

Avaliação Genômica de Touros Hereford e Braford



ISSN 1982-5390

Agosto, 2012

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

Documentos 127

Avaliação Genômica de Touros Hereford e Braford

Fernando Flores Cardoso
Marcos Jun-Iti Yokoo
Cláudia Cristina Gulias Gomes
Maurício Morgado de Oliveira
Bruno Borges Machado Teixeira
Vanerlei Mozaquatro Roso
Fernanda Varnieri Brito
Alexandre Rodrigues Caetano
Ignacio Aguilar

Embrapa Pecuária Sul
Bagé, RS
2012

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Pecuária Sul

BR 153, km 603, Caixa Postal 242

96.401-970 - Bagé - RS

Fone/Fax: 55 53 3240-4650

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

cppsul.sac@embrapa.br

Comitê Local de Publicações

Presidente: Renata Wolf Suñé

Secretária-Executiva: Graciela Olivella Oliveira

Membros: Claudia Cristina Gulas Gomes, Daniel Portella Montardo, Estefanía Damboriarena, Graciela Olivella Oliveira, Jorge Luiz Sant´Anna dos Santos, Naylor Bastiani Perez, Renata Wolf Suñé, Roberto Cimirro Alves, Viviane de Bem e Canto.

Supervisor editorial: Comitê Local de Publicações

Revisor de texto: Comitê Local de Publicações

Normalização bibliográfica: Graciela Olivella Oliveira

Tratamento de ilustrações: Roberto Cimirro Alves

Editoração eletrônica: Roberto Cimirro Alves

Foto da capa: Gabriel Becco

1ª edição on line

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 Pecuária Sul

Avaliação genômica de touros Hereford e Braford [recurso eletrônico] / Fernando Flores Cardoso ... [et al.]. – Bagé : Embrapa Pecuária Sul, 2012.
(Documentos / Embrapa Pecuária Sul, ISSN 1982-5390 ; 127)

Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader

Modo de acesso: <<http://cppsul.embrapa.br/unidade/publicacoes/list/276>>

Título da página Web (acesso em 30 jul. 2012)

1. Genética quantitativa. 2. Melhoramento genético animal. 3. Gado de corte. I. Cardoso, Fernando Flores. II. Série.

CDD 636.0821

© Embrapa 2012

Autores

Fernando Flores Cardoso

Médico Veterinário, Doutor (Ph.D.) em Bioinformática -
ênfase em Estatística Genômica, Pesquisador da Embrapa
Pecuária Sul,
Caixa Postal 242, BR 153 Km 603,
CEP 96401-970 - Bagé, RS – Brasil
fernando.cardoso@embrapa.br

Marcos Jun-Iti Yokoo

Zootecnista, Doutor em Genética e Melhoramento Animal -
ênfase em Genética Quantitativa, pesquisador da Embrapa
Pecuária Sul,
Caixa Postal 242, BR 153 Km 603,
CEP 96401-970 - Bagé, RS – Brasil
marcos.yokoo@embrapa.br

Cláudia Cristina Gulias Gomes

Médica Veterinária, Doutora (D.Sc.) em Parasitologia
Animal,
Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sul,
Caixa Postal 242, BR 153 Km 603,
CEP 96401-970 - Bagé, RS – Brasil
claudia.gulias@embrapa.br

Maurício Morgado de Oliveira

Zootecnista, Doutor em Zootecnia - ênfase em
Melhoramento Animal,
pós-Doutorando CAPES-PNPD,
Caixa Postal 242, BR 153 Km 603,
CEP 96401-970 - Bagé, RS – Brasil
oliveira.mauricio.morgado@gmail.com

Bruno Borges Machado Teixeira

Médico Veterinário, Mestrando PPGZ – FAEM – UFPel -
ênfase em Genética e Melhoramento Animal

Consistência e Validação de dados –

PampaPlus - ABHB

Departamento de Zootecnia, Campus Universitário, s/nº,
96010-900, Pelotas-RS - Brasil

bteixeira@veterinario.med.br

Vanerlei Mozaquatro Roso

Zootecnista, Doutor (PhD) em Melhoramento Genético
Animal

Pesquisador na empresa GenSys Consultores Associados
Rua Guilherme Alves, 170/304

Bairro Jardim Botânico

CEP 90680-000 – Porto Alegre, RS – Brasil

vanerleiros@gensys.com.br

Fernanda Varnieri Brito

Engenheira Agrônoma, Doutora em Melhoramento
Genético Animal

Pesquisadora na empresa GenSys Consultores Associados
Rua Guilherme Alves, 170/304

Bairro Jardim Botânico

CEP 90680-000 – Porto Alegre, RS – Brasil

fernandabrito@gensys.com.br

Alexandre Rodrigues Caetano

Zootecnista, Doutor (Ph.D.) em Genética Animal
pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e
Biotecnologia,

Parque Estação Biológica – PqEB –

Av. W5 Norte (final)

Caixa Postal 02372

Brasília, DF – Brasil

70770-917

alexandre.caetano@embrapa.br

Ignacio Aguilar

Engenheiro Agrônomo, PhD. em Produção Animal –
ênfase em Melhoramento Animal e Genômica,
pesquisador do Instituto Nacional de Investigación
Agropecuaria do Uruguai,

Ruta 48, km 10, Rincon del Colorado

CP 90.200 – Canelones, Uruguai

iaguilar@inia.org.uy

Apresentação

Há muito sabemos que pesquisa e desenvolvimento (P&D) são fundamentais para o avanço socioeconômico e a independência de uma nação. Além da obtenção de produtos e tecnologias através da pesquisa científica propriamente dita, a disseminação dos conhecimentos gerados possibilita que os resultados desta atividade cheguem mais rapidamente aos beneficiários do processo, ou seja, produtores, técnicos, estudantes e população no geral interessada nas novas tecnologias agropecuárias.

Em se tratando de uma empresa pública, como a Embrapa, a transferência das tecnologias geradas em P&D faz parte da própria essência desta instituição. Dessa forma, a Embrapa Pecuária Sul utiliza as publicações da Série Embrapa como uma das ferramentas estratégicas formais de transferências das tecnologias, direcionadas às cadeias produtivas da carne bovina e ovina, do leite e da lã para a região sul do Brasil.

A presente publicação é mais um exemplo deste esforço institucional. Nesta obra são relatados os resultados de pesquisa científica sobre avaliações genômicas de touros das raças Hereford e Braford com o objetivo de identificar animais mais resistentes ao carrapato bovino e também superiores em outras características de importância econômica. Com essa publicação, é possível tornar disponível aos criadores destas raças, de forma inédita no Brasil, a DEPG (diferença esperada na progênie em escala genômica), atualizando o setor de bovinos de corte com a tecnologia mais moderna de avaliação da qualidade do material genético oferecido aos criadores. Esta é mais uma contribuição da Embrapa Pecuária Sul aos criadores das raças Hereford e Braford do Brasil e que poderão usar estas informações como mais uma ferramenta para o melhoramento genético de seus rebanhos.

Assim, mais do que cumprir com nossa missão institucional, a Embrapa está trabalhando para a efetiva disponibilização de tecnologias e recomendações que possam contribuir para uma pecuária mais sustentável e diferenciada nos campos sul-brasileiros. Esperamos que esta obra seja bem apreciada pelos leitores e que possa colaborar com a evolução da ciência e da tecnologia aplicada na agropecuária do sul do Brasil.

Alexandre Costa Varella
Chefe-Geral

Sumário

Introdução Geral	09
Seleção Genômica	10
Metodologia Unificada para Predizer os Valores Genéticos Genômicos	14
Características Apresentadas neste Sumário	17
Como Interpretar o Sumário	19
Tabela de Touros Braford	24
Tabela de Touros Hereford	26
Estâncias que Participaram do Presente Trabalho	28
Equipe Participante do Projeto	30
Referências	31

Avaliação Genômica de Touros Hereford e Braford

Fernando Flores Cardoso

Marcos Jun-Iti Yokoo

Cláudia Cristina Gúlias Gomes

Maurício Morgado de Oliveira

Bruno Borges Machado Teixeira

Vanerlei Mozaquatro Roso

Fernanda Varnieri Brito

Alexandre Rodrigues Caetano

Ignacio Aguilar

Introdução Geral

É com satisfação que a Embrapa Pecuária Sul, a Conexão Delta G e o GenSys Consultores Associados apresentam ao mercado de genética bovina as primeiras avaliações genômicas de touros das raças Hereford e Braford. Este trabalho é resultado de um projeto de pesquisa desenvolvido desde 2010 com objetivo de combinar dados de contagens de carrapato, de produção e de genealogia com informações moleculares amplas, considerando dezenas de milhares de marcadores distribuídos homogeneamente pelo genoma, para identificar animais mais resistentes ao carrapato bovino e também superiores em outras características de importância econômica.

Avanços tecnológicos recentes na biologia molecular e na genética quantitativa proporcionaram o desenvolvimento de novos processos de avaliação genética que associam os métodos quantitativos tradicionais com informações moleculares de alta densidade. Os métodos de avaliação genética para implementação da seleção genômica estão em

pleno desenvolvimento e sua aplicação tem despertado grande interesse dos pesquisadores e profissionais que trabalham não só com genética animal, mas também com produção animal em geral, pois permite a aceleração dos ganhos genéticos dos programas de melhoramento, que geralmente, praticam avaliações genéticas apenas por meio de dados fenotípicos e de pedigree.

O objetivo do lançamento desta Avaliação Genômica de Touros Hereford e Braford é tornar disponível aos criadores destas raças de forma inédita no Brasil, a DEPG (diferença esperada na progênie em escala genômica), atualizando o setor de bovinos de corte com a tecnologia mais moderna de avaliação da qualidade do material genético oferecido aos criadores. A partir desta publicação, os produtores poderão praticar a escolha de touros-pais para serem usados no melhoramento dos seus plantéis via inseminação artificial com o auxílio de informações genotípicas associadas às informações fenotípicas e de pedigree obtidas do banco de dados histórico dos criadores participantes do Projeto. Ainda que a genômica exija uma escala maior tanto em termos de número de animais como em investimento para ter efeitos significativos, a sua utilização já é uma realidade em muitos países e, agora, começa a ser também aqui no Brasil.

Seleção Genômica

Grandes avanços em produtividade têm sido obtidos na pecuária oriundos do trabalho realizado por programas de avaliação genética por meios tradicionais, a partir das informações fenotípicas de cada indivíduo e de todos os seus parentes, interligadas através de uma matriz de parentesco nas equações de modelos mistos. O uso de matrizes de parentesco mais completas melhora a precisão e a acurácia das estimativas dos valores genéticos. Este método tradicional para estimar valor genético no intuito de ajudar a identificar e acasalar indivíduos com valor genético superior, tem consistentemente gerado ganhos genéticos anuais para a maioria das características produtivas avaliadas por programas de melhoramento, não só no Brasil, como no mundo todo.

Até recentemente, a incorporação de informações de marcadores moleculares nesses programas de melhoramento genético, por meio da seleção assistida por marcadores, tem se baseado na utilização de alguns poucos marcadores e, salvo algumas raras exceções, não tem trazido ganhos adicionais significativos aos já obtidos na seleção tradicional. Isso se deve a que, geralmente, as características de importância econômica são controladas por muitos genes e, portanto, a informação destes poucos marcadores explica somente uma pequena parcela das diferenças genéticas observadas entre os animais. Por outro lado, inovações nas tecnologias de sequenciamento de DNA e de genotipagem de marcadores moleculares do tipo SNP (Single Nucleotide Polymorphism) difundidas na última década, as quais resultaram em reduções drásticas nos custos de geração de dados, viabilizaram a implementação de métodos para praticar a seleção assistida por marcadores em escala genômica, a qual é denominada seleção genômica (Meuwissen et al., 2001).

Os SNPs podem ser usados para cobrir o genoma de um bovino, gerando marcas ou marcadores muito próximos uns dos outros. Desta forma, empresas geraram painéis (Chips) de alta densidade (HD – High Density) para a genotipagem de marcadores do tipo SNP, que podem ter 777.962 marcadores SNP no caso do Illumina High Density Bovine Bead Chip Array ou 648.874 SNPs no Affymetrix Axiom Genome Wide BOS 1 Array. Outro Chip muito usado é o BovineSNP50 da Illumina que tem a capacidade de genotipar 54.609 SNPs. A utilização destes Chips permite investigar todo o genoma em busca das variações (SNPs) que estão associadas com diferenças de desempenho dos animais e, a partir desta informação, estimar valores genéticos em escala genômica (valores genéticos genômicos - VGG), os quais têm proporcionado ganhos em acurácia e redução do intervalo de gerações, entre outras vantagens.

De forma análoga ao que acontece no melhoramento tradicional, na seleção genômica não há necessidade de se identificar os genes ou mutações específicas, que tem efeito sobre a(s) característica(s) avaliada(s). São necessários, entretanto, muitos SNPs distribuídos por

todo o genoma, para que um ou mais desses marcadores esteja ligado a cada gene afetando a características de interesse, para que a transmissão dos fragmentos do genoma possa ser rastreada dos pais para os filhos. Os métodos de seleção genômica permitem que a identificação dos animais geneticamente superiores seja feita antes da coleta de dados fenotípicos, acelerando o processo de tomada de decisões e diminuindo custos, desde que uma ampla população de referência seja formada com o aporte tanto de dados fenotípicos como genotípicos.

Outra vantagem da seleção genômica é que através dos marcadores é possível corrigir os eventuais erros nos dados de pedigree, que prejudicam a estimativa dos valores genéticos e diminuem o ganho nas avaliações tradicionais. Além disso, quando se utiliza a matriz de parentesco baseada em pedigree, considera-se apenas uma proporção média de genes compartilhados entre os animais parentes. De posse das informações de marcadores SNP é possível corrigir a matriz de parentesco e utilizar informações mais precisas da correlação entre parentes no cálculo das DEPG.

Basicamente, para a implementação da seleção genômica, três etapas principais são necessárias: (1) genotipagem de uma população referência, caracterizada fenotipicamente, com conjuntos de SNPs em média e/ou alta densidade e posterior estimativa dos efeitos dos marcadores; (2) validação dos efeitos estimados em um grupo de animais que não pertence à população referência e, finalmente; (3) a predição dos valores genéticos de indivíduos candidatos à seleção, baseados nos genótipos dos marcadores e nos efeitos estimados.

O modelo conceitual elementar para a implementação da seleção genômica, ou seja, para estimar os efeitos dos marcadores e valores genômicos, pode ser representado por: $y_i = \mu + \sum_{j=1}^n x_{ij}g_j + \xi_i$, em que, y_i = fenótipo observado do animal i ; μ = média geral; x_{ij} = variável indicadora que relaciona o efeito do genótipo g_j ao fenótipo observado do

animal i ; e ε_i é um erro aleatório. O valor genômico (\hat{a}_i) de um determinado animal i pode ser predito simplesmente somando-se as estimativas dos efeitos dos marcadores disponíveis: $\hat{a}_i = \sum_{j=1}^n x_{ij} \hat{g}_j$.

Na maioria dos casos, o número de marcadores com efeito sobre a característica em questão excede largamente o número de observações fenotípicas disponíveis, gerando um modelo superparametrizado e, portanto, um grande desafio para a obtenção de estimativas com boas propriedades estatísticas, pela falta de graus de liberdade para a estimação de tantos efeitos. As diferenças nos métodos empregados na seleção genômica decorrem de diferentes pressuposições adotadas a respeito das distribuições dos efeitos dos marcadores para viabilizar a estimativa dos seus efeitos. De forma geral, esses métodos viabilizam a manutenção de todos os efeitos no modelo empregando penalizações via encolhimento das estimativas dos efeitos para zero, destacando-se: o BLUP (melhor predição linear não viesada), a regressão de cumeieira, os métodos bayesianos e o LASSO bayesiano.

Depois de escolhido o método de estimação dos efeitos dos marcadores e feita a validação dos efeitos estimados em um grupo de animais que não pertence à população referência, é possível fazer a predição dos VGGs de indivíduos candidatos à seleção. Esta predição é feita utilizando todas as informações disponíveis, ou seja, os dados coletados no campo ou fenótipo, os conhecimentos sobre o pedigree e obviamente, os dados dos marcadores. Deste modo, é possível incorporar os coeficientes genômicos na matriz de parentesco, no intuito de “corrigir” o parentesco entre os animais e estimar os VGGs de forma mais acurada. Existem algumas opções de estratégias para incorporação de dados genômicos nas avaliações genéticas, algumas são embasadas em procedimentos de vários passos (Multi Step) ou multipassos e outras em um passo unificado (Single Step).

A metodologia para predizer os VGGs embasada em procedimentos multipassos ocorre quando os valores genéticos tradicionais (VGTs) são obtidos por meio de análises tradicionais (com base no fenótipo e no

pedigree) e os valores genômicos diretos (VGDs) são obtidos com base em equações de predição, ou seja, por meio das informações de pseudo-fenótipos (gerados a partir dos VGTs) e genótipos, e após isto, ambas as fontes de informação (VGT e VGD) são combinadas por meio de índices ponderados pela acurácia e pela herdabilidade gerando assim os VGGs e as DEPs Genômicas ($DEPG = VGG/2$). Outra estratégia multipasso proposta envolve incorporar a DEPG, previamente estimada a partir das informações dos marcadores em uma população de referência, nas avaliações genéticas como uma nova característica correlacionada às demais.

No presente sumário, 2160 produtos das raças Hereford e Braford foram genotipados com o Chip BovineSNP50 da Illumina e os 40 touros-pais listados nesta publicação tiveram seus genótipos determinados no Illumina High Density Bovine Bead Chip Array. Dados produtivos e genealógicos de sete rebanhos associados à Conexão Delta G Sul (ver pág. 28) foram utilizados nas análises. Esses registros foram disponibilizados através de uma base de dados organizada e mantida pela empresa GenSys Consultores Associados, que assessora o programa de melhoramento desses criadores. As informações dos SNPs, dos fenótipos e do pedigree foram combinadas para a estimação simultânea dos VGGs (e DEPGs), dos efeitos dos marcadores e da “correção” da matriz de parentesco, utilizando a metodologia de passo unificado ou “Single Step”.

Metodologia Unificada para Predizer os Valores Genéticos Genômicos

O método de passo unificado utiliza uma matriz que combina o parentesco tradicional baseado no pedigree com o derivado das informações de marcadores SNPs (Misztal et al., 2009; Aguilar et al., 2010).

Tradicionalmente, os valores genéticos são estimados utilizando-se as

utilizando-se as equações do modelo misto
$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix},$$

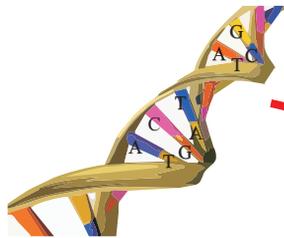
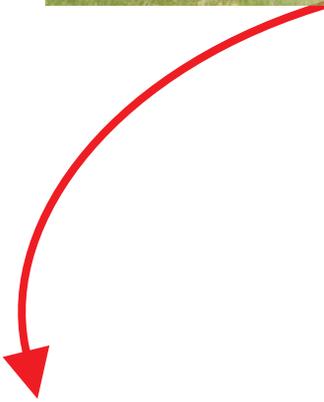
onde α é a razão entre a variância residual (σ_e^2) e a variância genética aditiva (σ_a^2), ou seja, $\sigma_e^2 / \sigma_a^2 = (1-h^2)/h^2$, y é o vetor dos dados observados nos vários animais, h^2 é a herdabilidade da característica, A é a tradicional matriz de parentesco baseada em informação de pedigree, X e Z são matrizes de delineamento ou de incidência, as quais associam as observações (y) aos efeitos fixos e aos valores genéticos dos animais, respectivamente, e $\hat{\beta}$ e \hat{a} são os vetores de soluções, contendo efeitos ambientais identificáveis ou efeitos fixos e os valores genéticos, respectivamente. Por estas equações verifica-se que uma observação (y) em um determinado animal, pode ser desdobrada em termos de efeitos ambientais identificáveis ($\hat{\beta}$) e efeitos genéticos aditivos (\hat{a}). Para prever o valor genético (\hat{a}) pressupõem-se neste modelo que \hat{a} está centrada em 0 (zero) e tem variância igual a G , onde G é a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos genéticos aditivos representados pelo vetor \hat{a} . O objetivo do BLUP é prever o valor genético (\hat{a}) dos animais, a partir de análises estatísticas, associando os dados medidos diretamente nos animais (fenótipos), os dados associados aos efeitos não genéticos e a matriz de parentesco (pedigree) simultaneamente.

A metodologia de seleção genômica unificada (de passo único) integra a informação dos marcadores SNPs nas avaliações genéticas por meio de uma modificação na matriz de parentesco com base no pedigree (A) que gera uma nova matriz de parentesco (H), a qual inclui, além das relações baseadas na árvore genealógica, as diferenças derivadas da informação genômica: $H = A + A_a$, onde A_a é uma matriz contendo os desvios devido à informação genômica. Essa matriz H substitui a A gerando um

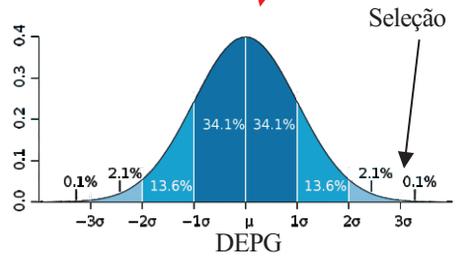
novo conjunto de equações de modelos mistos
$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + H^{-1}\alpha \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

viável de implantar em avaliações genéticas de larga escala, usando modelos uni ou multicaracterística, no presente caso por meio da família de programas BLUPF90 (Misztal et al., 2002).

Fotos: Gabriel Becco



σ_e^2
 μ
 h^2
 σ_a^2



Características Apresentadas Neste Sumário

A principal motivação deste sumário é a apresentação de valores genéticos genômicos, em forma de DEPG (Diferença Esperada na Progênie aprimorada pela Genômica), para resistência ao carrapato. Esse ectoparasita é o maior causador de prejuízos aos produtores de bovinos com origem taurina em regiões tropicais e subtropicais em todo o mundo, acarretando mortalidade dos animais; diminuição na fertilidade, no ganho de peso e na produção de leite; transmissão dos agentes causadores da tristeza parasitária bovina; danos ao couro; gastos com produtos químicos, instalações, equipamentos e mão de obra para o seu controle. A seleção de reprodutores mais resistentes a esse ectoparasita, se mostra uma excelente alternativa na busca de animais mais adaptados e produtivos, que viabilizem a redução no uso de carrapaticidas químicos na pecuária de corte. Adicionalmente, são apresentadas as DEPGs para características tradicionalmente avaliadas utilizando-se, além dos genótipos dos touros e de alguns de seus filhos, das informações fenotípicas e de pedigree históricas existentes, sendo elas peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao sobreano (PS) e perímetro escrotal ao sobreano (PE), além da DEPG materna para a característica PD (denominada de maternal, neste sumário).

DEPG Resistência ao Carrapato: diferença esperada na progênie aprimorada pela genômica para efeito direto na resistência ao carrapato. Essa característica é avaliada pela média de duas a três contagens consecutivas de fêmeas adultas (teleóginas) de carrapatos maiores que 4 mm em toda a lateral do corpo do bovino. As contagens foram transformadas em escala logarítmica e as DEPG são apresentadas em unidades de desvio padrão. Quanto menor a DEPG para essa característica menor a contagem de carrapatos e consequentemente maior a resistência transmitida pelo reprodutor a sua progênie.

DEPG PN: diferença esperada na progênie aprimorada pela genômica para efeito direto do peso ao nascer (PN), a qual prediz a habilidade de

um animal em transmitir genes para crescimento pré-natal à sua progênie, expressa em Kg. É uma característica importante, uma vez que o aumento do PN está diretamente relacionado à dificuldade de parição. A escolha de reprodutor com DEPG PN baixas ou negativas deve manter o PN estabilizado no rebanho, evitando problemas de partos distócitos, principalmente em novilhas.

DEPG PD: diferença esperada na progênie aprimorada pela genômica para efeito direto do peso ao desmame (PD), a qual prediz a capacidade de um touro em transmitir à sua progênie genes que afetam o crescimento do nascimento ao desmame, expresso em Kg. Todos os pesos ao desmame foram ajustados para 205 dias de idade. Esse é um parâmetro útil para selecionar precocidade de crescimento no rebanho.

DEPG Maternal: diferença esperada na progênie aprimorada pela genômica para efeito maternal ao desmame, a qual prediz a diferença esperada em peso ao desmame dos produtos das filhas do reprodutor avaliado em relação a outros reprodutores, expressa em Kg, devido às diferenças na habilidade maternal (por exemplo, produção de leite). Esta DEPG Maternal refere-se à influência da vaca no peso ao desmame de seus produtos.

DEPG PS: diferença esperada na progênie aprimorada pela genômica para efeito direto do peso ao sobreano (PS), expressa em Kg, a qual prediz a capacidade de um touro em transmitir à sua progênie genes de crescimento do nascimento ao sobreano. Todos os pesos ao sobreano foram ajustados para 500 dias de idade. Ferramenta para selecionar velocidade de crescimento no rebanho, principalmente porque este peso está mais próximo do peso em que os animais são normalmente abatidos.

DEPG PE: diferença esperada na progênie aprimorada pela genômica para efeito direto no perímetro escrotal (PE). Prediz a habilidade de um animal em transmitir genes que afetam o crescimento testicular à sua progênie. O PE é uma característica indicadora de precocidade sexual e

extremamente importante na seleção de bovinos de corte pela correlação favorável com fertilidade, precocidade sexual e velocidade de crescimento.

Na Tabela 1 estão listadas as características de interesse produtivo e de contagem de carrapatos, assim como suas respectivas distribuições de valores observados e DEPG.

Tabela 1. Distribuição dos valores observados e diferenças esperadas na progênie aprimoradas pela genômica (DEPG) de touros das raças Hereford e Braford.

Característica	Média \pm dp ¹	Número de registros ²	Média \pm dp ¹ da DEPG	Mínimo da DEPG	Máximo da DEPG
Contagem de Carrapatos (Un de dp)	36,3 \pm 45,2	8.004	0,00 \pm 1,00	-6,10	3,20
Peso ao Nascer (Kg)	32,8 \pm 5,3	109.566	0,32 \pm 1,11	-6,40	4,78
Peso ao Desmame (Kg)	178,3 \pm 33,5	112.832	1,61 \pm 3,38	-13,10	11,56
Maternal (Kg)	178,3 \pm 33,5	112.832	-0,39 \pm 2,10	-9,32	10,95
PS (Kg)	300,3 \pm 67,1	58.893	2,59 \pm 4,94	-9,97	26,17
PE (cm)	30,5 \pm 3,6	14.987	0,11 \pm 0,39	-1,13	1,46

¹ dp = desvio padrão

² Número de fenótipos obtidos do banco de dados histórico dos criadores participantes

Como Interpretar o Sumário

As avaliações genéticas expressas em DEPG, assim como a DEP tradicional, predizem o desempenho médio esperado dos filhos de um determinado reprodutor em relação à média da população avaliada. O material genético é transmitido dos pais para a sua prole por meio de seus gametas. Os cromossomos têm um valor genético determinado pelo

material genético que contém e, durante a formação dos gametas, cada par pode sofrer recombinações e são distribuídos ao acaso, fazendo com que gametas do mesmo pai carreguem diferentes materiais genéticos. A média dos valores genéticos dos gametas produzidos por um pai, estima a capacidade de transmissão desse indivíduo. Como metade do patrimônio genético dos filhos vem da mãe e metade do pai, a DEPG equivale à metade do VGG.

As DEPGs devem ser usadas na comparação entre reprodutores de acordo com os exemplos abaixo:

EX.1. Neste sumário, considere a característica Peso ao Sobreano (PS). Assuma que a DEPG para um determinado touro "X" é de 6 kg, e a DEPG para outro touro "Z" é de 10 kg. A diferença entre o touro X e o touro Z é de 4 kg, para a característica PS. Isto significa que podemos esperar que a progênie do touro Z tenha 4 kg a mais para PS do que a média da progênie do touro X. Os 4 kg refletem a diferença dos valores genéticos dos gametas produzidos por cada touro. Na Figura 1 abaixo se podem observar as posições dos touros X e Z, na população.

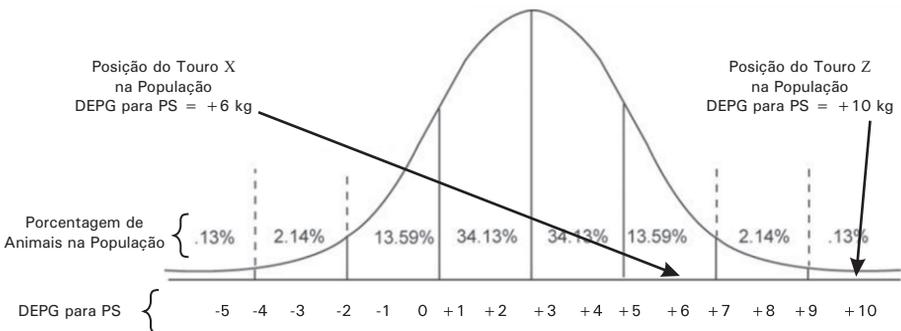


Figura 1. Gráfico ilustrativo do exemplo 1 - Peso ao Sobreano (PS).

EX.2. No caso da DEPG resistência ao carrapato a interpretação é semelhante a do EX.1. Porém, como esta característica não tem distribuição normal, foi feita uma transformação logarítmica das contagens antes da estimativa das DEPGs. As DEPGs foram

posteriormente divididas pelo respectivo desvio-padrão. Portanto, as DEPGs para resistência ao carrapato são expressas em “unidade de desvio-padrão” do logaritmo do número de carrapatos. Desta forma, se um determinado touro “K” tem a DEPG de -2 (dois negativo) e a DEPG para outro touro “D” é de 1 (um positivo), então o touro K produzirá em média, filhos com 3 (três) desvios-padrão mais resistentes ao carrapato do que o touro D, comparando dentro de toda a população avaliada. Na Figura 2 abaixo se podem observar as posições dos touros K e D, na população, sendo que neste caso, vale lembrar que quanto menor a DEPG para carrapato, melhor o reprodutor, porque menos carrapatos sua progênie terá.

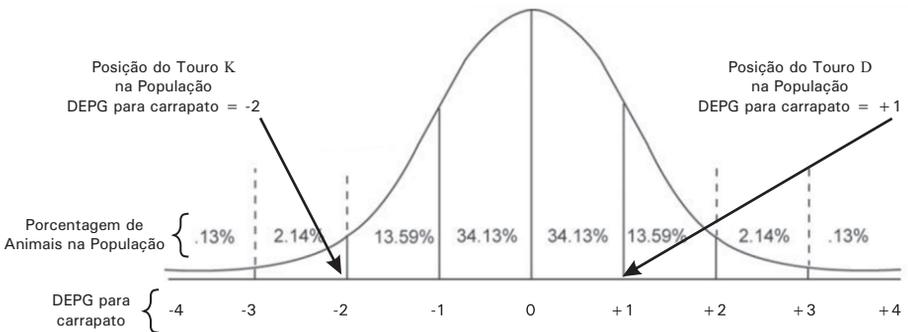


Figura 2. Gráfico ilustrativo do exemplo 2 - Resistência ao Carrapato.

Os valores das DEPGs, da mesma forma que as DEPs tradicionais, podem mudar de uma avaliação para outra, à medida que novas informações de genótipos, fenótipos e pedigree são agregadas na avaliação genômica.

Base Genética. A comparação de DEPs tradicionais ou genômicas apresentadas por diferentes sumários, mesmo dentro de uma mesma raça, não é válida, pois as populações, metodologias de análise dos dados e referências de cada sumário diferem. É comum o mesmo animal ser avaliado em dois programas e suas DEPs terem valores diferentes. As DEPs e DEPGs devem ser comparadas entre animais de mesma raça e avaliadas no mesmo programa de melhoramento utilizando a mesma

base genética. Uma base genética pode ser definida como um grupo de animais com DEP ou DEPG média igual a zero. Este grupo pode ser definido arbitrariamente. Por exemplo, uma base pode ser definida fixando-se como zero a média dos animais nascidos em determinado ano. Na maioria das vezes, para sistemas que usam o modelo animal com todas as relações de parentesco conhecidas, o padrão é usar a DEP ou DEPG média dos animais base como zero (assim foi feito nesta avaliação). Animais base são aqueles cujos pais são desconhecidos, aqueles do topo de cada pedigree. Embora a escolha da base seja arbitrária, uma vez escolhida, todas as DEPs ou DEPGs são relativas àquela base.

Acurácia. As diferenças esperadas na progênie são estimativas da capacidade de transmissão que têm fontes de informações variadas de um indivíduo para outro. Portanto, a precisão (ou acurácia) com que cada DEPG é estimada também varia. Para indivíduos com muitas informações fenotípicas acrescidas ou não de informações genotípicas, a acurácia para se estimar a DEPG será mais alta. Por outro lado, indivíduos que possuem poucos filhos têm baixa acurácia para a DEPG. A acurácia também pode ser definida como uma correlação entre o valor genético verdadeiro e o valor predito, ou seja, ela mede o quão próxima essa predição está do valor verdadeiro. Assim, quanto maior a acurácia, menor a mudança da DEPG do animal em futuras avaliações com mais informações.

Para cada avaliação, uma acurácia é obtida e publicada junto com a DEPG. Existem diferentes maneiras de se estimar a acurácia e no presente sumário foi utilizada a recomendada pela “Beef Improvement Federation”. Apesar dos métodos para se calcular a acurácia diferirem dependendo do programa de melhoramento que as estima, o que elas têm em comum são os seus valores que sempre variam de 0 a 1. Quanto mais próximo de 1, maior é a acurácia.

Apesar dos valores de acurácia publicados junto com as DEPGs refletirem a quantidade de informações disponíveis, não se deve utilizá-los para fazer seleção. Se um indivíduo tem uma DEPG alinhada com o

objetivo do programa dos produtores, este indivíduo pode ser usado independentemente de sua acurácia. Ou seja, a decisão de seleção deve ser baseada na DEPG e não na acurácia. Para machos, por exemplo, a acurácia pode ser usada para determinar a extensão (intensidade) com que cada indivíduo deve ser usado no rebanho. Pois, um produtor pode querer limitar o uso de um animal com baixa acurácia, enquanto que um macho com muitas progênes e, portanto, com alta acurácia, pode ser usado mais intensivamente no rebanho. Nesse contexto, a acurácia tem sido utilizada como um método de se manejar riscos. A acurácia associada à DEPG média de vários indivíduos é maior que aquela associada à DEPG de um único indivíduo. Portanto, uma maneira de se lidar com valores baixos de acurácia é selecionar grupos de animais. Quanto maior o grupo, melhor será a acurácia da DEPG média deste grupo.

Percentil. Indica a posição relativa do animal quanto a sua avaliação genética (DEPG), para cada característica avaliada, considerando o total de animais participantes desta avaliação (todos os touros utilizados nas fazendas participantes e não somente os genotipados). Tem a finalidade de classificar de forma rápida e objetiva as DEPGs de um determinado touro em relação aos demais touros participantes da análise. O percentil varia de 0,1 a 100%. Por exemplo: um touro com percentil 5 em uma dada característica indica que ele está entre os 5% melhores desta avaliação.

A seguir são apresentadas em tabelas separadas as DEPGs para touros Braford (pág. 24) e touros Hereford (pág. 26). Embora a base seja única e os VGGs comparáveis entre os touros avaliados dessas duas raças, recomenda-se a comparação e seleção de touros dentro de raça, uma vez que a efetiva diferença observada na progênie em populações multirraciais, dependerá também da composição racial das vacas com as quais os touros forem acasalados e o conseqüente grau de sangue e nível de heterose de suas progênes.

TABELA DE TOUROS BRAFORD

Nome do touro Registro	Nascimento Grau de sangue	Nome no registro	Resistência ao carrapato		PN		PD		Maternal		PS		PE		
			Contagens ¹ Genótipos ²	DEPG (%) AC ⁴	DEPG (%) AC										
													AC ³	DEPG (%)	AC
ANGICO CCG.120290	26/9/2006 3/8	CATY 38-F725 (ANGICO)	5	0,39 (65)	0,31 (50)	2,11 (14)	-0,7 (70)	6,9 (3)	0,71 (2)	0,27	0,65	0,57	0,20	0,44	0,40
ARAGANO CCG.103191	21/10/2005 3/8	CATY 38-E219 (ARAGANO)	4	1,61 (95)	-0,22 (31)	3,6 (6)	-0,6 (68)	4,8 (7)	-0,45 (81)	0,23	0,52	0,46	0,15	0,39	0,29
BIG BROTHER CCG.73647	21/9/2001 3/8	PITANGUEIRA 38-A252 (BIG BROTHER)	60	-1,27 (10)	1,09 (75)	5,8 (1)	-1,4 (81)	8,8 (1)	0,03 (36)	0,55	0,89	0,84	0,56	0,77	0,68
CASANOVA PS.58734	29/8/1998 3/8	PAMPIANO 38-A198 (CASA NOVA)	13	-1,26 (10)	0,03 (40)	0,9 (22)	1,4 (32)	-0,6 (34)	-0,02 (41)	0,31	0,64	0,50	0,13	0,23	0,07
CAUDILHO CCG.103192	29/8/1998 3/8	CATY 38 - E338 (CAUDILHO)	4	-0,65 (26)	0,60 (60)	-4,2 (78)	2,0 (22)	3,2 (12)	-0,87 (98)	0,26	0,61	0,54	0,19	0,47	0,32
DON JUAN CCG.115489	25/9/2006 3/8	GUATAMBU 38- F524 (DON JUAN)	2	-0,04 (15)	0,08 (41)	0,8 (24)	-0,2 (60)	-1,6 (42)	-0,37 (75)	0,15	0,6	0,51	0,11	0,49	0,38
DOSEQUIS EST.IA-B015	28/3/2001 3/8	CHADWICK DOWNS DOS EQUIJS	92	-0,44 (33)	-0,24 (31)	4,3 (4)	-1,7 (84)	4,3 (8)	-0,79 (96)	0,59	0,84	0,80	0,45	0,74	0,76
DUQUE CCG.39122	24/9/1997 1/4	ALVORADA 14- T1724 (DUQUE)	219	-1,19 (12)	-0,06 (37)	3,4 (7)	1,9 (23)	3,8 (10)	0,29 (15)	0,57	0,90	0,87	0,67	0,84	0,78
FORMULA -1 CCG.101292	15/10/2004 3/8	CHAPADA 38-852670 (FORMULA 1)	34	-1,17 (12)	0,56 (59)	3,1 (8)	-0,9 (73)	-0,3 (32)	-0,34 (73)	0,49	0,80	0,74	0,20	0,62	0,50
GURI PS.15721	28/9/1993 3/8	PAMPIANO 38- 1544 (GURI)	0	NA	0,94 (71)	0,3 (35)	0,4 (50)	-0,3 (32)	0,17 (24)	NA	0,55	0,41	0,08	0,17	0,12
IMPORTANTE CCG.116188	23/8/2006 3/8	SINA SINA 38-F174	12	0,05 (52)	0,53 (57)	2,4 (12)	1,7 (27)	8,0 (2)	-0,1 (40)	0,35	0,60	0,48	0,18	0,35	0,26
JAKAO CCG.94550	5/9/2004 3/8	SÃO LUIZ JAKAO 38-0134 DA PEDRO SURREAU	18	2,85 (100)	0,23 (47)	2,3 (12)	-4,6 (99)	-1,4 (40)	-0,45 (81)	0,38	0,72	0,62	0,13	0,53	0,42
MARECHAL CCG.104262	6/10/2003 3/8	SÃO JOSE 38-R139 MARECHAL	4	0,48 (68)	-0,23 (31)	2,2 (13)	0,4 (50)	-5,1 (70)	0,24 (19)	0,19	0,75	0,67	0,12	0,25	0,19
MATEAMARGO CCG.103902	15/10/2005 3/8	CATY 38-E346 (MATE AMARGO)	4	-0,63 (26)	1,39 (83)	5,3 (2)	-0,8 (72)	9,9 (1)	0,30 (15)	0,22	0,51	0,43	0,16	0,32	0,23
MILIONARIO CCG.90741	24/9/2002 3/8	BELVISTA 38-5784 (MILIONARIO)	25	1,19 (88)	1,65 (88)	-0,2 (33)	0,4 (50)	-5,2 (70)	0,18 (23)	0,44	0,75	0,60	0,10	0,44	0,18

TABELA DE TOUROS BRAFORD (Continuação...)

Nome do touro Registro	Nascimento Grau de sangue	Nome no registro	Resistência ao carrapato		PN	PD		Maternal		PS	PE	
			Contagens ¹ Genótipos ²	DEPG (%) AC ⁴		DEPG (%) AC	DEPG (%) AC	DEPG (%) AC	DEPG (%) AC		DEPG (%) AC	
PAISANO CCG.84795	2/10/2002 3/8	BELVISTA 38-5804 (PAYSANO)	1	-1,07 (14) 0,11	0,44 (54) 0,78	0,5 (26) 0,70	0,0 (58) 0,14	3,4 (11) 0,54	0,11 (28) 0,32			
PARCEIRO CCG.107427	1/10/2005 3/8	ALVORADA 38- E559 (PARCEIRO)	25	-1,98 (2) 0,43	-0,81 (16) 0,78	1,0 (22) 0,71	-0,3 (63) 0,20	1,7 (19) 0,66	0,65 (3) 0,55			
PATRIOTA CCG.95618	3/11/2004 3/8	BELVISTA 38-7180 (PATRIOTA)	7	-0,71 (24) 0,21	-0,47 (24) 0,62	0,4 (28) 0,53	0,7 (44) 0,05	1,4 (21) 0,40	0,11 (28) 0,21			
PITOCO CCG.81719	17/11/2002 3/8	PITANGUEIRA 38- B859 (PITOCO)	7	-0,09 (46) 0,13	1,17 (78) 0,74	3,2 (8) 0,65	0,0 (57) 0,24	5,8 (5) 0,53	-0,29 (68) 0,40			
PORTINARI CCG.88982	11/9/2002 3/8	GUATAMBU 38- B1089 (PORTINARI)	14	-1,71 (4) 0,26	-1,13 (10) 0,76	0,4 (28) 0,69	6,4 (0,1) 0,37	4,1 (9) 0,64	0,75 (1) 0,59			
RETRUCO CG.85027	15/10/2002 1/4	CATY 14-B117 (RETRUCO)	9	-3,69 (0,1) 0,26	0,64 (61) 0,73	6,0 (1) 0,66	0,7 (45) 0,25	2,2 (17) 0,54	1,07 (0,1) 0,44			
SEPE CG.36500	8/9/1996 3/8	PAMPIANO 38- 3666 (SEPE)	20	0,72 (76) 0,40	0,12 (43) 0,76	3,7 (6) 0,68	-5,2 (100) 0,34	0,6 (26) 0,57	0,08 (32) 0,42			
TIGRAO CG.55885	22/10/1999 3/8	GUATAMBU 38- V432 (TIGRAO)	37	0,29 (61) 0,26	1,22 (79) 0,79	2,7 (10) 0,73	1,5 (30) 0,42	2,6 (15) 0,68	0,10 (29) 0,56			

¹ Contagens = Número de filhos do touro com contagem de carrapatos

² Genótipos = Filhos que foram genotipados

³ Estimativa da DEPG acompanhada do percentil

⁴ Acurácia da DEPG

NA = Não Avaliado

TABELA DE TOUROS HEREFORD

Apelido Registro	Nascimento	Nome no registro	Resistência ao carrapato		PN		PD		Maternal		PS		PE		
			Contagens ¹ DEPG (%) ³		DEPG (%)		DEPG (%)		DEPG (%)		DEPG (%)		DEPG (%)		
			AC ⁴	AC	AC	AC	AC	AC	AC	AC	AC	AC	AC	AC	
BOOMER EST. IA-442	20/2/2001	FORC 29F BOOMER 18L	24	1,53 (94)	-2,69 (0,5)	-2,8 (63)	3,2 (9)	3,1 (13)	-0,23 (63)	0,23	0,71	0,56	0,13	0,46	0,36
CHARRUA EST. 7997	6/9/1999	SANTA INÉS DELIVERANCE 5-18-27 (CHARRUA)	25	0,46 (68)	0,32 (50)	1,4 (19)	0,4 (49)	2,1 (17)	0,40	0,72	0,63	0,15	0,52	0,44	
DELTA600 PO.220181	25/8/2000	DELTA G AWESOME XP600	18	0,58 (72)	2,20 (95)	3,4 (7)	-0,4 (64)	7,2 (2)	0,21	0,66	0,58	0,25	0,54	0,46	
F36206NOG PC.158090	16/9/2006	ALVORADA F362	5	1,12 (87)	1,36 (82)	6,4 (1)	-0,6 (68)	26,2 (0,1)	0,18	0,43	0,33	0,08	0,33	0,30	
FERRUGEM PC.157746	6/9/2006	SINA SINA F293	13	1,00 (84)	0,74 (65)	-0,5 (37)	0,4 (50)	3,3 (12)	1,00 (84)	0,74 (65)	-0,5 (37)	0,4 (50)	3,3 (12)	1,01 (0,1)	
GAUDI LA.3927	12/9/2003	GUATAMBU C1536 (GAUDI)	33	0,99 (84)	1,46 (85)	4,9 (3)	-5,7 (99)	14,3 (0,1)	0,39	0,71	0,63	0,26	0,58	0,49	
GRANDHOTEL LA.3498	8/9/2001	GUATAMBU A1537 (GRANDHOTEL)	7	0,82 (79)	-0,63 (20)	8,6 (0,1)	-4,4 (99)	14,6 (0,1)	0,23	0,63	0,54	0,16	0,50	0,44	
GRS.V1530 PC.129989	30/8/1999	GUATAMBU V1530	16	2,08 (98)	0,65 (62)	1,2 (20)	3,0 (11)	5,2 (6)	0,10	0,61	0,52	0,27	0,48	0,39	
H150688ALV LA.1010	25/9/1988	ALVORADA H1506- 88 (HH)	0	NA	0,42 (53)	3,0 (9)	-9,3 (99)	6,6 (3)	NA	0,88	0,85	0,70	0,81	0,70	
MILKER EST. IA-383	10/5/1993	KE MILKER 381C	15	1,50 (93)	-0,15 (33)	7,8 (0,5)	1,7 (26)	16 (0,1)	1,50 (93)	-0,15 (33)	7,8 (0,5)	1,7 (26)	16 (0,1)	1,08 (0,1)	
PAPANOEL EST. IA-496	22/5/2001	WERT X1839 KILLER KAISERVISION TE	2	0,36	0,81	0,76	0,53	0,72	2,03 (98)	2,80 (99)	-0,2 (34)	-2,4 (91)	-1,8 (43)	-0,29 (68)	
SATANAS EST. IA-463	24/6/1998	GAUICOS X7831 TE SATANAS	11	1,39 (92)	1,57 (87)	3,5 (7)	-3,0 (95)	3,2 (12)	0,28	0,43	0,32	0,07	0,29	0,14	
SURENO EST. IA-490	28/6/2000	WERT X1585 SUREÑO TE	35	1,77 (96)	0,36 (51)	2,0 (14)	-0,4 (66)	-6,2 (77)	0,21	0,50	0,34	0,09	0,27	0,14	
TANNAT PC.151183	20/9/2005	GUATAMBU E1600 (TANNAT)	4	0,37	0,79	0,71	0,29	0,66	1,46 (93)	0,87 (69)	7,4 (0,5)	-0,9 (72)	14,6 (0,1)	0,16 (24)	
			2	0,25	0,64	0,54	0,23	0,39	0,25	0,64	0,54	0,23	0,39	0,36	

TABELA DE TOUROS HEREFORD (Continuação...)

Apelido Registro	Nascimento	Nome no registro	Resistência ao carrapato		PN	PD		Maternal		PS	PE	
			Contagens ¹ Genótipos ²	DEPG (%) AC ⁴		DEPG (%) AC	DEPG (%) AC	DEPG (%) AC	DEPG (%) AC		DEPG (%) AC	
TAPERA PC.141365	12/9/2001	GUATAMBU A1573 - TAPERA	4	0,72 (76)	0,47 (55)	6,8 (1)	-1,8 (85)	11,8 (0,1)	-0,27 (67)	0,46	0,39	
V1709 PC.129406	17/8/1999	ALVORADA V1709	11	0,55 (71)	1,40 (83)	4,5 (4)	-4,0 (98)	7,3 (2)	0,95 (0,5)	0,54	0,46	
VICTORZ376 PC.137486	10/9/2000	ALVORADA Z376	0	NA	0,97 (72)	7,1 (0,5)	-0,3 (63)	22,9 (0,1)	0,78 (1)	0,38	0,31	

¹ Contagens = Número de filhos do touro com contagem de carrapatos

² Genótipos = Filhos que foram genotipados

³ Estimativa da DEPG acompanhada do percentil

⁴ Acurácia da DEPG

NA = Não Avaliado

Estâncias que Participaram do Presente Trabalho

a) ESTÂNCIA CATY

Proprietário: Agropecuária Caty em Santana do Livramento – RS

Contato: (55) 3242 4850 / (55) 3505 6046

E-mail: caty@caty.com.br

Site: www.caty.com.br

b) ESTÂNCIA GUATAMBU

Proprietário: Valter José Pötter em Dom Pedrito – RS

Contato: (53) 3243 3253 / (53) 3503 1227

E-mail: guatambu@estanciaguatambu.com.br

Site: www.estanciaguatambu.com.br

c) ESTÂNCIA SÃO BENTO

Proprietário: Maria Regina Braga Eichenberg em Dom Pedrito – RS

Contato: (51) 3328 9626

E-mail: lucas@eichenberglobato.com.br

d) ESTÂNCIA SÃO MANOEL

Proprietário: Alfeu de Medeiros Fleck em Alegrete – RS

Contato: (55) 3422 3515 / (55) 9974 1237

E-mail: alfeufleck@via-rs.net ; pcfleck@via-rs.net

Site: www.boibao.com.br/platanos

e) ESTÂNCIA SILÊNCIO

Proprietário: Carlos Edmundo Cirne Lima Eichenberg em Alegrete – RS

Contato: (55) 3505 4822

E-mail: eichenberg@brturbo.com

f) FAZENDA ALVORADA

Proprietário: José Ivo Zart em Dom Pedrito – RS

Contato: (53) 3243 3211 / (53) 9972 0531

E-mail: fazendaalvorada@brturbo.com.br

g) **FAZENDA CHALÉ**

Proprietário: Grupo Pitangueira em Itaqui – RS

Contato: (55) 3433 2255 / (55) 3433 2157

E-mail: pecuaria@pitangueira.com.br

Site: www.pitangueira.com.br

Equipe Participante do Projeto

MEMBRO

Adriano da Silva Ramir
 Alexandre R. Caetano
 Ana Carolina de Souza Chagas
 Andréa Plotzki Reis
 Ariovaldo Cebajos da Silva
 Bernardo Macke Frank
 Claudia C. Gúlias Gomes
 Cledion Colares Legel
 Elizângela Guedes
 Estefania Damboriarena
 Fernanda Varnieri Brito
 Fernando Flores Cardoso
 Henrique Nunes de Oliveira
 Ignácio Aguilar
 Jonas José Rocha Fagundes
 José Braccinni Neto
 Juan Pedro Steibel
 Elena Lucía Kelly
 Lucía G. de Albuquerque
 Luciana C. A Regitano
 Márcia Cristina de Sena Oliveira
 Márcio J. C. Irala
 arco Antonio Machado
 Marcos Jun-Iti Yokoo
 Marcos V. G. B. Silva
 Maria Eugênia Mercadante
 Mário Luiz Piccoli
 Maurício Morgado de Oliveira
 Michel E. B. Yamagishi
 Monica Correa Ledur
 Nelson José Laurino Dionello
 Leandro Quintana Nizoli
 Patrícia Bieglmeyer
 Paulo Campos de Figueiredo
 Paulo Rogério Barreto Severo
 Poliana Fernanda Giachetto
 Ricardo Brito Franco
 Roberto Hiroshi Higa
 Roberto Augusto de A Torres Jr.
 Ronyere Olegário de Araújo
 Samuel Rezende Paiva
 Sérgio Silva da Silva
 Valter José Pötter
 Vanerlei M. Roso
 Wagner Antonio Arbex

INSTITUIÇÃO/FUNÇÃO

Embrapa Pecuária Sul – Assistente de campo
 Embrapa Biotecnologia e Recursos Genéticos – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sudeste – Pesquisador
 UNIPAMPA – Bolsista IC Fapergs
 Embrapa Pecuária Sul – Assistente de campo
 Embrapa Pecuária Sul – Técnico agrícola
 Embrapa Pecuária Sul – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sul – Assistente de campo
 CAPES – Bolsista de Pós-doutorado
 Embrapa Pecuária Sul – Transferência de Tecnologia
 Gensys – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sul – Pesquisador
 UNESP – Jaboticabal – Pesquisador
 INIA (Uruguai) – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sul – Assistente de campo
 UFRGS – Pesquisador
 Michigan State University – Pesquisador
 INIA (Uruguai) – Pesquisador
 UNESP – Jaboticabal – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sudeste – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sudeste – Pesquisador
 URCAMP – Bolsista Iniciação Científica da FAPERGS
 Embrapa Gado de Leite – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sul – Pesquisador
 Embrapa Gado de Leite – Pesquisador
 Instituto de Zootecnia-SP – Pesquisador
 Gensys – Pesquisador
 CAPES – Pós-doutorado
 Embrapa Informática Agropecuária – Pesquisador
 Embrapa Suínos e Aves – Pesquisador
 UFPEl – Pesquisador
 UFPEl – Pesquisador
 UFPEl – Doutoranda
 Embrapa Pecuária Sul – Veterinário
 Embrapa Pecuária Sul – Assistente de campo
 Embrapa Informática Agropecuária – Pesquisador
 Embrapa Pecuária Sul – Assistente de campo
 Embrapa Informática Agropecuária – Pesquisador
 Embrapa Gado de Corte – Pesquisador
 UnB – Doutorando em Ciências Animais
 Embrapa Biotecnologia e Recursos Genéticos – Pesquisador
 UFPEl – Pesquisador
 Conexão Delta G – Presidente
 Gensys – Pesquisador
 Embrapa Gado de Leite – Analista

Referências

Aguilar, I.; Misztal, I.; Johnson, D.L.; et al. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **J. Dairy Sci.**, v. 93, p. 743 – 752, 2010.

Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium (2009). The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. **Science**, 324(5926), 522-833, 2009.

Garrick, D.J. The Nature, Scope And Impact Of Some Whole-Genome Analyses In Beef Cattle. **Proceeding** of the 9th WCGALP, Leipzig, Germany. 2010.

Hayes, B.J.; Bowman, P.J.; Chamberlain, A.J. et al. Invited review: genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. **J. Dairy Sci.**, v.92, p.433-443, 2009.

Meuwissen, T. H. E.; Karlsen, A.; Lien, S.; Olsaker, I.; Goddard, M. E. Fine mapping of a quantitative trait locus for twinning rate using combined linkage and linkage disequilibrium mapping. **Genetics**, v. 161, p. 373 - 379, 2002.

Meuwissen, T. H. E; Hayes, B.; Goddard, M .E. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, p. 1819 – 1829, 2001.

Misztal, I.; Legarra, A.; Aguilar, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **J. Dairy Sci.**, v. 92, p. 4648 – 4655, 2009.

Misztal,I., Tsuruta,S., Strabel,T., Auvray,B., Druet,T. and Lee,D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). **Proceedings...** 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montepelier, France. CD-ROM communication, vol. 28, p. 07. 2002.

Tibshirani, R. Regression shrinkage and selection via the LASSO. **J. R. Stat. Soc. B**, v. 58, p. 267 - 288, 1996.

VanRaden, P.M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **J. Dairy Sci.**, v. 91, p. 4414 – 4423, 2008.

VanRaden, P.M.; Van Tassell, C. P.; Wiggans, G. R.; Sonstegard, T. S.; Schnabel, R. D.; Taylor, J. F.; Schenkel, F. S. Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. **J. Dairy Sci.**, v.92, p.16-24, 2009.

Embrapa

Pecuária Sul

PATROCÍNIO:



APOIO:



CGPE 9978

Ministério da
**Agricultura, Pecuária
e Abastecimento**

**GOVERNO
FEDERAL**