

# Documentos

ISSN 1983-974X  
Novembro, 2007

170

## Genética Molecular Aplicada à Qualidade da Carne Bovina





ISSN 1983-974X

Novembro, 2007

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

## **Documentos 170**

# **Genética Molecular Aplicada à Qualidade da Carne Bovina**

*Fabiane Siqueira  
Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior  
Luciana Correia de Almeida Regitano  
Gelson Luís Dias Feijó*

Embrapa Gado de Corte  
Campo Grande, MS  
2007

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

**Embrapa Gado de Corte**

Rodovia BR 262, Km 4, CEP 79002-970 Campo Grande, MS

Caixa Postal 154

Fone: (67) 3368 2083

Fax: (67) 3368 2180

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

E-mail: [publicacoes@cnpqc.embrapa.br](mailto:publicacoes@cnpqc.embrapa.br)

**Comitê de Publicações da Unidade**

Presidente: *Cleber Oliveira Soares*

Secretário-Executivo: *Wilson Werner Koller*

Membros: *Antonio do Nascimento Rosa, Ecila Carolina Nunes Zampieri Lima, Geraldo Augusto de Melo Filho, Gracia Maria Soares Rosinha, Lúcia Gatto, Manuel Antônio Chagas Jacinto, Maria Antonia Martins de Ulhôa Cintra, Tênisson Waldow de Souza, Wilson Werner Koller*

Supervisão editorial: *Ecila Carolina Nunes Zampieri Lima*

Revisão de texto: *Lúcia Helena Paula do Canto*

Normalização bibliográfica: *Elane de Souza Salles*

Editoração eletrônica e Tratamento de ilustrações: *Ecila Carolina N. Z. Lima*

Foto da capa: *Arquivo Embrapa Gado de Corte*

**1ª edição**

1ª impressão (2007): 500 exemplares

**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 Gado de Corte.**

---

Genética molecular aplicada à qualidade da carne bovina / Fabiane Siqueira... [et al.].

-- Campo Grande, MS : Embrapa Gado de Corte, 2007.

40 p. ; 21 cm. -- (Documentos / Embrapa Gado de Corte, ISSN 1983-974X ; 170).

Autores: Fabiane Siqueira; Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior; Luciana Correia de Almeida Regitano; Gelson Luis Dias Feijó.

1. Bovino de corte. 2. Melhoramento genético animal. 3. Genética molecular. 4. Carne-qualidade da. 5. Marcador molecular. 6. Maciez. Marmoreio. I. Siqueira, Fabiane. II. Torres Júnior, Roberto Augusto de Almeida. III. Regitano, Luciana Correia de Almeida. IV. Feijó, Gelson Luis Dias. V. Embrapa Gado de Corte (Campo Grande, MS). VI. Série.

---

CDD 636.213 (21.ed.)

© Embrapa Gado de Corte 2007

## **Autores**

### **Fabiane Siqueira**

Bióloga, D.Sc. em Genética, pesquisadora da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, [fabiane@cnpqc.embrapa.br](mailto:fabiane@cnpqc.embrapa.br)

### **Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior**

Engenheiro Agrônomo, Ph.D. em Melhoramento Animal, pesquisador da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, [rtorres@cnpqc.embrapa.br](mailto:rtorres@cnpqc.embrapa.br)

### **Luciana Correia de Almeida Regitano**

Médica-Veterinária, D.Sc. em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, [luciana@cnpse.embrapa.br](mailto:luciana@cnpse.embrapa.br)

### **Gelson Luís Dias Feijó**

Médico-Veterinário, Ph.D. em Ciência Animal, pesquisador da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, [fejogld@cnpqc.embrapa.br](mailto:fejogld@cnpqc.embrapa.br)



## **Agradecimentos**

À Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul (Fundect – Processo N° 23/200.164/2007), ao Sistema Embrapa de Gestão (Macroprograma 1 01.05.1.02.00.00 e Macroprograma 3 03.07.05.008.00.00) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq/PIBIC), pelo apoio financeiro concedido, bem como à Associação dos Criadores de Bonsmara, Associação Brasileira de Criadores de Caracu, Alta Genetics, Lagoa da Serra, ABS Pecplan, e aos senhores Lício Isfer, Diomário Faustino de Barros, Sebastião Fogaça, Aguiar de Almeida Pereira, José Neves Ferreira e Flávio Fioravanti Júnior, que nos auxiliaram na obtenção das amostras de sêmen.





## Sumário

|  |           |
|--|-----------|
| <b>Resumo .....</b>  | <b>9</b>  |
| <b>Abstract.....</b>                                       | <b>11</b> |
| <b>Introdução .....</b>                                    | <b>12</b> |
| <b>Marcadores moleculares.....</b>                         | <b>14</b> |
| <b>Seleção assistida por marcadores .....</b>              | <b>17</b> |
| <b>Qualidade de carne .....</b>                            | <b>19</b> |
| <b>Marcadores moleculares para qualidade de carne.....</b> | <b>22</b> |
| <b>Testes de DNA para maciez e marmoreio .....</b>         | <b>29</b> |
| Testes de DNA para maciez .....                            | 30        |
| Testes de DNA para marmoreio .....                         | 30        |
| <b>Considerações finais .....</b>                          | <b>32</b> |
| <b>Referências .....</b>                                   | <b>33</b> |



# Genética Molecular Aplicada à Qualidade da Carne Bovina

---

*Fabiane Siqueira*

*Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior*

*Luciana Correia de Almeida Regitano*

*Gelson Luís Dias Feijó*

## Resumo

A manutenção da competitividade da bovinocultura de corte nacional nos mercados interno e externo implica a produção de carne com máxima eficiência e com um padrão de qualidade que atenda aos mercados mais exigentes. Dentre os fatores que determinam a qualidade da carne estão os atributos organolépticos e, dentre esses, a maciez é o principal quesito de avaliação ou apreciação por parte do consumidor. Sabe-se que há inúmeros fatores que afetam a maciez da carne bovina, como a raça do animal e os manejos pré e pós-abate. No entanto, mesmo existindo diferentes padrões de maciez entre as raças, a variação mais importante é aquela que ocorre em uma mesma raça. Por isso, a identificação precoce de animais que apresentam potencial para produção de carne mais macia, por meio da utilização de testes de DNA, constitui uma ferramenta importante para viabilizar a seleção dos reprodutores que possuam essas características, aumentando, assim, a qualidade da carne do rebanho comercial. Os ganhos genéticos poderão ser acelerados com a integração das descobertas sobre as bases genéticas e moleculares que regulam tais características aos programas de melhoramento clássico, permitindo a formação de rebanhos mais uniformes quanto às características dos produtos derivados. Para que o Brasil não só mantenha, mas também aumente sua competitividade no mercado mundial da carne, é extremamente importante

que essas novas tecnologias sejam incorporadas aos programas de melhoramento genético animal, a fim de gerar informações e conhecimentos que irão garantir novos avanços qualitativos e quantitativos em médio e longo prazos nos rebanhos zebuínos e cruzados. Um dos esforços da Embrapa Gado de Corte na busca da produção de conhecimentos científicos e tecnológicos necessários para a difusão e adoção desta nova tecnologia se concretizou com a criação, em 2007, da área de Biologia Molecular aplicada ao Melhoramento Animal, visando ao desenvolvimento de novos produtos e/ou processos que sejam capazes de agregar qualidade e valor econômico ao produto final.

**Termos para indexação:** bovinos, marcadores moleculares, melhoramento genético, testes de DNA.

# Molecular Genetics Applied to Beef Quality

---

## Abstract

*The maintenance of Brazilian beef cattle competitiveness in both internal and external markets implies in maximizing beef production and attending high quality standards determined by demanding costumers. In general, organoleptic traits are part of the immense number of quality factors aimed by costumers and beef tenderness, in particular, is critical for achieving customer satisfaction. Only in terms of beef tenderness, there are also several affecting factors and they extend from animal breed to any animal handling and post slaughter management practices. Although average breed differences are largely recognized as source of beef tenderness variation, the deviation inside a given breed is also of particular interest. Under this assumption, the early identification of animals with potential for producing tender meat using DNA tests is crucial for selecting improving bulls and obtaining meat quality improvement in commercial herds. Accelerated genetic gains might be obtained by introducing molecular genetics findings into classical genetic programs using phenotypic information. In order to keep or even increase Brazilian competitiveness in the world beef market it is extremely important that new molecular genetics technologies would be incorporated into genetics programs, which will generate information and knowledge for establishing quality and quantitative advances into the national crossbred and zebu cattle in the medium and long term. Embrapa Beef Cattle has accelerated its search for*

*scientific knowledge in the molecular biology field by implanting its Molecular Biology Applied to Genetics and Animal Breeding area in 2007. This area aims to adapt and develop new products and processes capable of aggregating quality and economic value to the Brazilian beef.*

**Index terms:** *bovine, molecular markers, animal breeding, DNA tests.*

## Introdução

As exigências dos consumidores por produtos de qualidade estão mobilizando os produtores e a indústria da carne a adequarem seus sistemas de produção com o objetivo de oferecerem um produto que apresente certas características qualitativas, como maciez, suculência, gordura e sabor. Quando são avaliados parâmetros que envolvem a qualidade da carne, a maciez é o fator de maior variabilidade, sendo a característica organoléptica mais valorizada pelo consumidor.

No cenário mundial, o Brasil apresenta o maior rebanho comercial de gado bovino (aproximadamente 170 milhões de cabeças); é o segundo maior produtor de carne bovina (aproximadamente 7 milhões de toneladas de equivalente-carcaça) e é o segundo em número de abates (30,5 milhões de animais) (ANUALPEC, 2007; IBGE, 2008). O maior rebanho bovino do País encontra-se no Estado de Minas Gerais (aproximadamente 20,9 milhões de cabeças); seguido por Mato Grosso (19,6 milhões de cabeças), Mato Grosso do Sul (17,4 milhões de cabeças) e Goiás (16,7 milhões de cabeças) (IBGE, 2008).

A cada ano o agronegócio brasileiro consolida sua importante posição no mercado, fruto do avanço tecnológico, do incremento na produtividade e da ocupação de novas áreas, ainda passíveis de incorporação ao processo produtivo. Segundo a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC, 2008), as exportações do agronegócio brasileiro tiveram faturamento de US\$ 4,424 bilhões em 2007, valor 13% superior aos US\$ 3,923 bilhões registrados em 2006.

Apesar de ser o líder mundial em tonelagem de carne bovina exportada, o País tem uma renda relativamente baixa, já que não exporta para os mercados de maior valor agregado, pois, além da questão do risco de febre aftosa nos rebanhos em algumas regiões, a carne brasileira, segundo alguns importadores, não é considerada de boa qualidade. Luchiani-Filho (2006) relata que para atender aos nichos de mercado de alta qualidade e valor agregado é fundamental aplicar uma estratégia que envolva desde a escolha do material genético, a adequação do sistema de produção até a padronização da oferta de matéria-prima (animais) às indústrias, principalmente quanto ao peso, idade e grau de acabamento.

Há inúmeros fatores que afetam a qualidade da carne, os quais são divididos em: aspectos pré-abate, como raça, sexo, idade, manejo e nutrição, e aspectos pós-abate, tais como velocidade de resfriamento das câmaras frigoríficas, quantidade de gordura subcutânea da carcaça, taxa de queda de pH, pH final e tempo de maturação (FELÍCIO, 1993; FELÍCIO, 1999). Dentre as variações de maciez observadas entre as raças, sabe-se que quanto maior a proporção de sangue zebuíno no rebanho, menores são os valores de maciez encontrados. Grande parte dessa variação deve-se a diferenças no complexo enzimático calpaína/calpastatina que atua na carne após o abate do animal (RUBENSAM et al., 1998).

Outro aspecto importante relacionado com a qualidade da carne bovina é a quantidade de gordura subcutânea no momento do abate, que também apresenta grande influência na maciez, pois, sem o mínimo de 3-5 milímetros de cobertura de gordura para proteger as carcaças do rápido resfriamento das câmaras frigoríficas, ocorre a desidratação, o escurecimento e o enrijecimento da carne (FIGUEIREDO, 2001).

Mesmo existindo diferentes padrões de deposição de gordura subcutânea (ECG), de maciez e de marmorização entre as raças, a variação mais importante é aquela que ocorre em uma mesma raça (KOOHMARAIE et al., 2003). Com isso, o conhecimento sobre os animais com potencial de carne mais macia é importante para selecionar os reprodutores que possuem essas características, de modo a aumentar a maciez da carne do rebanho comercial.

A maioria das características quantitativas de importância econômica para a produção animal é influenciada pelo ambiente e controlada por vários genes, cada um deles contribuindo com pequeno efeito na determinação fenotípica. Atualmente, é possível mapear genes ou conjuntos de genes que influenciam caracteres quantitativos e, nesse caso, identificar *Quantitative Trait Loci* (QTLs) pela utilização de marcadores genéticos em uma população-base com delineamento experimental específico, que origine desequilíbrio de ligação. Uma vez localizado o QTL, é possível obter informações quanto aos seus efeitos na característica em estudo, as quais podem ser utilizadas na seleção assistida por marcadores genéticos (MAS), que, em conjunto com a seleção por métodos quantitativos, poderá trazer ganhos genéticos em menor espaço de tempo.

Nesta revisão, serão feitas algumas considerações sobre a utilização de marcadores moleculares na produção animal visando à melhoria da qualidade da carne bovina. Além disso, alguns resultados preliminares de pesquisas conduzidas na Embrapa Gado de Corte também serão demonstrados. Ressalta-se que não há intenção de revisar todos os trabalhos já foram publicados sobre o assunto, mas sim mostrar algumas das pesquisas que estão sendo realizadas no Brasil e no mundo, com o intuito de melhorar a qualidade da carne bovina.

## Marcadores moleculares

A genética molecular experimentou um extraordinário progresso desde a descoberta da estrutura do DNA em 1953, por James Watson e Francis Crick, sendo a mais importante do século XX. Esse progresso incluiu o desenvolvimento de métodos de análise da estrutura e função do material genético, de equipamentos com capacidade para análise automatizada de grande quantidade de amostras, de métodos estatísticos e de ferramentas de informática, resultando na ciência conhecida como genômica. Porém, o desafio de elucidar os mecanismos determinantes da variação genética de características mais complexas, entre as quais figura a maioria das características de interesse econômico dos animais domésticos, ainda permanece por ser conquistado (REGITANO, 2004).



Essas características são, em geral, controladas por muitos genes, o que pode resultar em complexas interações alélicas e não-alélicas, além de serem influenciadas pelo ambiente. Diversos estudos têm demonstrado a possibilidade de mapear um dado gene ou bloco de genes adjacentes que influencia uma característica quantitativa denominada de QTL ou locos que controlam características quantitativas.

A partir da década de 1980, o desenvolvimento e a popularização das técnicas de biologia molecular permitiram a análise dos ácidos nucléicos (ácido desoxirribonucléico - DNA ou ácido ribonucléico - RNA) em toda a sua extensão. Conseqüentemente, a identificação e a utilização de marcadores moleculares transformaram-se no principal objeto de estudo da comunidade científica envolvida com essa área. Atualmente, empregam-se diferentes técnicas de biologia molecular na pesquisa de genes responsáveis pela expressão de características zootécnicas ou de regiões do genoma que estejam relacionadas com a manifestação dessas características (GONÇALVES et al., 2002). Dentre o vasto conjunto de tecnologias disponíveis atualmente, a exploração dos marcadores moleculares é uma das que apresenta maiores potencialidades.

Os marcadores moleculares são variações no genoma que caracterizam as diferenças fenotípicas entre dois ou mais indivíduos e podem ser analisados com auxílio de diferentes técnicas. Esses marcadores variam quanto à confiabilidade, à reprodutibilidade, ao custo de análise e à natureza de seu polimorfismo de detecção (VIGNAL et al., 2002).

Os principais marcadores moleculares descritos são: 1) as inserções e deleções de parte do material genético; 2) os polimorfismos de base única (*Single Nucleotide Polymorphism* - SNP) e 3) as regiões repetitivas. Quando estão localizados em regiões codificantes dos genes, os polimorfismos podem levar à alteração no aminoácido da seqüência protéica e, nesse caso, são chamados de polimorfismo "não sinônimo", podendo determinar diferenças na função protéica e conseqüente variação fenotípica. As variações em regiões não codificantes podem também alterar significativamente a expressão genética por diversos fatores, tais como: promover

processamentos alternativos do RNA, geração ou supressão de códon de terminação/iniciação da tradução ou alterar seqüências promotoras (CURI, 2005).

Entre as vantagens atribuídas aos marcadores moleculares destacam-se: o grau de polimorfismo, o fato de não sofrerem influência do meio ambiente, de serem geralmente codominantes, de poderem ser analisados em qualquer estágio do desenvolvimento do indivíduo e de caracterizar um indivíduo a partir de células ou tecidos (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Para o desenvolvimento de marcadores moleculares são utilizadas basicamente duas estratégias, uma de certa forma aleatória e a outra, dirigida. A forma aleatória tem como objetivo inicial o desenvolvimento de um mapa genético para a espécie em questão (*gene mapping*), visando a identificar, com o emprego de marcadores moleculares, QTLs. A segunda estratégia é a metodologia do gene candidato (*candidate gene approach*), que objetiva detectar polimorfismos associados a genes responsáveis pela manifestação de características importantes, tais como: produção de leite, precocidade, qualidade da carne, e outras (GONÇALVES et al., 2002).

Vários são os genes conhecidos que apresentam funções de interesse comercial e alguns deles possuem polimorfismos já descritos na literatura. Por meio da análise de genes com seqüências nucleotídicas conhecidas é possível a detecção de alelos para esse loco, de modo a aplicá-los em estudos de associação com características fenotípicas apresentadas pelos animais. Desta forma, pode-se utilizar um polimorfismo em um determinado gene como marcador molecular para a característica desejada.

Quando os marcadores moleculares se mostram associados a características de produção, ou a alguma doença genética, eles podem constituir poderosa ferramenta no processo de melhoramento genético animal. Diante do exposto, e para que o Brasil amplie sua competitividade no setor de pecuária bovina, é extremamente importante que essas novas ferramentas sejam incorporadas aos programas de melhoramento genético

animal, a fim de produzir informações e conhecimentos que irão garantir novos avanços qualitativos e quantitativos em médio e longo prazos nos rebanhos zebuínos e cruzados brasileiros.

## Seleção assistida por marcadores

O número crescente de alterações genéticas com associação confirmada com manifestações fenotípicas de interesse para programas de melhoramento genético abriu perspectivas para o uso de marcadores moleculares como parâmetro de seleção em programas tradicionais de melhoramento. Marcadores genéticos podem ser usados para identificar regiões específicas nos cromossomos onde estão localizados os genes que afetam características quantitativas.

A Seleção Assistida por Marcadores (*Marker Assisted Selection* - MAS) utiliza as informações obtidas sobre essas regiões em programas de melhoramento animal para identificar indivíduos com combinações favoráveis de QTLs (marcadores indiretos) ou de alelos específicos para determinados genes (marcadores diretos). Em uma avaliação genética, esses dados são associados com informações fenotípicas e de *pedigree* para predição do mérito genético de indivíduos dentro de uma população (DAVIS; DeNISE, 1998).

A obtenção desses conhecimentos poderá auxiliar no desenvolvimento de novas estratégias para o processo de seleção e melhoramento genético de bovinos de corte, diminuindo o tempo para a seleção de animais geneticamente superiores, pois, nesse caso, ao contrário dos programas convencionais de melhoramento, o progresso genético tende a ocorrer em menor espaço de tempo.

A MAS tem por objetivo aumentar a precisão do processo seletivo, porém, quando ela é utilizada, apenas alguns dos genes que contribuem para a variação do caráter selecionado são avaliados. Assim, a utilização da informação genotípica do marcador, sem considerar as avaliações de Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs), que fornecem uma visão do

componente quantitativo não explicado pelo marcador, pode conduzir à rápida fixação do alelo selecionado e à perda de variabilidade durante o processo de seleção (REGITANO, 2007).

Os marcadores são ferramentas adicionais para melhorar a eficiência dos processos de seleção e sua utilização permite ter mais segurança na escolha dos reprodutores. Ao ter que escolher entre reprodutores com DEPs semelhantes, podem-se escolher aqueles que possuam, em seu genoma, as formas alélicas dos genes ou marcadores que resultem em aumento de produtividade.

No entanto, a aplicação comercial da MAS na pecuária bovina depende de fatores como: tamanho da população, número de gerações de seleção, herdabilidade da característica, número de marcadores analisados e magnitude do efeito do QTL (DAVIS; DeNISE, 1998). Eles são fundamentais para que a eficiência e o custo de um programa dessa natureza sejam economicamente viáveis para adoção dessa tecnologia em animais de produção (MOORE et al., 2003).

Davis e DeNise (1998) relatam que os benefícios da MAS são maiores em grandes populações, nas características que apresentam baixa herdabilidade, nas que são difíceis e/ou onerosas para se mensurar, nas que não podem ser medidas antes que o animal chegue à idade adulta ou reprodutiva e em características limitadas pelo sexo.

Os maiores avanços na área de MAS deverão ocorrer quando as novas tecnologias de análise de marcadores, como macro ou microarranjos de DNA e os *chips* contendo SNPs, que permitem a investigação de centenas a milhares de genes ou marcadores simultaneamente, chegarem a um custo compatível com a aplicação. Nesses casos, a seleção será feita com base no genoma do animal e não mais em informações pontuais de um ou de alguns genes. Aliadas às técnicas de análise de genoma funcional e da genômica comparada, as informações sobre QTLs deverão rapidamente conduzir à descoberta de genes e de mutações causais, ou seja, aquelas que realmente determinam a variação fenotípica (REGITANO, 2007).

## Qualidade de carne

Como características determinantes da eficiência econômica da pecuária de corte citam-se o desenvolvimento ponderal, a conversão alimentar, a deposição de gordura subcutânea, a gordura intramuscular (marmoreio) e a maciez da carne, uma vez que essas características estão diretamente relacionadas à produtividade, à qualidade e ao preço do produto final.

A avaliação da qualidade da carne, baseada na satisfação e preferência do consumidor, deriva do seu consumo e depende de um conjunto de respostas psicológicas e sensoriais únicas de cada indivíduo. Fatores como aparência, aroma durante o cozimento, perda por cozimento, maciez, suculência, sabor e percepção do valor nutritivo governam as reações de um indivíduo diante das qualidades sensoriais de um produto. Entre esses fatores, a aparência é fundamental, uma vez que é decisiva na compra e aceitabilidade da carne pelo consumidor, sendo as características cor, marmoreio e suculência aparente (exsudação) responsáveis diretas pela apresentação do produto (RAMOS; GOMIDE, 2007). Dentre as características ligadas à qualidade da carne bovina, a maciez é o fator de maior variabilidade, sendo o atributo mais desejável pelo consumidor.

A maciez, embora sua percepção sensorial seja afetada por outros atributos de qualidade, em especial a suculência, é uma característica de qualidade associada a dois componentes musculares: 1) teor e estruturação do tecido conectivo; e 2) compactação do sarcômero, relacionada ao *rigor mortis* e a fenômenos como o encolhimento pelo frio e grau de desnaturação das proteínas miofibrilares, especialmente relacionado ao sistema enzimático calpaína/calpastatina, que é responsável pelo processo natural de amaciamento, conhecido como maturação (RAMOS; GOMIDE, 2007).

O complexo proteolítico cálcio-dependente calpaína/calpastatina é o principal sistema relacionado com a maciez e apresenta dois componentes principais: 1) calpaína tipo I ou  $\mu$ -calpaína, que requer quantidades micromolares de cálcio (1  $\mu$ M a 10  $\mu$ M), sendo bastante eficiente no

amaciamento da carne logo após o abate (até 6 a 10 horas) e é ativada quando o pH decai de 6,8 para aproximadamente 5,7; e 2) calpaína tipo II ou *m*-calpaína, que requer quantidades milimolares de cálcio (50 mM a 70 mM) e é ativada quando o pH está em torno de 5,7, sendo responsável pela continuidade do processo de amaciamento. Já a calpastatina tem como principal função inativar as calpaínas, diminuindo a degradação das proteínas miofibrilares durante o processo de maturação e reduzindo, assim, a maciez da carne (KOOHMARAIE et al., 1993; ANDRIGHETTO et al., 2007). A quantidade de cálcio requerida pela calpastatina para formar o complexo calpaína/calpastatina é aproximadamente a mesma ( $\mu$ -calpaína), ou significativamente inferior (*m*-calpaína) à necessária para a ativação das calpaínas (RAMOS; GOMIDE, 2007).

A velocidade da atividade proteolítica *post-mortem*, conseqüentemente, a velocidade de maturação da carne, é determinada pela proporção entre as atividades das calpaínas e da calpastatina. Ramos e Gomide (2007) relatam que, para Koohmaraie (1994), mais do que as calpaínas, é a atividade da calpastatina, determinada 24 horas pós-abate, que se relaciona com a maciez da carne maturada. Animais com elevada quantidade de calpastatina geralmente produzem carnes menos macias, mesmo após um período de maturação de 14 dias.

A elevada atividade da calpastatina em animais *Bos indicus*, quando comparada a animais *Bos taurus*, tem sido apontada como principal fator para explicar as diferenças de maciez entre esses animais. Trabalhos realizados no exterior, entre eles Shackelford et al. (1995), sugerem que as raças zebuínas e seus cruzamentos produzem carne menos macia do que as raças taurinas. Alguns trabalhos (CROUSE et al., 1989; JOHNSON et al., 1990; SHERBECK et al., 1995) indicam que a marmorização e/ou a maciez da carne diminuem com o aumento da proporção de Zebu (Brahman e/ou Sahiwal) nos animais. Ferguson et al. (2000), estudando o efeito do estímulo elétrico sobre a maciez do músculo *longissimus lumborum* de animais 100% Hereford, 50% Brahman + 50% Hereford e 100% Brahman, observaram que houve redução significativa da maciez e aumento na atividade da calpastatina com o aumento da proporção de *Bos indicus*

no animal; entretanto, o estímulo elétrico reduziu as diferenças entre grupos genéticos com relação à maciez.

Vários grupos, embora de maneira não integrada, têm desenvolvido trabalhos no Brasil visando ao aumento da eficiência produtiva dos rebanhos bovinos e a melhoria da qualidade da carne. A maciez tem sido sempre o fator essencial para o julgamento da qualidade do produto (RAZOOK et al., 2002; HEINEMANN et al., 2003; MENEZES et al., 2005). Com relação à carcaça e à qualidade da carne, Norman (1982), trabalhando com animais da raça Nelore, Guzerá, Canchim e Charolês, verificou que o Canchim apresentou valores de força de cisalhamento e maciez intermediários, mas mais próximos dos da raça Charolês do que dos zebuínos. Rubensan et al. (1998) verificaram maiores atividades da calpastatina e força de cisalhamento na carne de novilhos 5/8 Hereford + 3/8 Nelore do que na carne de novilhos 3/4 Hereford + 1/4 Nelore e Hereford. Silveira et al. (2000) apresentam alguns resultados de pesquisas desenvolvidas na produção de bovinos jovens, nas quais diferentes grupos genéticos apresentaram diferenças na gordura subcutânea, no marmoreio, na gordura total, no pH da carne e na força de cisalhamento. Restle et al. (2003), revisando trabalhos realizados no Rio Grande do Sul (RESTLE et al., 1995; VAZ et al., 2001, 2002), mostraram que existem diferenças entre grupos genéticos quanto a características da carne e tendências de redução na maciez da carne com o aumento do “grau de sangue” Nelore em cruzamentos de Hereford e de Charolês com Nelore.

Vasconcellos et al. (2003) ressaltam que a caracterização genética de populações, raças e espécies diferentes permite o estudo da variabilidade genética, que é um componente decisivo para a determinação das estratégias de melhoramento e programas de conservação genética.

O delineamento de esquemas de cruzamentos que resultem em progênie de fenótipos mais desejáveis tem preocupado os geneticistas desde o início do século e, dessa forma, um maior entendimento do padrão da variabilidade genética existente entre rebanhos poderá ser útil no desenvolvimento de programas de cruzamentos mais racionais. Nesse contexto,

marcadores moleculares têm sido amplamente utilizados em análises de polimorfismos em diversas raças de bovinos, com a possibilidade de monitorar regiões do genoma, transcritas ou não. Entre esses marcadores, destacam-se os polimorfismos de fragmento de restrição (RFLP), os marcadores do tipo microssatélite (SSR) e os polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), todos obtidos pela técnica de reação em cadeia pela polimerase (*Polymerase Chain Reaction* - PCR).

### **Marcadores moleculares para qualidade de carne**

Vários genes candidatos foram previamente identificados como possíveis responsáveis pela qualidade de carcaça e de carne em bovinos de corte, como os genes: *DGAT1*, que codifica a enzima diacilglicerol aciltransferase 1 (THALLER et al., 2003); *FABP3*, gene da proteína de ligação a ácidos graxos do coração (ROY et al., 2003); *GH1*, que codifica o hormônio do crescimento (TAYLOR et al., 1998); *LEP*, que codifica a proteína leptina (BUCHANAN et al., 2002), *TG*, que codifica o hormônio tireoglobulina (BARENDSE, 1999), *CAST*, que codifica a enzima calpastatina (BARENDSE, 2002) e *CAPN*, que codifica as enzimas calpaínas (PAGE et al., 2002). Porém, a magnitude relativa aos efeitos e a importância de cada um desses genes no controle de variações fenotípicas permanecem desconhecidas.

Wu et al. (2005) analisaram polimorfismos de fragmentos de restrição (RFLP) nos genes *DGAT1*, *FABP3*, *GH1*, *LEP* e *TG* em populações F2 derivadas de acasalamentos de touros e vacas das raças Wagyu X Limousin. O método de análise bayesiana indicou que a substituição alélica C/A no loco *DGAT1* apresentou maior influência na deposição de gordura subcutânea do que as mutações analisadas nos outros genes. Todos os cinco genes contribuíram significativamente para essa característica, porém com contribuições variadas.

Para Barendse (1999), um polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) no gene da tireoglobulina (TG5) está associado com marmoreio em bovinos.



Barendse et al. (2004) testaram esse polimorfismo, que ocorre na região 5' UTR do gene da tireoglobulina e apresenta duas variantes alélicas, chamadas de alelo "2" e alelo "3", com o objetivo de confirmar relatos anteriores (BARENDSE, 1999) da associação do alelo "3" com o grau de marmorização da carne bovina em animais *Bos taurus*. Os autores verificaram que os animais que possuíam o genótipo "23" e o genótipo "33" apresentaram maiores graus de marmorização do que aqueles que possuíam o genótipo "22", indicando que um teste de DNA utilizando esse polimorfismo deve ser muito útil na detecção de animais que apresentam potencial para produção de carne de qualidade.

Siqueira et al. (2007) avaliaram as freqüências alélicas e genotípicas do polimorfismo TG5 em touros das raças taurinas adaptadas (Bonsmara, Caracu e Senepol) e das raças Nelore (zebuína) e Angus (taurina não adaptada). Nenhum dos touros Nelore (n = 25) avaliados apresentou o alelo favorável para marmoreio, designado nesse trabalho de alelo A. Segundo os autores, apesar do pequeno número de animais analisados e da possibilidade desse alelo estar em freqüências muito baixas na raça Nelore, esse resultado é um indicativo de que o alelo desfavorável, designado de B, possa estar fixado na população. Se esse resultado se confirmar em uma amostra maior de animais nelores, testes de DNA para esse marcador não terão valor na seleção de reprodutores.

Casas et al. (2005) analisaram o polimorfismo TG5 em uma população de bovinos da raça Brahman e também encontraram uma baixa freqüência (3%) do alelo favorável, nesse trabalho designado de T, para grau de marmoreio em zebuínos. Esses autores encontraram associação desse polimorfismo com espessura de gordura e com área de olho de lombo, mas não com marmoreio. As freqüências alélicas foram diferentes nessa população Brahman das freqüências encontradas por Barendse et al. (2004) em bovinos das raças Angus e Shorthorn. Segundo os autores, esses resultados sugerem que para a utilização da informação de marcadores moleculares desenvolvidos em populações *Bos taurus* em populações *Bos indicus* há a necessidade do desenvolvimento de marcadores adicionais mais apropriados.

Com relação às raças taurinas adaptadas (Bonsmara, Caracu e Senepol) e à raça Angus (taurina não adaptada), Siqueira et al. (2007) verificaram que o alelo favorável para marmoreio (alelo A) está presente nas raças taurinas adaptadas, assim como na raça Angus, mas há uma grande variação da frequência desse alelo entre as raças taurinas (37,5% em Angus, 25% em Bonsmara, 38% em Caracu e 9,5% em Senepol). Os autores concluíram que esse marcador pode mostrar-se viável na seleção de animais taurinos, adaptados ou não, já que a frequência de média a baixa, observada na população em estudo, permite que esse teste seja aplicado, resultando em ganhos expressivos, desde que confirmada a associação desse polimorfismo com o grau de marmoreio. Estudos anteriores (MOORE et al., 2003; THALLER et al., 2003) relataram, para esse polimorfismo, frequências alélicas de 22% a 25% para o alelo favorável para grau de marmoreio em bovinos *Bos taurus*.

Veneroni (2007), analisando 572 animais da raça Canchim, não encontrou associação do polimorfismo TG5 com espessura de gordura, e o alelo considerado favorável para o grau de marmoreio apresentou frequência de 16,11% nesses animais. Segundo a autora, por ter sido testado apenas o efeito de TG5 sobre espessura de gordura subcutânea, não se pode descartar um possível efeito desse polimorfismo sobre o marmoreio, uma vez que a correlação entre essas duas características não é alta.

Os genes *CAPN1* (*Calpain 1*) e *CAST* (*Calpastatin*) estão localizados nos cromossomos 29 e 7, respectivamente, e polimorfismos neles apresentam correlação com maciez de carne em bovinos. Lonergan et al. (1995) analisaram dois polimorfismos de restrição no gene *CAST* utilizando as enzimas *BamHI* e *EcoRI* e não encontraram nenhuma associação entre esses polimorfismos e a atividade da enzima calpastatina 24 horas *post-mortem* ou com a força de cisalhamento aos 14 dias de maturação.

O gene *CAPN1* foi avaliado por Page et al. (2002) e por Page et al. (2004) em bovinos *Bos taurus*. Análises genotípicas e de valores de força de cisalhamento revelaram diferenças entre os alelos, e que os alelos que codificam isoleucina na posição 530 (I530/CAPN530) e glicina na posição

316 (G316/CAPN316) estão associados com o aumento na força de cisalhamento e, conseqüentemente, com a diminuição na maciez da carne, quando comparados com os alelos que codificam valina na posição 530 (V530) e alanina na posição 316 (A316). Esses resultados fornecem fortes evidências que o CAPN530 e o CAPN316 são marcadores informativos para detectar variações na maciez da carne de bovinos e poderão ser usados em testes de DNA para determinação de mérito genético diretamente relacionado com essa característica.

Com o objetivo de avaliar a associação de SNPs nos genes *CAPN1*, *DGAT1* e *TG* com características de composição de carcaça e de qualidade de carne em bovinos *Bos indicus*, Casas et al. (2005) analisaram uma população da raça Brahman. Como marcadores para o cromossomo 14 foram analisados um SNP previamente descrito no gene *TG* (BARENDSE, 1999) e dois SNPs no éxon 8 do gene *DGAT1* (GRISART et al., 2001) e, para o cromossomo 29, foram analisados dois polimorfismos previamente relatados para o gene *CAPN1* (PAGE et al., 2002) e dois novos SNPs, os marcadores CAPN4753 no íntron 21 e CAPN5331 no íntron 1. As frequências alélicas desses marcadores na raça Brahman são muito baixas e, portanto, diferentes das observadas em animais *Bos taurus*. Dessa forma, os autores não indicam o uso desses marcadores em populações *Bos indicus*. Isto não significa que variações nos genes identificados não existam ou que não influenciam características de importância econômica em animais *Bos indicus*, mas que marcadores mais adequados precisam ser desenvolvidos.

White et al. (2005) analisaram SNPs (CAPN 316, 530, 4751, 4753 e 5331) no gene *CAPN1* para verificar se essas variações também estão envolvidas com maciez de carne em animais *Bos indicus* e em animais cruzados e para determinar quais desses marcadores podem ser utilizados para as duas subespécies de bovinos em programas de seleção e melhoramento animal. Para isso, foram analisadas quatro populações independentes: uma de animais puros da raça Brahman (denominada de população STARS), uma de animais *Bos taurus* formada por animais cruzados derivados de Hereford, Angus, Limousin, Charolês, Gelbvieh e Simental (denomi-

nada de população GPE7), uma que incluía animais *Bos taurus* X *Bos indicus* (denominada de população GPE8) e uma fundada a partir de um touro Brahman X Hereford (descrita em CASAS et al., 2003).

Os autores observaram que o marcador CAPN4751 está associado com menor força de cisalhamento em todas essas populações, demonstrando a utilidade desse marcador em bovinos *Bos indicus*, *Bos taurus* e em animais cruzados. O marcador CAPN316, que tinha sido previamente associado com maciez em bovinos *Bos taurus* (PAGE et al., 2002; PAGE et al., 2004), também está associado com maciez em bovinos das raças Brangus, Beefmaster, Bonsmara, Romosinuano, Hereford e Angus (GPE8). O marcador CAPN4753 também mostrou associação significativa com menor força de cisalhamento na população GPE8, porém não foi altamente significativa como foi para os marcadores CAPN4751 e 316 e não se repetiu nas outras populações. O marcador CAPN530, que tinha sido previamente relatado como altamente significativo na população GPE7 (PAGE et al., 2004), apresentou apenas uma tendência de associação na população GPE8 e apresentou o alelo G fixado na população STARS, evidenciando que para algumas populações esse marcador pode não ser informativo. Para esses autores, a utilização dos marcadores CAPN4751 e CAPN316 associados é uma estratégia de seleção assistida por marcadores moleculares que deve ser empregada para o gene da calpaína para a maioria das populações.

Casas et al. (2006) relatam que trabalhos anteriores (BARENDSE, 2003; PAGE et al., 2002; PAGE et al., 2004; CASAS et al., 2005; WHITE et al., 2005) avaliaram SNPs nos genes *CAST* e *CAPN1*, porém esses estudos apenas evidenciaram associação individual desses marcadores com maciez de carne em bovinos de corte e, conseqüentemente, nenhuma avaliação simultânea para ambos os genes foi realizada.

Desta forma, com o objetivo de avaliar uma potencial interação genética entre SNPs descritos nos genes *CAST* (BARENDSE, 2003) e *CAPN1* (CAPN4751 - WHITE et al., 2005) com características de maciez e palatabilidade da carne em bovinos de diferentes grupos genéticos, Casas

et al. (2006) avaliaram as populações GPE7, GPE8 e STARS descritas anteriormente. Segundo os autores, para o gene *CAST*, animais homocigotos para o alelo T produziram carne mais macia do que os animais homocigotos para o alelo C nas populações GPE7 e GPE8. Para a população STARS, não foram observadas diferenças estatísticas entre o marcador *CAST* e a característica de maciez de carne, sugerindo que esse marcador talvez não seja o mais adequado para animais *Bos indicus*. Para o gene *CAPN1*, animais homocigotos para o alelo C apresentaram carne mais macia do que os animais homocigotos para o alelo T nas três populações analisadas. Os autores concluíram que, apesar da interação física dos produtos gênicos dentro das células, os alelos dos locos *CAST* e *CAPN1* analisados no estudo provavelmente agem de maneira aditiva para a determinação da característica maciez de carne em bovinos e não por meio de interação gênica.

Esses resultados estão de acordo com Morris et al. (2006), que analisaram SNPs nos genes *CAPN1* (CAPN316 - PAGE et al., 2002) e *CAST* (BARENDSE, 2003) para determinar seus efeitos na maciez da carne em bovinos *Bos taurus* e observaram uma fraca associação entre os genótipos *CAPN1* e *CAST* quando estes foram analisados em conjunto.

Carvalho et al. (2007) avaliaram os polimorfismos CAPN316, CAPN530, CAPN4751 e *CAST* em 292 animais da raça Nelore. Os autores verificaram baixas frequências para algumas formas genotípicas nos marcadores CAPN316 e 530, e que para o marcador CAPN530 não foram observados animais com o genótipo AA. Tal fato impede a avaliação conjunta desses marcadores em análises de associação que contemplem combinações genotípicas de dois ou mais marcadores simultaneamente nessa amostra. Os genótipos CAPN4751 e *CAST* foram avaliados em conjunto para a característica maciez da carne maturada aos 7, 14 e 21 dias, e os autores verificaram que a presença do alelo "C", que é o favorável para ambos os marcadores, propicia menores valores de força de cisalhamento, indicando maior maciez da carne. As nove possíveis combinações genotípicas encontradas nos animais avaliados demonstraram, para as três datas de maturação, a existência de efeitos significativos. À medida que as combi-

nações genotípicas incluem as formas alélicas favoráveis, nesse caso os alelos "C", os autores verificaram diminuição na força de cisalhamento, caracterizando, assim, o aumento da maciez da carne dos animais nelores nos diferentes dias de maturação.

Juszczuk-Kubiak et al. (2004) analisaram um polimorfismo (SNP) localizado no íntron 14 do gene bovino *CAPN1* em 141 touros das raças Polish Black and White, Polish Red, Red Angus, Charolês, Limousin, Simental e Hereford. Os autores verificaram que uma transição C<sup>®</sup>T na posição 4685 (GenBank N° AF248054) cria um novo sítio de restrição *FokI* que pode ser detectado por PCR-RFLP. Os resultados obtidos sugerem que esse polimorfismo está associado com características de produção de carne de qualidade, entretanto, o efeito dessa mutação ainda necessita ser confirmado.

Com relação ao gene que codifica leptina, uma proteína de 16-kDa produzida por adipócitos e associada à regulação da ingestão de alimentos, balanço energético, eficiência reprodutiva e deposição de gordura, Buchanan et al. (2002) analisaram um SNP (*LEP/Kpn2I*), localizado no éxon 2, que é o responsável pela substituição de uma arginina (codificada pelo alelo C) por uma cisteína (codificada pelo alelo T) na seqüência de aminoácidos do gene *LEP* em bovinos. O alelo T está associado com maior deposição de gordura na carcaça e o alelo C está associado com carcaças mais magras. Os autores concluíram que esse polimorfismo apresenta um efeito funcional no gene, pois está associado com deposição de gordura e com variações significativas nos níveis de mRNA detectados entre os dois grupos de animais homocigotos (TT e CC).

Os microssatélites BMS1074, BM1500 e IDVGA-51 e os RFLPs *LEP/Sau3AI* (A/B), *LEP/Sau3AI* (+/-) e *LEP/Kpn2I* ligados ao gene da leptina foram investigados por Almeida et al. (2007), para verificar associações com o desempenho produtivo em vacas no período pós-parto em dois rebanhos de gado de corte: Aberdeen Angus e Charolês. Na raça Aberdeen Angus, 79% dos portadores do alelo BMS1074\*151 apresentaram ganho médio de peso diário (ADG) menor, quando comparados com a média da

população, enquanto 62% dos não-portadores desse alelo apresentaram ADG mais alto. Em ambos os rebanhos, portadores de dois alelos BM1500\*136, apresentaram ADG mais alto, e animais com um alelo BM1500\*136 possuem cerca de três vezes mais chances de ter um ADG maior que os não-portadores. Neste experimento, nenhuma associação foi verificada entre o polimorfismo LEP/Kpn2I descrito por Buchanan et al. (2002) e o ganho de peso.

Moura et al. (2008) avaliaram as diferenças de frequências alélicas e genotípicas do polimorfismo LEP/Kpn2I entre raças Angus, Bonsmara, Caracu, Senepol e Nelore em 124 touros escolhidos em centrais de inseminação e com o menor grau de parentesco possível. O alelo favorável para deposição de gordura foi designado de T e o alelo desfavorável de C. As frequências alélicas variaram entre as raças, e dos 26 touros nelores avaliados apenas dois apresentaram o alelo T (3,9%). Esse alelo também está presente nas raças taurinas adaptadas (Bonsmara 58,0%, Caracu 62,0%, Senepol 43,5%), assim como na raça Angus (62,0%). Para os autores, esse marcador poderá ser viável na seleção de animais taurinos, adaptados ou não, já que a frequência de média a alta, observada na população em estudo, permite que esse teste seja aplicado, desde que confirmada a associação desse alelo com a característica.

### **Testes de DNA para maciez e marmoreio**

A utilização de testes de DNA, com base no uso de marcadores moleculares, tem se mostrado uma alternativa promissora em programas de seleção de bovinos de corte, já que permite um melhor planejamento dos sistemas de acasalamento, objetivando o aumento ou a diminuição da frequência de determinados alelos na população.

Empresas como Genetic Solutions (Austrália), Bovigen Solutions (Estados Unidos), Frontier Beef Systems (Estados Unidos), Gene Seek (Estados Unidos), Merial (Inglaterra), Quantum Genetics (Canadá) e Metamorphix Inc. Genomics (Estados Unidos) movimentam milhões de dólares/ano ao

comercializar testes genéticos de marcadores desenvolvidos em pesquisas próprias ou ao pagar licenciamento ou *royalties* aos institutos de pesquisa detentores das patentes.

Atualmente, existem disponíveis no mercado alguns testes comerciais baseados em marcadores moleculares para a seleção das características maciez e marmoreio em bovinos de corte:

### Testes de DNA para maciez

- *GeneSTAR Tenderness* (Genetic Solutions/Bovigen Solutions): desenvolvido na Austrália este foi o primeiro teste disponível comercialmente para maciez (novembro de 2002). O teste baseia-se em um polimorfismo encontrado no gene da calpastatina.
- *GeneSTAR Tenderness 2* (Genetic Solutions/Bovigen Solutions): segunda geração de teste comercial para maciez de carne (setembro de 2003). O teste baseia-se em duas mutações, sendo uma no gene da calpastatina e a outra no gene da calpaína.
- *TenderGENE TM* (Frontier Beef Systems): analisa duas variações na região codificadora do gene da calpaína, CAPN316 e CAPN530 (PAGE et al., 2002).
- *MMIG i-Calpain Tender* (Metamorphix Inc. Genomics): baseia-se em mutações no gene da calpaína.

### Testes de DNA para marmoreio

- *GeneSTAR Marbling* (Genetic Solutions/Bovigen Solutions): primeiro teste comercial desenvolvido na Austrália para marmoreio (julho de 2000). O teste distingue alelos do gene da tireoglobulina, hormônio envolvido na via metabólica de formação de células adiposas. O alelo denominado de "3" foi associado com grau de marmoreio em confinamentos comerciais naquele país, e a associação foi demonstrada em bovinos das raças Angus, Shorthorn e Wagyu (BARENDSE, 1999).
- *Igenity L* (Merial): foi desenvolvido para características relacionadas a marmoreio e apetite. Esse teste avalia uma variação na região codificadora do gene da leptina, que passou a ser considerado gene candidato à associação com características de deposição de gordura por ter sido relacionado à obesidade em camundongos.



No futuro, os testes de DNA deverão se tornar rotina no melhoramento bovino, mas, por enquanto, devem ser utilizados com cautela, pois os genes testados explicam apenas uma pequena porção da variância fenotípica observada nas características, e os efeitos desses genótipos podem variar entre as populações, uma vez que os efeitos de substituição de alelos de um QTL são parâmetros intrínsecos de cada população. É possível, por exemplo, não existir variação para o gene em questão na população em que se pretende aplicar o teste. Além disso, faltam avaliações comparativas de DNA *versus* testes de progênie e há pouca informação disponível na literatura por questões de proteção intelectual. Há de se considerar também a existência de interações não alélicas com os demais genes que compõem o genoma da espécie, que podem exibir combinações diferentes daquelas em que o QTL foi descrito.

Outra questão importante a ser considerada é a interação do genótipo com o ambiente. Assim, os QTLs mapeados em experimentos conduzidos no hemisfério norte podem não ser importantes para as condições ambientais de criação nos trópicos que são distintas do ponto de vista climático, de incidência de doenças e de manejo nutricional.

Para a adoção dessa nova tecnologia, ainda são necessários estudos de validação dos testes de DNA já disponíveis comercialmente em populações de interesse; o desenvolvimento de experimentos para estimar as frequências alélicas e genotípicas de mutações em diferentes raças e em diferentes condições de manejo; a identificação de novos marcadores moleculares relacionados às características de interesse produtivo; a identificação de genes candidatos envolvidos com a manifestação de características importantes e o desenvolvimento e a validação de novos testes.

No Brasil, as raças Nelore, Girolando e Gir Leiteiro são as primeiras raças zebuínas a dispor de marcadores genéticos com a devida validação. As equipes do professor José Bento Sterman Ferraz, da Universidade de São Paulo – Campus de Pirassununga, SP, e de pesquisadores da Embrapa Gado de Leite em Juiz de Fora, MG, com a empresa Merial Saúde Animal comprovaram, com análises de campo de mais de 10 mil animais de

diversos rebanhos comerciais, a viabilidade econômica e produtiva da tecnologia. O resultado desse trabalho de avaliações zootécnicas é a base para a consolidação do painel de marcadores moleculares Igenity, o mais completo disponível atualmente no Brasil (FORTES, 2007).

### **Considerações finais**

Os últimos anos têm sido cenário de grandes transformações no conhecimento da biologia molecular, principalmente no campo da biotecnologia, com o desenvolvimento de técnicas promissoras para auxiliar no melhoramento genético e na produção animal. O Brasil, com sua intrínseca vocação agropecuária, apresenta grande potencial para se destacar no desenvolvimento e na aplicação dessas metodologias. Aliadas às metodologias tradicionais, as novas técnicas deverão aumentar ainda mais o progresso genético que vem sendo observado nos animais domésticos. O uso de marcadores moleculares, principalmente de DNA, permitirá que o potencial genético de um animal seja estimado com maior precisão e antes mesmo da expressão de seu fenótipo.

Diversos estudos evidenciam a descoberta de um grande número de marcadores moleculares e de suas possíveis vantagens sobre a seleção de bovinos de corte. Entretanto, o uso imediato destes em seleção assistida por marcadores deve ser cauteloso, tendo em vista as evidências contraditórias, em vários casos, a respeito de seus comportamentos em diferentes populações de animais, gerando dúvidas quanto aos seus verdadeiros efeitos, ou mesmo quanto a estarem ou não segregando nessas populações. Assim, é evidente a necessidade do desenvolvimento de novas pesquisas que permitam máximo poder de detecção e de avaliação desses marcadores, antes de usá-los de forma efetiva nos programas de melhoramento genético animal.

## Referências

- ABIEC. **Associação das Indústrias Exportadoras de Carne**. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br>>. Acesso em: 12 fev. 2008.
- ALMEIDA, S. E. M.; ALMEIDA, E. A. de; TERRA, G.; NEVES, J. P.; GONÇALVES, P. B. D.; WEIMER, T. A. Association between molecular markers linked to the leptin gene and weight gain in postpartum beef cows. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 37, n. 1, p. 206-211, jan./fev. 2007.
- ANDRIGHETTO, C.; JORGE, A. M.; ROÇA, R. O.; SARTORI, D. R.; RODRIGUES, E.; BIANCHINI, W. Maturação da carne bovina. **Revista Electronica de Veterinaria – REDVET**, Málaga, v. 7, n. 6, p. 1-6, jun. 2006. Disponível em: <<http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/n060606/060603.pdf>>. Acesso em: 26 jun. 2007.
- ANUALPEC 2007. São Paulo: Instituto FNP, 2007. 368 p.
- BARENDSE, W. J. **Assessing lipid metabolism**. Int. WO 99/23248. US n. 638751. 23 Oct. 1998, 14 May 1999. Também publicado como AU9616598. Disponível em: <<http://ep.espacenet.com>>. Acesso em: 14 nov. 2007.
- BARENDSE, W. J. **DNA: markers for meat tenderness**. US 20040115678, 8 Feb. 2002, 5 Nov. 2003.
- BARENDSE, W. J.; BUNCH, R.; THOMAS, M.; ARMITAGE, S.; BAUD, S.; DONALDSON, N. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Collingwood, VI, v. 44, n.7, p. 669-674, 2004.
- BUCHANAN, F. C.; FITZSIMMONS, C. J.; VAN KESSEL, A. G.; THUE, T. D.; WINKELMAN-SIM, D. C.; SCHMUTZ, S. M. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. **Genetic Selection Evolution**, Les Ulis Cedex, v. 34, n. 1, p. 105-116, Jan.-Feb. 2002.

CARVALHO, M. E.; ELER, J. P.; AFAZ, A. L. M.; FERRAZ, J. B. S.; REGITANO, L. C. A.; MEIRELLES, F.V.; BALIEIRO, J. C. de C. A. Avaliação de diferentes combinações genotípicas para polimorfismo no gene u-calpaína e calpastatina associados com a maciez da carne em animais da raça Nelore. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE CARNES, 4., 2007, Campinas, SP. **Mercado do Século XXI: qualidade, segurança alimentar, certificação e rastreabilidade - anais**. Campinas: ITAL: CTC, 2007. p. 253. 1 CD-ROM.

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 Animal Science**, Savoy, IL, v. 81, n. 12, p. 2976-2983, Dec. 2003.

CASAS, E.; WHITE, S. N.; RILEY, D. G.; SMITH, T. P. L.; BRENNEMAN, R. A.; OLSON, T. A.; JOHNSON, D. D.; COLEMAN, S. W.; BENNETT, G. L.; CHASE JR, C. C. Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 83, n. 1, p. 13-19, Jan. 2005.

CASAS, E.; WHITE, S. N.; WHEELER, T. L.; SHACKELFORD, S. D.; KOOHMARAIE, M.; RILEY, D. G.; CHASE JR, C. C.; JOHNSON, D. D.; SMITH, T. P. L. Effects of calpastatin and u-calpain markers in beef cattle on tenderness traits. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 84, n.3, p. 520-525, Mar. 2006.

CROUSE, J. D.; CUNDIFF, L. V.; KOCH, R. M.; KOOHMARAIE, M.; SEIDEMAN, S. C. Comparisons of *Bos indicus* and *Bos Taurus* inheritance for carcass beef characteristics and meat palatability. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 67, n. 10, p. 2661-2668, Oct. 1989.

CURI, R. A.; OLIVEIRA, H. N. de; SILVEIRA, A. C.; LOPES, C. R. Effects of polymorphic microsatellites in the regulatory region of IGF1 and GHR on growth and carcass traits in beef cattle. **Animal Genetics**, Hoboken, NJ, v. 36, p. 58-62, Feb. 2005. Issue 1.

DAVIS, G. P.; DeNISE, S. K. The impact of genetic markers on selection. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 76, n. 9, p. 2331-2339, Sept. 1998.

FELÍCIO, P. E. Qualidade da carne bovina: características físicas e organolépticas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., 1999, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: SBZ, 1999.

FELÍCIO, P. E. Fatores ante e post mortem que Influenciam na qualidade da carne vermelha. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 30., 1993, Rio de Janeiro. **Anais...** Rio de Janeiro: SBZ, p. 43-52, 1993.

FERGUSON, D. M.; JIANG, SHANN-TZONG; HEARNshaw, H.; RYMILL, S. R.; THOMPSON, J. M. Effect of electrical stimulation on protease activity and tenderness of M. longissimus from cattle with different proportions of *Bos indicus* content. **Meat Science**, v. 55, n. 3, p. 265-272, July 2000. Issue 3.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1998. 220 p. il. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos, 20).

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

FORTES, G. Zebu na era dos marcadores moleculares. **DBO**, São Paulo, v. 26, n. 323, p. 98-99, set. 2007.

GONÇALVES, P. B. D.; FIGUEIREDO, J. R.; FREITAS, V. J. de F. **Biotécnicas aplicadas à reprodução animal**. São Paulo: Livraria Varela, 2002. 340 p.

GRISART, B.; COPPIETERS, W.; FARNIR, F.; KARIM, L.; FORD, C.; BERZI, P.; CAMBISANO, N.; MNI, M.; REID, S.; SIMON, P.; SPELMAN, R; GEORGES, M.; SNELL, R. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. **Genome Research**, Danvers, MA, v. 12, n. 2, p. 222-231, Feb. 2002.

HEINEMANN, R. J. B.; PINTO, M. F.; ROMANELLI, P. F. Fatores que influenciam a textura da carne de novilhos Nelore e cruzados Limousin-Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 8, p. 963-971, ago. 2003.

IBGE. **Indicadores IBGE: estatística da produção pecuária março de 2008**. Rio de Janeiro, 37 p., 2008.

IBGE. **Censo Agropecuário 2006 Resultados Preliminares**. Ministério do Planejamento, Orçamento e Gestão. Rio de Janeiro, p. 1-146, 2007.

JOHNSON, D. D.; HUFFMAN, R. D.; WILLIAMS, S. E.; HARGROVE, D. D. Effects of percentage Brahman and Angus breeding, age-season of feeding and slaughter end point on meat palatability and muscle characteristics. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 68, n. 7, p. 1980-1986, July 1990.

JUSZCZUK-KUBIAC, E.; SAKOWSKI, T.; FLISIKOWSKI, K.; WICINSKA, K.; OPRZADEK, J.; ROSOCHACKI, S.J. Bovine wca1pain (CAPN1) gene: new SNP within intron 14. **Journal of Applied Genetics**, Poznan, PL, v. 45, n. 4, p. 457-460, 2004.

KOOHMARAIE, M.; VEISETH, E.; KENT, M. P.; SHACKELFORD, S. D. Understanding and managing meat tenderness. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Otimizando a produção animal: anais**. Santa Maria: SBZ, 2003. 1 CD-ROM.

KOOHMARAIE, M.; WHEELER, T. L.; SHACKELFORD, S. D. Eliminating inconsistent beef tenderness with calcium-activated tenderization. **Proceedings of the Nebraska Seedstock Symposium**, 1993. p. 53-74.

KOOHMARAIE, M. Muscle proteinases and meat aging. **Meat Science**, v. 36, p. 104, 1994. Issues 1-2. Edição dos trabalhos do 38<sup>th</sup> International Congress of Meat Science and Technology, Clermont\_Ferrand, França, agosto 1992.

LONERGAN, S. M.; ERNST, C. W.; BISHOP, M. D.; CALKINS, C. R.; KOOHMARAIE, M. Relationship of restriction fragment length polymorphisms (RFLP) at the bovine calpastatin locus to calpastatin activity and meat tenderness. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 73, n. 12, p. 3608-3612, Dec. 1995.

LUCHIARI-FILHO, A. Produção de carne bovina no Brasil: qualidade, quantidade ou ambas? In: SIMPÓSIO SOBRE DESAFIOS E NOVAS TECNOLOGIAS NA BOVINOCULTURA DE CORTE, 2006, Brasília, DF. **Anais...** Brasília, DF: UPIS, 2006. SIMBOI.

MARSON, E. P.; FERRAZ, J. B. S. **Avaliação da contribuição da genética molecular nos programas de melhoramento genético**. São Paulo: Agripoint, 2001. Disponível em: <<http://www.beefpoint.com.br/noticialD=4757&actA=7&areaID=60&secaoID=170>> Acesso em: 10 set. 2004.

MENEZES, L. F. G.; RESTLE, J.; VAZ, F. N.; BRONDANI, I. L.; ALVES FILHO, D. C.; FREITAS, A. K. de; METZ, P. A. M. Composição física da carcaça e qualidade da carne de novilhos de gerações avançadas do cruzamento alternado entre as raças Charolês e Nelore, terminados em confinamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 34, n. 3, p. 946-956, maio/jun. 2005.

MOORE, S. S.; LI, C.; BASARAB, J.; SNELLING, W. M.; KNEELAND, J.; MURDOCH, B.; HANSEN, C.; BENKEL, B. Fine mapping of quantitative trait loci and assessment of positional candidate genes for backfat on bovine chromosome 14 in a commercial line of *Bos taurus*. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 81, n. 8, p. 1919-1925, Aug. 2003.

MORRIS, C. A.; CULLEN, N. G.; HICKEY, S. M.; DOBBIE, P. M.; VEENVLIET, B. A.; MANLEY, T. R.; PITCHFORD, W. S.; KRUK, Z. A.; BOTTEMA, C. D. K.; WILSON, T. Genotypic effects of calpain 1 and calpastatin on the tenderness of cooked M. longissimus dorsi steaks from Jersey X Limousin, Angus and Hereford-cross cattle. **Animal Genetics**, Hoboken, NJ, v. 37, p. 411-414, Aug. 2006. Issue 4.

MOURA, W. C.; SIQUEIRA, F.; TORRES JUNIOR, R. A. A.; REGITANO, L. C. A.; ALENCAR, M. M. de; SILVA, L. O. C.; FEIJÓ, G. L. D.; CARVALHO, T. D.; MACHADO, C. O. F. Análise das frequências alélicas e genotípicas do polimorfismo LEP/Kpn21 em bovinos de corte. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 54., 2008, Salvador. **Resumos...** Salvador: SBG, 2008. p. 229.

NORMAN, G. A. Effect of breed and nutrition on the productive traits of beef cattle in South-east Brazil: Part 3 - Meat quality. **Meat Science**, v. 6, p. 79-96, Feb. 1982. Issue 2.

PAGE, B. T.; CASAS, E.; HEATON, M. P.; CULLEN, N. G.; HYNDMAN, D. L.; MORRIS, C. A.; CRAWFORD, A. M.; WHEELER, T. L.; KOOHMARAIE, M.; KEELE, J. W.; SMITH, T. P. L. Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 80, n. 12, p. 3077-3085, Dec. 2002.

PAGE, B. T.; CASAS, E.; QUAAS, R. L.; THALLMAN, R. M.; WHEELER, T. L.; SHACKELFORD, S. D.; KOOHMARAIE, M.; WHITE, S. N.; BENNETT, G. L.; KEELE, J. W.; DIKEMAN, M. E.; SMITH, T. P. L. Association of markers in the bovine CAPN1 gene with meat tenderness in large crossbred populations that sample influential industry sires. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 82, n. 12, p. 3474-3481, Dec. 2004.

RAMOS, E. M. GOMIDE, L. A. M. **Avaliação da qualidade de carnes: fundamentos e metodologias**. Viçosa, MG, Ed. UFV, 2007. 599 p.

RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; RUGGIERI, A. C.; NARDON, R. F.; CYRILLO, J. N. S. G. Desempenho em pastagens e características de carcaça da 16a progênie dos rebanhos Nelore, Guzerá e Caracu de Sertãozinho/SP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 3, p. 1367-1377, maio/jun. 2002. Suplemento.

REGITANO, L. C. A. A importância da genética molecular para o melhoramento de ruminantes. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004.1 CD-ROM.

REGITANO, L. C. A. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento animal In: SIMPÓSIO DE BIOLOGIA MOLECULAR APLICADA À PRODUÇÃO ANIMAL, 2007, São Carlos, SP. **Anais...** São Carlos, SP: Embrapa Pecuária Sudeste, 2007. p. 1-15. 1 CD-ROM.

RESTLE, J.; VAZ, F. N.; PACHECO, P. S. Uso de animais zebuínos em cruzamentos de bovinos de corte no Sul do Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE CRUZAMENTO DE BOVINOS DE CORTE, 1., 2003, Londrina. **Anais...** Londrina: IAPAR, 2003. 1 CD-ROM.

RESTLE, J.; FELTEN, H. G.; VAZ, F. N.; MÜLLER, L. Efeito de raça e heterose para qualidade da carcaça e da carne de novilhos terminados em confinamento. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 14., 1995, Mar del Plata. **Memórias...** Balcarce: ALPA, 1995, v. 3-4, p. 854-856.

ROY, R.; CALVO, J. H.; HAYES, H.; RODELLAR, C.; EGGEN, A. Fine mapping of the bovine heart fatty acid-binding protein gene (FABP3) to BTA2q45 by fluorescence *in situ* hybridization and radiation hybrid mapping. **Animal Genetics**, Hoboken, NJ, v. 34, p. 466-467, 2003. Issue 6.

RUBENSAM, J. M.; FELÍCIO, P. E.; TERMIGNONI, C. Influência do genótipo *Bos indicus* na atividade de calpastatina e na textura da carne de novilhos abatidos no sul do Brasil. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, SP, v. 18, n. 4, p. 405-409, out./dez. 1998.



SHACKELFORD, S. D.; WHEELER, T. L.; KOOHMARAIE, M. Relationship between shear force and trained sensory panel tenderness ratings of 10 major muscles from *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 73, n. 11, p. 3333-3340, Nov. 1995.

SHERBECK, J. A.; TATUM, J. D.; FIELD, T. G.; MORGAN, J. B.; SMITH, G. C. Feedlot performance, carcass traits, and palatability traits of Hereford and Hereford x Brahman steers. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 73, n. 12, p. 3613-3620, Dec. 1995.

SILVEIRA, A. C.; BARCELLOS, R.; ARRIGONI, M. B.; CHARDULO, L. A. L.; SILVEIRA, L. G. G.; COSTA, C.; OLIVEIRA, H. N. Produção de novilho superprecoce: custos e benefícios. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO E NUTRIÇÃO DE GADO DE CORTE, 1., 2000, Goiânia. **Anais...** Goiânia: CBNA, 2000, p. 67-90.

SIQUEIRA, F.; TORRES JUNIOR, R. A. de A.; REGITANO, L. C. de A.; ALENCAR, M. M.; SILVA, L. O. C.; SOARES, C. O.; EUCLIDES FILHO, K.; ARAÚJO, F. R.; ROSINHA, G. M. S.; OLIVEIRA, R. M. Determinação das frequências alélicas e genotípicas do gene da tireoglobulina em bovinos de corte. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE CARNES, 4., 2007, Campinas, SP.  **Mercados do século XXI qualidade, segurança alimentar, certificação e rastreabilidade: anais**. Campinas, SP: ITAL: CTC, 2007. p. 295-297.

TAYLOR, J. F.; COUTINHO, L. L.; HERRING, K. L.; GALLAGHER, D. S.; BRENNEMAN, R. A. Candidate gene analysis of GH1 for effects on growth and carcass composition of cattle. **Animal Genetics**, Hoboken, NJ, v. 29, p. 194-201, June 1998. Issue 3.

THALLER, G.; KÜHN, C.; WINTER, A.; EWALD, G.; BELLMANN, O.; WEGNER, J.; ZÜHLKE, H.; FRIES, R. DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. **Animal Genetics**, Hoboken, NJ, v. 34, p. 354-357, Oct. 2003. Issue 5.

VAN EENENMM, A. **Marked assisted selection in beef cattle**. Disponível em: <[http://animalscience.ucdavis.edu/animalbiotech/Outreach/Marker\\_Assisted\\_Selection\\_jn\\_Beefcattle.pdf](http://animalscience.ucdavis.edu/animalbiotech/Outreach/Marker_Assisted_Selection_jn_Beefcattle.pdf)>. Acesso em: 5 jun. 2007.

VASCONCELLOS, L. P. de M. K.; TAMBASCO-TALHARI, D.; PEREIRA, A. P.; COUTINHO, L. L.; REGITANO, L. C. A. Genetic characterization of Aberdeen Angus cattle using molecular markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 2, p. 133-137, 2003.

VAZ, F. N.; RESTLE, J.; VAZ, R. Z.; BRONDANI, I. L.; BERNARDES, R. A. C.; FATURI, C. Efeitos de raça e heterose na composição física da carcaça e na qualidade da carne de novilhos da primeira geração de cruzamento entre Charolês e Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 1, p. 376-386, jan./fev. 2002. Suplemento.

VAZ, F. N.; RESTLE, J.; VAZ, R. Z.; FEIJÓ, G. L. D.; BRONDANI, I. L.; ROSA, J. R. P.; SANTOS, A. P. Qualidade e composição química da carne de bovinos de corte inteiros ou castrados de diferentes grupos genéticos Charolês x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 2, p. 518-525, mar./abr. 2001.

VENERONI, G. B. **Associação da região centromérica do cromossomo 14 com espessura de gordura em bovinos da raça Canchim**. 2007. 68 f. Tese (Doutorado) - Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2007.

VIGNAL, A.; MILAN, D.; SANCRISTOBAL, M.; EGGEN, A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis Cedex, v. 34, n. 3, p. 275-305, May-June 2002.

WHITE, S. N.; CASAS, E.; WHEELER, T. L.; SHACKELFORD, S. D.; KOOHMARAIE, M.; RILEY, D. G.; CHASE JR, C. C.; JOHNSON, D. D.; KEELE, J. W.; SMITH, T. P. L. A new single nucleotide polymorphism in CAPN1 extends the current tenderness marker test to include cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus*, and crossbred descent. **Journal of Animal Science**, Savoy, IL, v. 83, n. 9, p. 2001-2008, Sept. 2005.

WU, X. L.; MACNEIL, M. D.; DE, S.; XIAO, Q. J.; MICHAL, J. J.; GASKINS, C. T.; REEVES, J. J.; BUSBOOM, J. R.; WRIGHT JR, R. W.; JIANG, Z. Evaluation of candidate gene effects for beef backfat via Bayesian model selection. **Genetica**, The Hague, v. 125, n. 1, p. 103-113, Sept. 2005.

**Embrapa**

---

*Gado de Corte*

**Ministério da Agricultura,  
Pecuária e Abastecimento**

**Governo  
Federal**

CGPE 7736