferentes métodos de análise, em diferentes raças.

Características	Estimativa	Método	Raças	Autores
P365	0,26 a 0,31	GS	Nelore	MAGNABOSCO et al., 2000
	0,49	GS	Nelore	FARIA, 2003
	0,35 a 0,49	REML	Nelore	TORAL et al., 2004
P378	0,58	REML	Nelore	GONÇALVES et al., 2000
	0,53	REML	Nelore	CYRILLO et al., 2001
P450	0,49	REML	Nelore	DIAS, 2001
	0,52	GS	Nelore	FARIA, 2003
P455	0,34 a 0,48	REML	Nelore	BITTENCOURT et al., 2002
	0,51	REML	Nelore	SIQUEIRA et al., 2003
P550	0,35 a 0,38	GS	Nelore	MAGNABOSCO et al., 2000
	0,38 a 0,48	REML	Nelore	MARCONDES et al., 2002
	0,30 a 0,45	REML	Nelore	TORAL et al., 2004
Peso ao sobreano	0,29 a 0,32	REML	Nelore	FIGUEIREDO, 2001
GP345	0,21 a 0,30	REML	Nelore	FIGUEIREDO, 2001
	0,27	REML	Nelore	VAN MELIS et al., 2003
	0,29	R	Nelore	VAN MELIS et al., 2003

P365, P378, P450, P455 e P550 (Pesos aos 365, 378, 450, 455 e 550 dias de idade), GP345 e GP550 (ganho de peso em 345 e 550 dias), REML (Método de Máxima Verossimilhança Restrita), GS (Método Gibbs Sampling), R (Método R).

Os resultados obtidos neste estudo pelo método GS são consistentes, considerando outros trabalhos que também utilizaram a mesma metodologia (MAGNABOSCO, 1997; MAGNABOSCO et al., 2000; MAGNABOSCO et al., 2001; FARIA, 2003; BARBOSA, 2005). Assim, considerando as estimativas de herdabilidade obtidas neste estudo, existem suficiente, informações para afirmar que essas características são passíveis de seleção e, dessa forma, podem ser indicadas como critérios de seleção em modernos programas de melhoramento genético da raça Nelore.

Na Tabela 13, são apresentados as medidas de tendência central (média e mediana), variâncias das amostras, desvios-padrão e intervalos de confiança.

Tabela 13. Estatística descritiva dos componentes de variância e de herdabilidade para GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo), EG (Espessura de gordura) e P8 (Espessura de gordura na garupa), obtidos a partir de análises unicarateres.

Características		Média	DP	Mediana	σ^2_k	IC
GMD112 _{Ano}	σ^2a	14.426,19	6.945,30	14.264,15	48.237.230,47	13.504,21-15.348,16
	σ^2e	10.375,12	5.940,33	10.253,60	35.287.485,55	9.586,56-11.163,69
	h^2	0,57	0,25	0,58	0,06	0,54-0,61
GMD112 _{AnoCSN3}	σ^2a	15.058,08	6.504,67	15.026,85	42.310.778,35	14.194,59-15.921,56
	σ^2e	9.293,12	5.602,20	9.068,05	31.384.610,04	8.549,44-10.036,80
	h^2	0,61	0,24	0,62	0,06	0,58-0,64
GMD112 _{AnoBMC213}	σ^2a	13.700,55	6.668,81	13.173,17	44.473.028,05	12.815,28-14.585,82
	σ^2e	10.074,57	5.792,42	10.194,02	33.552.086,01	9.305,64-10.843,50
	h^2	0,57	0,25	0,56	0,06	0,53-0,60
PC426 _{Ano}	σ^2a	1.963,37	481,55	2.016,14	231.889,60	1.899,44-2.027,29
	σ^2e	439,27	387,87	342,74	150.444,20	387,79-490,76
	h^2	0,81	0,17	0,86	0,03	0,79-0,84
AOL _{Ano}	σ^2a	39,81	20,31	37,40	412,41	36,57-43,05
	σ^2e	31,32	17,66	32,22	311,91	28,50-34,13
	h^2	0,55	0,25	0,54	0,06	0,51-0,59
EG _{Ano}	σ^2a	0,37	0,14	0,36	0,02	0,34-0,39
	σ^2e	0,16	0,12	0,15	0,01	0,14-0,18
	h^2	0,68	0,23	0,71	0,05	0,65-0,72
EG _{AnoSPS115}	σ^2a	0,37	0,14	0,38	0,02	0,34-0,39
	σ^2e	0,15	0,12	0,13	0,01	0,13-0,17
	h^2	0,70	0,24	0,75	0,06	0,66-0,74
P8 _{Ano}	σ^2a	0,93	0,30	0,95	0,09	0,88-0,98
	σ^2e	0,31	0,25	0,27	0,06	0,27-0,35
	h^2	0,74	0,21	0,79	0,04	0,71-0,78

σ^2k (variância das amostras), DP (Desvio-padrão) e IC (intervalos de confiança)

O método GS possibilita a obtenção de distribuições posteriores para as variâncias e parâmetros genéticos estudados. Para as estimativas pontuais, são apresentados os valores estimados para as médias e medianas dos parâmetros das características de crescimento e carcaça, obtidas das densidades posteriores dos componentes de variância e herdabilidade, em análises unicaracteres, observando que estas estimativas, de média e mediana, para os componentes de variância e herdabilidade apresentaram-se semelhantes, conforme esperado em distribuições marginais posteriores, que tendem a uma distribuição normal.

Os valores de variância das amostras (σ^2_k) e desvios-padrão observados foram bem mais altos para todas as características, em especial quando comparados com os trabalhos de Faria (2003), para a característica peso calculado e de Barbosa (2005), para as características de carcaça (AOL, EG e P8). Neste estudo, as altas variâncias observadas, podem ser explicadas pela pequena quantidade de informações disponíveis (218 animais medidos). Isso é explicado pelo fato de a variância amostral ser inversamente proporcional à quantidade de informações, e esses resultados são similares à conclusão de Faria (2003) de que, quanto maior o número de amostras obtidas, menor a variância entre elas, considerando o período de descarte das amostras iniciais.

O intervalo de confiança considerado foi de 95 %, o que fornece uma probabilidade de 95 % do verdadeiro valor do parâmetro estar contido nesse intervalo. Quando calculamos um parâmetro em uma determinada amostra, este é apenas uma estimativa do verdadeiro valor populacional. Quando se considera a estimativa de um determinado parâmetro como um valor pontual, a probabilidade de erro é maior. O IC obtido neste estudo foi menor que os encontrados por Barbosa (2005), para as características de carcaça. Esses resultados podem ser devido à estrutura dos dados analisados neste estudo, que contemplou mensurações de poucos animais e em regime de confinamento, enquanto, em Barbosa (2005), a quantidade de animais foi muito maior, sendo criados em regime extensivo.

Nas Fig. 3 e 4, apresentam-se os histogramas das estimativas das densidades marginais posteriores para a herdabilidade e o componente de variância aditiva, utilizando a Amostragem de Gibbs, a partir de valores iniciais não informativos para GMD112 e PC426 e valores obtidos da literatura (BARBOSA, 2005) para AOL, EG e P8. Essas densidades foram obtidas a partir de análises unicaracteres, para as características de crescimento e carcaça.

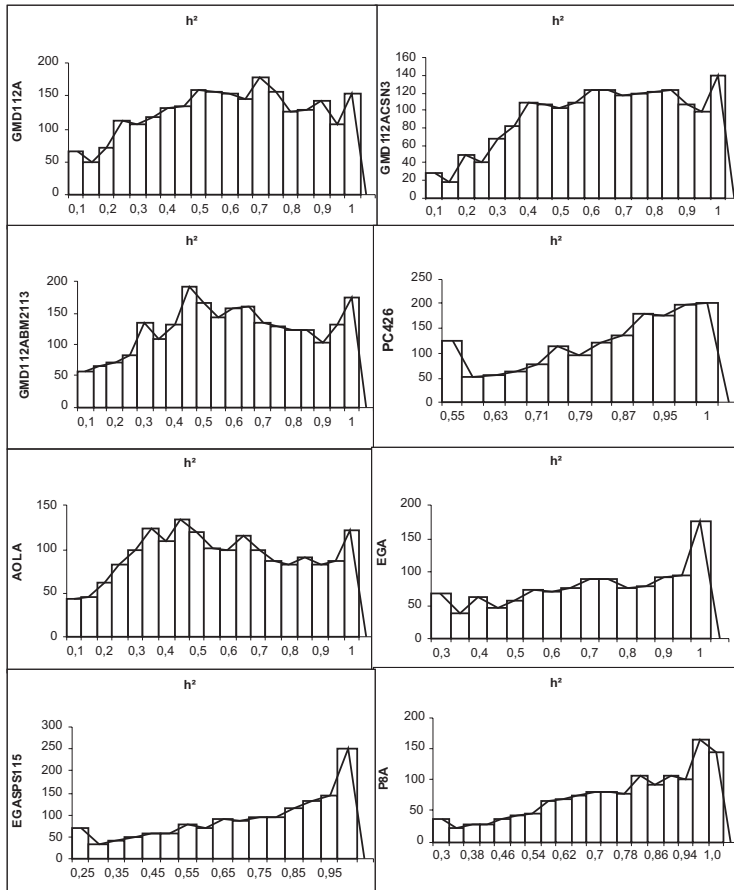


Fig. 3. Histogramas das estimativas de densidades posteriores herdabilidade (h^2) para as características GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo), EG (Espessura de gordura) e P8 (Espessura de gordura na garupa), obtidas pelo método da amostragem de Gibbs.

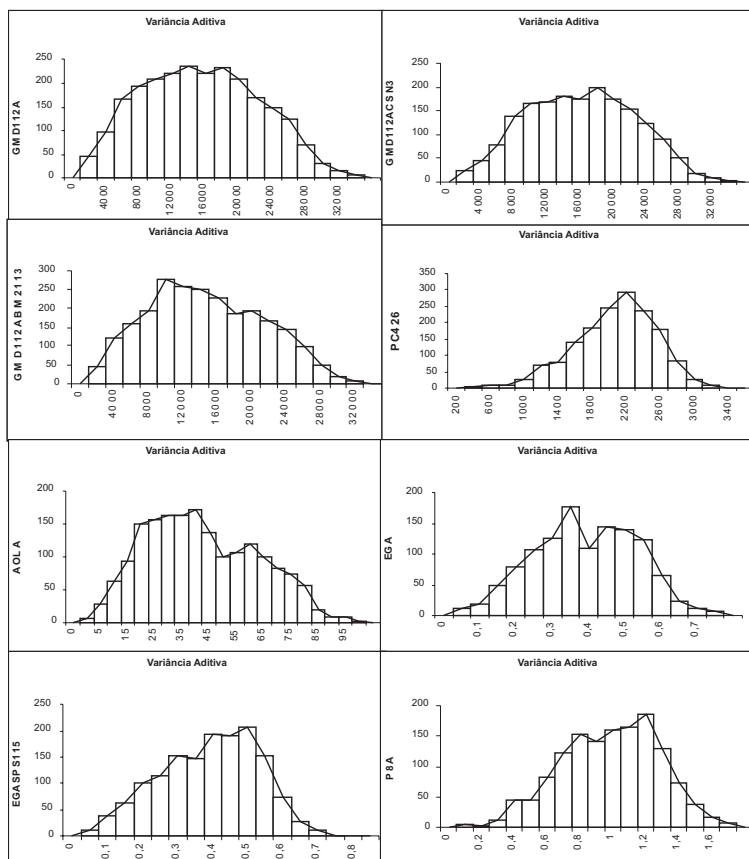


Fig. 4. Histogramas das estimativas de densidades posteriores da variância genética aditiva (σ^2_a) para as características GMD112 (Ganho médio diário de peso aos 112 dias), PC426 (Peso calculado para os 426 dias), AOL (Área de olho de lombo), EG (Espessura de gordura) e P8 (Espessura de gordura na garupa), obtidas pelo método da amostragem de Gibbs.

As estimativas de densidades posteriores de herdabilidade e variâncias aditivas das características de crescimento e carcaça analisadas neste estudo foram obtidas a partir da utilização do GS utilizando esquema de cadeia longa, conforme apresentado anteriormente nessa seção. Esses resultados indicam que a distribuição marginal posterior tende à assimetria, existindo desvios acentuados à esquerda

e direita na densidade marginal posterior, que podem ser explicados pela variância amostral. É importante lembrar que as estimativas das médias posteriores para os componentes de variância são baseadas no valor esperado das distribuições Wishart invertidas (IW) para todas as variáveis aleatórias (VAN TASSEL; VAN VLECK, 1996).

As variâncias dessas estimativas de densidades posteriores da variância genética e herdabilidade estão associadas ao tamanho da variância da amostra (Tabela 13), que é consequência da estrutura dos dados e da própria metodologia. As informações nessas figuras mostram que é possível, a partir da estimação dos componentes de variância e herdabilidades, utilizando GS, verificar o comportamento das densidades marginais posteriores e a visualização dos erros nas densidades desses parâmetros.

No entanto, quanto maior o número de simulações, menor será a variância da média e, de acordo com o teorema dos grandes números, quando o número de amostras é grande, as distribuições marginais posteriores das variâncias tendem à simetria, ou seja, apresentam-se como uma distribuição normal (BARBOSA, 2005). Neste estudo, as distribuições não assumiram o comportamento de uma distribuição normal, como em Faria (2003), analisando a característica peso e Barbosa (2005) para características de carcaça, provavelmente pela estrutura dos dados utilizados. No entanto, as densidades das variâncias apresentaram com tendência a normalidade, o que não ocorre com o parâmetro genético h^2 , que é uma razão de variâncias, comprometendo a forma da densidade marginal posterior. Nessa densidade, o parâmetro h^2 assumiu vários valores, não apresentando, inclusive, um valor único de moda.

Essas distribuições comprovam que a análise bayesiana aparece como uma alternativa de grande flexibilidade nas análises genéticas, gerando estimativas mais precisas oriundas de uma distribuição marginal posterior, diferente das estimativas pontuais do Método de Máxima Verossimilhança Restrita (FARIA, 2003), que não permitiria, neste estudo, a visualização do comportamento das densidades posteriores, bem como, o cálculo dos IC e erros de predição.

Conclusões

Somente os locos CSN3, BM2113 e SPS115 apresentaram associações significativas com diferentes probabilidades para as características de crescimento e carcaça, provavelmente em função do número reduzido das amostras analisadas, ou devido a real ausência de tais associações. As associações significativas podem ter ocorrido em função de associações ocasionais, ou seja, de esses locos estarem próximos a locos ligados a essas características, no mesmo cromossomo.

Para os locos que apresentaram efeito significativo para as características GMD112 e EG, as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade obtidas não apresentaram diferença significativa, após a inclusão dos locos, como “efeitos fixos”, sendo estimada uma alta correlação entre os valores obtidos. Para a confirmação desses resultados, sugere-se um estudo com um número maior de animais.

A partir das estimativas de herdabilidade obtidas neste estudo, pode-se concluir que essas características respondem à seleção e, dessa forma, podem ser indicadas como critérios de seleção em modernos programas de melhoramento genético da raça Nelore.

Os marcadores moleculares são uma ferramenta de grande potencial, que juntamente com os métodos convencionais utilizados no melhoramento, poderão auxiliar na identificação de animais superiores. Para que estes estudos forneçam informações mais precisas e consistentes é fundamental que sejam conduzidos experimentos com maior número de animais para testar a existência de associação desses genótipos com as características de interesse econômico.

Referências

ALFENAS, A. C.; PETERS, I; BRUNE, W. **Eletroforese de Proteínas e isoenzimas de Fungos e Essências Florestais**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1991. 242 p.

BARBOSA, V. **Estimação de componentes de (co) variância para características de qualidade da carcaça em bovinos da raça Nelore através de medidas de ultra-sonografia da área de olho de lombo e gordura de cobertura**. 2005. 69 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2005.

BITTENCOURT, T. C. C.; ROCHA, J. C. M. C.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. F. Estimação de componentes de (co)variâncias e predição de DEP's para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore, usando diferentes modelos estatísticos. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, n. 3, p. 303-308, 2002.

BRITO, F. V.; TAROUÇO, J. U.; CARDOSO, L. L. Estudo de efeitos que afetam as medidas de AOL e EG obtidas por ultra-som em diferentes tipos biológicos de bovinos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: SBZ, 2001. 1 CD-ROM.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, p. 313-319, 2004.

CASAS, E.; KEELE, J. W.; SHACKELFORD, S. D.; KOOHMARAIE, M.; STONE, R. T. Identification of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. **Animal Genetics**, v. 35, p. 2-6, 2003a.

CASAS, E.; SHACKELFORD, S. D.; KEELE, J. W.; STONE, R. T.; KAPPES, S. M.; KOOHMARAIE, M. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternate forms of myostatin. **Journal of Animal Sciences**, v. 78, p. 560-569, 2000.

CASAS, E.; SHACKELFORD, S. D.; KEELE, J. W.; KOOHMARAIE, M.; SMITH, T. P. L.; STONE, R. T. Detection of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 8, p. 2976-2983, 2003b.

CHAMBERS, G. K.; MACAVOY, E. S. Microsatélites: consensus and controversy. **Comparative Biochemistry and Physiology Part B**, v. 126, p. 455-476, 2000.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 19, p. 299-306, 2001.

CURI, R. A.; LOPES, C. R. Evaluation of nine microsatellite loci and misidentification paternity frequency in a population of Gyr breed bovines. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 39, n. 3, p. 129-135, 2002.

CYRILLO, J. N. S. G.; RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; BONILHA NETO, L. M.; MERCADANTE, M. E. Z.; TONHATI, H. Estimativas de tendências e parâmetros genéticos do peso padronizado aos 378 dias de idade, medidas corporais e perímetro escrotal de machos nelore de sertãozinho, SP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 1, p. 56-65, 2001.

DIAS, D. S. O. **Análise Genética de características de crescimento e de reprodução de animais da raça Nelore criados na região Centro-Oeste do Brasil**. Jaboticabal. 2001. 117 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2001.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987.

FARIA, C. U. **Inferência bayesiana no estudo genético quantitativo de características reprodutivas e de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 86 f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2003.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220 p.

FIGUEIREDO, L. G. G. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaça feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Nelore**. 2001. 52 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2001.

GAZETA, **Anuário Brasileiro da Pecuária**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 2005. Disponível: <www.anuarios.com.br/port/2005/pecuaria/default.php>. Acesso em: 2 jan. 2006.

GONÇALVES, J. N. S.; FIGUEIREDO, L. A.; RAZOOK, A. G.; BONILHA NETO, L. M.; PACOLA, L. J.; TROVO, J. B. F.; PACKER, I. U.; SILVA, M. V. G. B.; RUGGIERI, A. C. Prova de ganho de peso de sertãozinho: efeitos genéticos e de ambiente sobre características de crescimento. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., 2000, Viçosa. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000. 1 CD-ROM.

GRIFFITHS, A. J. F.; MILLER, J. H.; SUZUKI, D. T.; LEWONTIN, R. C.; GELBART, W. M. **An introduction to genetic analysis**. 7th ed. New York: W. H. FREMAN, 1999. 860 p.

GROZ, M. D.; MACNEIL, M. D. Putative Quantitative Trait Locus Affecting Birth Weight on Bovine Chromosome 2. **Journal of Animal Science**, v. 79. n. 1, p. 68-72, jan. 2001.

GUNSKI, R. J.; GARNERO, A. D. V.; BORJAS, A. D. L. R.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado nelore. **Ciência Rural**, v. 31, p. 603-607, 2001.

HAEGEMAN, A.; WILLIAMS, J. L.; LAW, A.; ZEGEREN, A. van; PEELMAN, L. J. Mapping and SNP analysis of bovine candidate genes for meat and carcass quality. **Animal Genetics**, v. 34, p. 349-353, 2003.

HILLIS, D. M.; MORITZ, C.; MABLE, B. K. **Molecular Systematic**. Massachusetts: Sinauer Associates, 1996. 655 p.

JOSAHKIAN, L. A. Programa de melhoramento genético das raças zebuínas. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2000. p. 76-96.

JOSAHKIAN, L. A.; MACHAD, C. H. C; KOURY FILHO, W. **Manual do programa de melhoramento genético das raças zebuínas**. Uberaba: ABCZ, 2003. 17 p.

KARSBURG, J. H. H. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaça medidas por ultra-sonografia e desenvolvimento ponderal em bovinos da raça Santa Gertrudis**. 2003. 82 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2003.

KEELE, J. W.; SHACKELFORD, S. D.; KAPPES, S. M.; A Region on Bovine Chromosome 15 Influences Beef Longissimus Tenderness in Steers. **Journal of Animal Science**, v. 77, p.1364–1371, 1999.

KIM, J. J.; FARNIR, F.; SAVELL, J.; Detection of quantitative trait loci for growth and beef carcass fatness traits in a cross between *Bos taurus* (Angus) and *Bos indicus* (Brahman) cattle. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 1933–1942, 2003.

LANZA, M. A.; GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I. Aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético. **Informe Agropecuário: Biotecnologia**. Belo Horizonte: Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, v. 21, n. 204, p. 97-108, 2000.

LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N. O.; BEZERRA, L. A. F.; MARTINS, E. N.; REYES, A. de los B.; MAGNABOSCO, C. U.; RUSSO, A. R. V. Estimativa de componentes de (co)variância e herdabilidade para o peso real aos 120 dias de idade na raça Nelore usando análise bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. **Anais... Juiz de Fora: SBZ**, 1997. 1 CD-ROM.

MACHADO, M. A.; SCHUSTER, I.; MARTINEZ, M. L.; CAMPOS, A. L. Genetic Diversity of Four Cattle Breeds Using Microsatellite Markers. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 1, p. 93-98, 2003.

MACHADO, P. F. A.; AQUINO, C. H.; GONÇALVES, T. M. Estimativas de parâmetros genéticos e critérios de seleção em características ponderais de bovinos da raça Nelore. **Ciências e Agrotecnologia**, v. 23, n. 1, p. 197-204, 1999.

MACHUGH, D. E.; LOFTUS, R. T.; CUNNINGHAM, P.; BRADLEY, D. G. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. **Animal Genetics**, v. 29, p. 333-340, 1998.

MAGNABOSCO, C. de U.; LÔBO, R. B.; FAMULA, T. R. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nelore cattle in Brazil, using the gibbs sampler. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 117, p. 169-188, 2000.

MAGNABOSCO, C. de U. **Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem Gibbs**. 1997. 89 f. Tese (Doutorado em Ciências). Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1997.

MAGNABOSCO, C. de U.; FARIA, C. U.; REYES, A. D. L.; LÔBO, R. B.; SAINZ, R. D. **Implementação da amostragem de Gibbs para estimação de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore**. Planaltina-DF: Embrapa Cerrados, 2001. 50p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 37).

MAGNABOSCO, C. D. U.; REYES, A. D. L.; MANUS, C. M.; BORGES JÚNIOR, M. M. Estudo genético-quantitativo de características de crescimento em bovinos da raça Nelore nos estados Unidos da América. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998, Botucatu. **Anais... Botucatu: SBZ**, 1998. 1 CD-ROM.

MAGNABOSCO, C. de .U.; FARIA, C. U.; REYES, A. de los; LOBO, R. B.; BARBOSA, V.; SAINZ, R. D. Requerimentos para implementação da amostragem de gibbs na estimação

de parâmetros genéticos para peso ao desmame na raça Nelore: intervalo de utilização amostral. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: SBZ, 2002a. 1 CD-ROM.

MAGNABOSCO, C. de U.; BARBOSA, V.; REYES, A. de los.; FARIA, C. U.; BARCELLOS, A. de O.; BALBINO, L. C. Avaliação da contribuição do componente genético no crescimento ao ano e sobreano de bovinos da raça Nelore, recriados em pastagens renovadas do Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: SBZ, 2002b. 1 CD-ROM.

MAGNABOSCO, C. de U.; ARAUJO, F. R. C.; MANICARDI, SAINZ, R. D.; REYES, A. B. de los.; BARBOSA, V. Padrões de crescimento e características de carcaça de tourinhos Nelore mocho, avaliados por ultra-sonografia em tempo real. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: SBZ, 2003. 1 CD-ROM.

MARCONDES, C. R.; GAVIO, D.; BITTENCOURT, T. C. C.; Estudo de modelo alternativo para estimação de componentes de (co)variância e predição de valores genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, p. 93-99, 2002.

MARTINEZ, M. L.; MACHADO, M. A.; FERREIRA, A. M. Biotecnologia na pecuária: genética molecular. **Informe Agropecuário – Biotecnologia**. Belo Horizonte: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, v. 21, n. 204, p.67-78, 2000.

MATEUS, J. C.; PENEDO, M. C. T.; ALVES, V. C.; RAMOS, M.; RANGEL-FIGUEIREDO, T. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. **Animal Genetics**, v. 35, p.106-113, 2004.

MATIOLI, S. R.; PASSOS-BUENO, M. R. S. Métodos baseados em PCR para análise de polimorfismos de ácidos nucleicos. In: MATIOLI, S. R. **Biologia Molecular e Evolução**. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001. cap.15, p.153-161.

MERCADANTE, E. Z.; RAZOOK, A. G.; CYRILLO, J. N. S. G. Programa de seleção da estação experimental de zootecnia de sertãozinho: resultados de pesquisas, sumário de touros Nelore. Boletim Científico, Instituto de Zootecnia, n.12, 2004. (Série Pesquisa APTA).

MOODY, D. E.; POMP, D.; NEWMANAND, S.; MACNEIL, M. D. Characterization of DNA Polymorphisms in Three Populations of Hereford Cattle and Their Associations with Growth and Maternal EPD in Line 1 Herefords. **Journal Animal Science**, v. 74, p. 1784-1793, 1996.

MOSIG, M. O.; LIPKIN, E.; KHUTORESKAYA, G.; TCHOURZYNA, E.; SOLLER, M.; FRIEDMANN, A. A Whole genome scan for quantitative trait loci affecting milk protein percentage in Israeli-Holstein cattle, by means of selective milk DNA pooling in a daughter design, using an adjusted false discovery rate criterion. **Genetics**, v. 157, p. 1683-1698, 2001.

NOBRE, P. R. C.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; SILVA, L. O. C.; REGAZZI, A. J.; TORRES JÚNIOR, R. A. A.; MISZTAL, I. Analyses of growth curves of Nellore cattle by Bayesian method via Gibbs sampling. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 55 n. 4 p. 480-490, 2003.

OLIVEIRA, J. F. C.; HENKES, L. E. Marcadores Moleculares em Reprodução Animal. In: GONSALVES, P. B. D.; FIGUEIREDO, J. R.; FREITAS, V. J. F. **Biotécnicas aplicadas à reprodução animal**. São Paulo: Varela Editora e Livraria, 2001. cap. 12, p. 261-279.

PAZ, C. C. P. **Associação entre polimorfismos genéticos e parâmetros de curva de crescimento em bovinos de corte**. 2002. 107 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

PAZ, C. C. P.; PACKER, I. U.; FREITAS, A. R.; TAMBASCO-TALHARI, D.; REGITANO, L. C. de A.; ALENCAR, M. M. De; CRUZ, G. M. da. Ajuste de Modelos Não-Lineares em Estudos de Associação entre Polimorfismos Genéticos e Crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 1416-1425, 2004.

PEREIRA, J. C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEP-MVZ Editora, 1999. 496 p.

QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; LANZONI, N. A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da Raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 1014-1019, 2000.

RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; NARDON, R. F.; CYRILLO, J. N. Dos S. G.; RUGGIERI, A. C. Efeitos de raça e da seleção para peso pós-desmame sobre características de confinamento e de carcaça da 15ª Progenie dos Rebanhos Zebu e Caracu de Sertãozinho (SP). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 115-124, 2001.

REGITANO, L. C. A. Introdução à análise de marcadores moleculares. In: REGITANO, L. C. A.; COUTINHO, L. L. **Biologia Molecular aplicada à produção animal**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. cap. 2, p. 25-39.

REGITANO, L. C. A.; AZEVEDO, J. L.; VENCOSKY, R.; PACKER, I. U.; BARBOSA, P. F.; ROSA, A. J. M.; SILVA, N. A.; ETCHEGARAY, M. A. L.; COUTINHO, L. L. Selection for breed-specific growth hormone and igf-i alleles in a synthetic beef cattle cross, canchim. **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 4, p. 531-537, 1999.

REGITANO, L. C. A.; COUTINHO, L. L. **Biologia Molecular aplicada à produção animal**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. 215 p.

RIBEIRO, M. N.; PIMENTA FILHO, E. C.; MARTINS, G. A.; SARMENTO, J. L. R.; MARTINS FILHO, R. Herdabilidade para efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos nelore no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 1224-1227, 2001.

RIPAMONTE, P. **Estimativa da participação do genoma de *Bos Taurus* no rebanho nelore**. 2002. 75 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Ciências Básicas, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2002.

- ROCHA, J. L.; BAKER, J. F.; WOMACKT, J. E.; SANDERS, J. O.; TAYLOR, J. F. Statistical associations between restriction fragment length polymorphisms and quantitative traits in beef cattle. **Journal Animal Science**, v. 70, p. 3380-3370, 1992.
- RON, M.; BLANC, Y.; BAND, M.; EZRA, E.; WELLER, J. I. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. **Journal of Dairy Science**, v. 79, p. 676-681, 1996.
- SAS INSTITUTE INC. **User Installation Guide for SAS® 9.1.3**. Foundation for Microsoft® Windows®, Cary: Foundation for Microsoft® Windows®, 2003.
- SCHENKEL, F. S.; LAGIOIA, D. R.; RIBOLDI, E. J. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002. Campo Grande. **Anais...** Campo Grande, 2002. 1 CD-ROM.
- SCHROOTEN, C.; BOVENHUIS, H.; COPPIETERS, W.; VAN ARENDONK, J. A. M. Whole genome scan to detect quantitative trait loci for conformation and functional traits in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 83, p. 795-806, 2000.
- SHIMBO, M. V.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; OLIVEIRA, F. F.; JUBILEU, J. S.; FIGUEIREDO, L. G. G.; MATTOS, E. C. Efeito da endogamia sobre características produtivas de bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., 2000, Viçosa. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000. 1 CD-ROM.
- SILVA, I. S. **Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise**. 2004. 86 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.
- SILVA, S. L.; LEME, P. R.; PEREIRA, A. S. C.; PUTRINO, S. M. Correlações entre características de carcaça avaliadas por ultra-som e pós-abate em novilhos nelore, alimentados com altas proporções de concentrado. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 5, p. 1236-1242, 2003.
- SIQUEIRA, R. L. P. G.; OLIVEIRA, J. A. D.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; TONHATI, H. Análise da variabilidade genética aditiva de características de crescimento na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 1, p. 99-105, 2003.
- SONSTEGARD, T. S.; VAN TASSELL, C. P.; ASHWELL, M. S. Dairy cattle genomics: tools to accelerate genetic improvement? **Journal of Animal Science**, v. 79 (E. Suppl.), p. E307-E315, 2001.
- SOUZA, P. R. S.; RORATO, P. R. N.; KIPPERT, C. J. Efeitos ambientais e estimativa de parâmetros genéticos sobre o ganho de peso diário em bovinos da raça Nelore, no sul do Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: SBZ, 2005. 1 CD-ROM.
- STONE, R. T.; KEELE, J. W.; SHACKELFORD, S. D.; KAPES, S. M.; KOOHMARAIE, M. A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting carcass and growth traits. **Journal of Animal Science**, v. 77, n. 6, p. 1379-1384, 1999.

TAMBASCO, D. D.; ALENCAR, M. M.; COUTINHO, L. L.; TAMBOSCO, A. J.; TAMBOSCO, M. B.; REGITANO, L. C. A. Caracterização molecular de animais da raça nelore utilizando microssatélites e genes candidatos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 1044-1049, 2000.

TAMBASCO, D. D.; PAZ, C. C. P.; TAMBASCO-STUDART, M. Candidate genes for growth traits in beef cattle crosses Bos taurus X Bos indicus. **Journal Animal Breeding Genetic**, v. 120, p. 51-56, 2003.

TORAL, F. L. B.; SILVA, L. O. C.; MARTINS, E. N. GONDO, A.; SIMONELLI, S. M. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 1445-1455, 2004.

UNANIAN, M. M.; BARRETO, C. C.; FREITAS, A. R.; CORDEIRO, C. M. T.; JOSAHKIAN, L. A. Associação do polimorfismo do gene do hormônio de crescimento com a característica peso em bovinos da raça nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 5, p. 1380-1386, 2000.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; SILVA, J. A. V.; FERRAZ, J. B. S. Estimacão de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e Â. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 6, p. 1624-1632, 2003.

VAN TASSEL, C. P.; CASELLA, G.; POLLAK, E. J. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, v. 78, p. 678-692, 1995.

VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D. **A Manual for use of MTGSAM** : a set of Fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 1996.

VELMALA, R. J.; VILKKI, H. J.; ELO, K. T.; KONING, D. J.; MAKI-TANILA, A. V. A search for quantitative trait loci for milk production traits on chromosome 6 in Finnish Ayrshire cattle. **Animal Genetics**, v. 30, p. 136-143, 1999.

VILLELA, P. M. S. **Caracterização genética de populações de jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), utilizando marcadores microssatélites**. 2004. 114 f. Dissertação (Mestrado em Ecologia de Agroecossistemas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

VISSCHER, P. M.; WOOLLIAMS, J. A.; SMITH, D.; WILLIAMS, J. L. Estimation of Pedigree Errors in the UK Dairy Population using Microsatellite Markers and the Impact on Selection. **Journal of Dairy Science**, v. 85, p. 2368-2375, 2002.

YOKOO, M. J. I. **Estimativas de efeitos genéticos e ambientais para características de carcaça medidas pelo ultra-som em bovinos da raça Nelore**. 2005. 89 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2005.