

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

ANA MARIA BEZERRA OLIVEIRA LÔBO

**ESTUDO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA
EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL DE OVINOS DE CORTE: UMA
ABORDAGEM QUANTITATIVA E MOLECULAR**

**FORTALEZA – CEARÁ
2008**

ANA MARIA BEZERRA OLIVEIRA LÔBO

**ESTUDO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA
EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL DE OVINOS DE CORTE: UMA
ABORDAGEM QUANTITATIVA E MOLECULAR**

FORTALEZA – CEARÁ

2008

ANA MARIA BEZERRA OLIVEIRA LÔBO

**ESTUDO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA
EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL DE OVINOS DE CORTE: UMA
ABORDAGEM QUANTITATIVA E MOLECULAR**

Dissertação submetida à coordenação do Curso de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Zootecnia, Área de Concentração: Produção e Melhoramento Genético Animal

Orientador: Dr. **RAIMUNDO NONATO BRAGA LÔBO**

FORTALEZA

2008

L782e Lôbo, Ana Maria Bezerra Oliveira
Estudo genético de características, de importância econômica em uma população multirracial de ovinos de corte: uma abordagem quantitativa e molecular / Ana Maria Bezerra Oliveira Lôbo . 2008.
96 f. ; enc.

Orientador: Prof. Dr. Raimundo Nonato Braga Lôbo
Co-Orientador : Dr. Samuel Rezende Paiva
Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal do Ceará, Depto. de Zootecnia, Fortaleza, 2008

1.Aromatase 2. Polimorfismo 3. SNP I. Lôbo, Raimundo Nonato Braga (orient.) II. Paiva, Samuel Rezende (co-orient.) III.Universidade Federal do Ceará – Curso de Pós-graduação em Zootecnia
III. Título

CDD 627

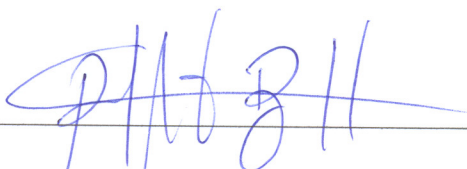
FOLHA DE AVALIAÇÃO

Nome: LÔBO, Ana Maria Bezerra Oliveira

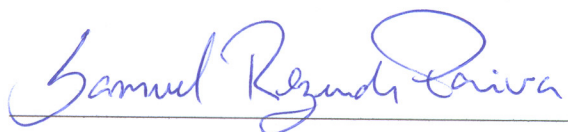
Título: Estudo genético de características de importância econômica em uma população multirracial de ovinos de corte: uma abordagem quantitativa e molecular

Dissertação submetida à coordenação do Curso de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Zootecnia, Área de Concentração: Produção e Melhoramento Genético Animal

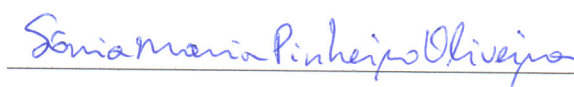
Aprovada em 15/02/2008

BANCA EXAMINADORA

Dr. Raimundo Nonato Braga Lôbo
Orientador



Dr. Samuel Rezende Paiva
Co-orientador



Dra. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira
Co-orientadora

Dedico

A Raimundo Lôbo,

Por ser único, intenso, presente!

*Por toda a sua dedicação, amor e
apoio nos momentos em que fraquejei.*

A minha querida mãe

*Lindalva (in memoriam), que sonhou
com este momento, mas que não está neste
plano para festejar esta conquista.*

AGRADECIMENTO ESPECIAL

Ao meu Orientador, Dr. Raimundo Nonato Braga Lôbo, por oferecer-me uma oportunidade única de enriquecimento, pela valorização, incentivo e acima de tudo ética e profissionalismo. Obrigada por fazer parte das minhas melhores conquistas. Orgulhosa, a você dedico os méritos deste trabalho! Também não poderia deixar de agradecer pela confiança e disponibilidade de me orientar durante os últimos quatro anos que trabalhamos juntos.

Ao meu Co-Orientador, Dr. Samuel Rezende Paiva, pelo exemplo de profissionalismo, competência, pela grande capacidade de dedicação e motivação que foram imprescindíveis para a condução deste trabalho. Seus ensinamentos conseguiram dar um novo significado a este estudo. Obrigada pelo enorme esforço que desprendeu para a realização do meu treinamento no Laboratório de Genética Animal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília-DF. A você meu respeito e enorme admiração!

À estudante de doutorado da Universidade Católica de Brasília, Carla dos Anjos (Carlinha), pela valiosa contribuição durante e após o meu treinamento no Laboratório. Pela amizade e carinho ao me receber em Brasília e por se dedicar ao meu engajamento na sua campanha “Ame Brasília”. Aprendi muito com você e serei eternamente grata!

À Gaasa Agropecuária Ltda., associada do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC), pelos incentivos e irrestrita contribuição com a pesquisa do País. Obrigada por tornar este sonho possível!

Aos colegas do Laboratório de Genética Animal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - CENARGEN, Lígia, Azul, Ana Flávia, com os quais tive maravilhosos momentos e apoio.

AGRADECIMENTOS

À minha Co-Orientadora, Dra. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira, pela plena confiança na minha capacidade de conduzir este trabalho, o meu agradecimento.

À Embrapa Caprinos por fazer parte da minha vida profissional por todos estes anos. Ao GENECOC em nome do Dr. Raimundo Nonato Braga Lôbo, sem os quais este trabalho jamais teria sido possível.

À Universidade Federal do Ceará, que permitiu esta conquista, proporcionando-me a realização do Mestrado.

Ao CNPq, pela bolsa e pelo recurso disponibilizado para elaboração deste trabalho. Pelo incentivo a minha carreira desde a iniciação científica.

Ao Laboratório de Genética do Núcleo de Biotecnologia de Sobral – NUBIS, em nome do M.Sc. Rodrigo Maranguape, pela irrestrita disponibilização do Laboratório para condução deste estudo e ter se mostrado tão solidário a esta idéia.

Ao Dr. Raimundo Rizaldo, pelo empenho em me proporcionar uma excelente condição de trabalho. Minha gratidão!!!

Aos colegas do NUBIS, João, Ricardo, Mona, Daniel e Auxiliadora, pelos agradáveis momentos de descontração e colaboração para execução desta dissertação. Ao meu amigo de curso, Adriano, pelos momentos de desabafo e incentivo mútuo.

Aos Laboratoristas, Auxiliadora (NUBIS) e João Ricardo (Embrapa Caprinos), pela imensa ajuda na elaboração de minhas atividades. Obrigada sempre!

Aos meus queridos sogros, Terezinha e Edivá, e a minha cunhada, Maria do Socorro, pelo enorme apoio durante minha estadia em Fortaleza. Adoro vocês! A toda minha família que, mesmo distante, estão presentes no meu coração.

Mensagem

“Que eu não reze para ser protegido dos perigos,
 mas para não ter medo de enfrentá-los.
 Que eu não implore para ser aliviado da minha dor,
 mas para ter coragem de vencê-la.
 Que eu não procure por aliados na batalha da vida,
 mas pela minha própria força.
 Que eu não suplique, aflito, pela minha salvação,
 mas espere, com paciência, para conquistar minha liberdade.”

(Rabindranath Tagore, séc. XIX-XX)

³ O senhor nos tem dado grandíssimas e preciosas promessas,
 para que por elas fiquemos participantes da natureza divina,
 havendo escapado da corrupção, que pela concupiscência há no mundo.
⁵ E vós também, pondo nisto mesmo toda a diligência, acrescentai à vossa fé a
 virtude, e a virtude a ciência. ⁶ E a ciência temperança, e a temperança paciência,
 e a paciência piedade,
⁷ E à piedade amor fraternal; e ao amor fraternal caridade.
 (Pedro, 1. 4-7)

SUMÁRIO

AGRADECIMENTO ESPECIAL.....	vi
AGRADECIMENTOS.....	vii
LISTA DE TABELAS.....	xi
LISTA DE FIGURAS.....	xv
RESUMO.....	xvi
SUMMARY.....	xviii
1. INTRODUÇÃO.....	20
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	22
2.1. Genética quantitativa na ovinocultura.....	22
2.2. Genética molecular na ovinocultura.....	23
2.3. Genes candidatos.....	24
2.3.1. Genes candidatos e QTL's associados com características de crescimento em ovinos.....	26
2.3.2. Genes candidatos e QTL's associados com características reprodutivas em ovinos.....	29
2.4. Importância da associação de elementos do melhoramento genético quantitativo e da genética molecular na ovinocultura de corte.....	33
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	37
3.1. Informações da Propriedade.....	37
3.2. Estudo genético molecular.....	38
3.2.1. Detecção de polimorfismo em genes candidatos por PCR-RFLP.....	38
3.2.1.1. Detecção de polimorfismo no gene GDF9.....	38
3.2.1.2. Detecção de polimorfismo no gene da Calpastatina.....	39
3.2.1.3. Detecção de polimorfismo no gene CYP19.....	40
3.3. Estudo genético quantitativo.....	41
3.3.1. Características de crescimento.....	41
3.3.1.1. Descrição dos dados.....	41
3.3.1.2. Determinação dos modelos fixos.....	43
3.3.1.3. Análises dos efeitos de genótipo.....	43
3.3.1.4. Avaliações Genéticas.....	45
3.3.2. Características reprodutivas e de habilidade materna.....	46
3.3.2.1. Descrição dos dados.....	46
3.3.2.2. Determinação dos modelos fixos.....	48
3.3.2.3. Análises dos efeitos de genótipo.....	48
3.3.2.4. Avaliações genéticas.....	49
3.3.3. Avaliação do efeito do genótipo sobre os valores genéticos estimados.....	50
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	51
4.1. GDF9.....	51
4.2. Calpastatina.....	51
4.3. Frequência dos alelos para <i>CYP19</i>	51

4.4. Análises dos efeitos do gene da aromatase sobre as características estudadas	53
4.4.1. Análise do efeito do genótipo do indivíduo sobre o seu desempenho para as características de crescimento	53
4.4.2. Análise do efeito do genótipo da mãe sobre o desempenho de suas crias para as características de crescimento	57
4.4.3. Análise do efeito do genótipo do indivíduo sobre as características reprodutivas	60
4.4.4. Análise do efeito do genótipo do indivíduo sobre as características de habilidade materna.....	62
4.5. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características de crescimento	63
4.6. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características de reprodução e habilidade materna	69
4.7. Efeito da inclusão do genótipo dos indivíduos para aromatase nos modelos de análise genética.....	72
4.8. Efeito do genótipo da aromatase sobre os valores genéticos estimados.....	74
4.8.1. Efeito do genótipo do indivíduo sobre os valores genéticos	74
4.8.2. Efeito do genótipo da matriz sobre os valores genéticos de suas crias	77
5. CONCLUSÕES	81
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	82
ANEXOS	94

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. SNP's genotipados em genes ovinos	24
Tabela 2. Genes e QTL's afetando a composição da carcaça em ovinos	27
Tabela 3. Principais e supostos genes de grande efeito ('major genes') para a prolificidade em ovinos	30
Tabela 4. Número de observações no arquivo original (N) e após as restrições (Nr) realizadas para as características de crescimento avaliadas	42
Tabela 5. Número de animais para as características de crescimento estudadas	42
Tabela 6. Número de observações no arquivo original (N) e após as restrições (Nr) realizadas para as características reprodutivas e de habilidade materna	47
Tabela 7. Grupos genéticos analisados para as características de reprodução e de habilidade materna	47
Tabela 8. Frequência alélica para os grupos genéticos estudados.....	53
Tabela 9. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso ao desmame (PD) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados.....	54
Tabela 10. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso a um ano de idade (P1) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados.....	55
Tabela 11. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (g) para a característica ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados	56
Tabela 12. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (g) para a característica ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados.....	57
Tabela 13. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso ao nascimento (PN) mensurada nas crias das matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados	58

Tabela 14. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso ao desmame (PD) mensurada nas crias das matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados.....	59
Tabela 15. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (g) para o ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) mensurado nas crias das matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados	60
Tabela 16. Médias dos quadrados mínimos e seus erros-padrão (dia) para a característica idade ao primeiro parto (IPP) mensurada nas matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados	61
Tabela 17. Médias dos quadrados mínimos e seus erros-padrão (dia) para a característica período de gestação (PG) mensurada nas matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados	62
Tabela 18. Médias dos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD) de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados.....	63
Tabela 19. Número de observações (N), médias observadas e desvio padrão (DP) para as características de crescimento analisadas	64
Tabela 20. Estimativas de (co)variâncias (kg ²) para a análise realizada com as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso ao abate (PA).....	64
Tabela 21. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso ao abate (PA).....	65
Tabela 22. Estimativas de (co)variâncias (kg ²) para a análise realizada com as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso a um ano de idade (P1)...	66
Tabela 23. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso a um ano de idade (P1).....	66
Tabela 24. Estimativas de (co)variâncias (g/dia ²) para a análise realizada com as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat)	67
Tabela 25. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat)	68

Tabela 26. Estimativas de (co)variâncias (g/dia ²) para a análise realizada com as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano).....	68
Tabela 27. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano)	69
Tabela 28. Número de observações (N), médias e desvio padrão (DP) para as características reprodutivas e de habilidade materna analisadas.....	69
Tabela 29. Estimativas de (co)variâncias (dia ²) para a análise realizada com as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP) e período de gestação (PG). 70	
Tabela 30. Herdabilidades e correlações genéticas para as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP) e período de gestação (PG)	71
Tabela 31. Estimativas de (co)variâncias (kg ²) para a análise realizada com as características de habilidade materna, peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD).....	71
Tabela 32. Estimativas de variâncias (σ^2 ; dia ²), herdabilidade (h ²) e valor de -2Log L para a análise uni-característica com dias para o parto (DP)	72
Tabela 33. Valores do logaritmo da função de verossimilhança (-2 Log L) e valores do teste da razão de verossimilhança (LR) para as características de crescimento estudadas, de acordo com o modelo de análise.....	73
Tabela 34. Valores do logaritmo da função de verossimilhança (-2 Log L) e valores do teste da razão de verossimilhança (LR) para as características reprodutivas e de habilidade materna estudadas, de acordo com o modelo de análise	74
Tabela 35. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para os pesos corporais ao nascimento (PN), ao desmame (PD), ao abate (PA) e a um ano de idade (P1).....	75
Tabela 36. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para os ganhos em peso médios diários do nascimento ao desmame (Gn_d), do desmame ao abate (Gdes_abat) e do desmame a um ano de idade (Gdes_ano)	75
Tabela 37. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos maternos para os pesos corporais ao nascimento (PN) e ao desmame (PD), e o ganho de peso do nascimento ao desmame (Gn_d).....	76

Tabela 38. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP), período de gestação (PG) e dias para o parto (DP)	77
Tabela 39. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para as características de habilidade materna, peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD)	78
Tabela 40. Avaliação do efeito do genótipo da matriz sobre as estimativas dos valores genéticos de suas crias para os efeitos diretos para os pesos corporais ao nascimento (PN), ao desmame (PD), ao abate (PA) e a um ano de idade (P1).....	78
Tabela 41. Avaliação do efeito do genótipo da matriz sobre as estimativas dos valores genéticos para os efeitos diretos em suas crias para os ganhos em peso médios diários do nascimento ao desmame (Gn_d), do desmame ao abate (Gdes_abat) e do desmame a um ano de idade (Gdes_ano)	79
Tabela 42. Avaliação do efeito do genótipo da matriz sobre as estimativas dos valores genéticos para os efeitos maternos em suas crias para os pesos corporais ao nascimento (PN) e ao desmame (PD), e o ganho em peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d)	80

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. O complexo aromatase P450. Adaptado de Simpson et al. (1994).....	32
Figura 2. Análise de polimorfismo RFLP do gene da aromatase (<i>Cyp19</i>) em ovinos. Produtos de PCR não digeridos têm um comprimento de 140 pb (alelo B) e, no caso do alelo A, são quebrados em dois fragmentos de 82 pb e 58 pb. PM = Peso Molecular 100pb Ladder (Promega). AB e BB genótipos observados.....	52

ESTUDO GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM UMA POPULAÇÃO MULTIRRACIAL DE OVINOS DE CORTE: UMA ABORDAGEM QUANTITATIVA E MOLECULAR

Autor: ANA MARIA BEZERRA OLIVEIRA LÔBO
Orientador: Prof. Dr. RAIMUNDO NONATO BRAGA LÔBO

RESUMO

Atualmente, existe uma grande possibilidade de associação entre as áreas de genética quantitativa e de genética molecular. Isto pode causar importante impacto na seleção de ovinos, com o estabelecimento de eficientes critérios de seleção para produção de carne. Com isso, os objetivos deste trabalho foram: verificar polimorfismos nos genes GDF9, Calpastatina e Aromatase (CYP19); verificar a frequência de variantes alélicas do tipo SNP nestes genes; verificar os efeitos destas variantes sobre características produtivas e reprodutivas de ovinos de uma população multirracial; estimar os parâmetros genéticos e os valores genéticos destas características, nesta população; verificar o efeito da inclusão do genótipo para estes genes nos modelos para estimativas de parâmetros genéticos e verificar o efeito do genótipo para estes genes sobre os valores genéticos estimados. O gene GDF9 é um gene candidato relacionado com o fenótipo de alta prolificidade. O gene da Calpastatina possui importância na produção de animais de corte, por está relacionado ao crescimento e a qualidade da carne. O gene da aromatase é um candidato afetando o desempenho produtivo e reprodutivo, pelo seu importante papel no metabolismo dos hormônios esteróides. O polimorfismo do tipo (SNP) do gene CYP19 foi investigado pela técnica PCR-RFLP em uma amostra de 133 animais de diversos grupos genéticos de ovinos de corte. Foram estimadas as frequências alélicas e genotípicas de polimorfismos deste gene e investigado o efeito destas variantes sobre características de crescimento, reprodutivas e de habilidade materna, utilizando o procedimento GLM do software SAS. As características estudadas foram peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao abate (PA), peso a um ano de idade (P1), ganho

de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d), ganho de peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat), ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano), idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP), período de gestação (PG), dias para o parto (DP), peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD). Parâmetros genéticos e valores genéticos foram estimados utilizando o método da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas (DFREML). Foi avaliado o efeito da inclusão do genótipo para o gene da aromatase nos modelos para estimativas de parâmetros genéticos. Foi verificado o efeito do genótipo sobre os valores genéticos estimados. Não foi possível genotipar os animais para os genes GDF9 e Calpastatina, devido a dificuldades de padronizar as reações. Assim, os animais foram genotipados apenas para o gene da aromatase. Na amostra estudada para o gene da aromatase, não foram observados indivíduos com genótipo AA. As frequências para os genótipos AB e BB foram 0,65 e 0,35, respectivamente. A frequência alélica diferiu entre os grupos genéticos estudados. O gene da aromatase apresentou influência sobre a maioria das características estudadas, havendo diferenças no padrão desta influência, de acordo com o grupo genético considerado. As herdabilidades diretas estimadas foram 0,21, 0,25, 0,52, 0,39, 0,24, 0,20, 0,21, respectivamente, para PN, PD, PA, P1, Gn_d, Gdes_abat e Gdes_ano, e 0,01, 0,06, 0,14, 0,06, 0,20 e 0,11, respectivamente, para IPP, IP, PG, DP, PTCN e PTCD. Correlações genéticas positivas foram estimadas entre os pesos corporais. A correlação genética entre Gn_d e Gdes_abat foi de 0,37 e entre Gn_d e Gdes_ano foi de 0,55. Correlações genéticas negativas foram estimadas entre IPP com IP e PG. PTCN apresentou correlação genética de 0,52 com PTCD. O uso da informação do genótipo dos animais para o gene da aromatase melhorou o ajuste dos modelos de análises genética sob metodologia BLUP. Os indivíduos com genótipo AB apresentaram superioridade genética em relação àqueles de genótipo BB para a maioria das características estudadas. Pode se concluir que o uso da seleção assistida por marcadores permitirá o aumento da eficiência da seleção atualmente em prática com o uso das metodologias tradicionais de genética quantitativa.

GENETIC STUDY FOR ECONOMIC TRAITS IN A MULTIRACIAL POPULATION OF MEAT SHEEP: A QUANTITATIVE AND MOLECULAR APPROACH

Author: ANA MARIA BEZERRA OLIVEIRA LÔBO
Adviser: Prof. Dr. RAIMUNDO NONATO BRAGA LÔBO

SUMMARY

Nowadays, there is great possibility of association between quantitative and molecular genetics. An important impact would be expected in the sheep selection, with the establishment of efficient criteria for meat production selection. The aims of this work were to verify polymorphisms in GDF9, Calpastatine and Aromatase (CYP19) genes; to verify the frequencies of SNP allelic variants in these genes; to verify the effects of these variants on productive and reproductive traits in a multiracial sheep population; to estimate genetic parameters and breeding values of these traits in this population; to verify the effect of genotype of these genes on models to estimate the genetic parameters and to verify the effect of genotype for these genes on estimated breeding values. GDF9 gene is a candidate related to phenotype of high prolificacy. The calpastatine gene has importance on production of meat animals, as it is related to growth and meat quality. Aromatase gene is a candidate affecting the productive and reproductive performance, by its important role in the steroid hormone metabolism. SNP polymorphism of CYP19 gene was investigated by PCR-RFLP technique in a sample of 133 animals from several breed groups of meat sheep. Allelic and genotypic frequencies were estimated for this polymorphism and the effect of these variants on growth, reproductive and maternal traits were investigated, using GLM procedure of SAS software. The studied traits were birth weight (PN), weaning weight (PD), slaughter weight (PA), yearling weight (P1), weight gain from birth to weaning (Gn_d), weight gain from weaning to slaughter (Gdes_abat), weight gain from weaning to yearling (Gdes_ano), age at first lambing (IPP), lambing interval (IP), gestation length (PG), lambing date (DP), total weight of lambs born for female for lambing (PTCN) and total weight of weaned lambs for female for lambing

(PTCD). Genetic parameters and breeding values were estimated by Derivative Free Restricted Maximum Likelihood (DFREML) method. The effect of genotype inclusion in analysis models for estimation of genetic parameters was evaluated. The effect of genotype on estimated breeding value was verified. It was not possible to verify the genotype of the animals for GDF9 and Calpastatine genes due the difficulties on the reactions standardizations. So the animals were genotyped only for aromatase gene. In studied sample, it is not observed animals with AA genotype. The frequencies for AB and BB were 0.65 and 0.35, respectively. The allelic frequency did differ among studied breed groups. The aromatase gene presented influence on most studied traits, with difference in this influence according to breed group. The direct heritabilities were 0.21, 0.25, 0.52, 0.39, 0.24, 0.20, 0.21, respectively, for PN, PD, PA, P1, Gn_d, Gdes_abat and Gdes_ano, and 0.01, 0.06, 0.14, 0.06, 0.20 and 0.11, respectively, for IPP, IP, PG, DP, PTCN and PTCD. Positive genetic correlations were estimated among corporal weights. Genetic correlation between Gn_d and Gdes_abat was 0.37 and between Gn_d and Gdes_ano was 0.55. Negative genetic correlations were estimated between IPP with IP and PG. PTCN presented genetic correlation of 0.52 with PTCD. The use of information of genotype of aromatase gene increased the efficiency of models for genetic analyses by BLUP methodology. The animals with AB genotype presented genetic superiority for most studied traits in relation to those with BB genotype. It is possible conclude that the use of marked assisted selection will permit increase the efficiency of selection today in practice with the use of traditional quantitative genetic methodologies.

1. INTRODUÇÃO

A eficiência de um setor pode ser mensurada pela sua capacidade de estabelecimento, manutenção e competição com seus concorrentes diretos e indiretos. Como setor relacionado à produção de alimentos, a ovinocultura de corte necessita se estabelecer frente aos seus concorrentes da produção de alimentos cárneos, como a bovinocultura, a suinocultura, a avicultura, como também com outros alimentos fornecedores de proteína. Neste contexto, no cenário nacional, a ovinocultura de corte ainda está distante de ser um forte competidor, uma vez que a atividade encontra-se em expansão e reestruturação, buscando primeiramente seu pleno estabelecimento.

De acordo com o IBGE (IBGE, 2007), o país possuía, em 2005, um rebanho de 15.588.041 cabeças de ovinos, demonstrando um aumento de 5,43% entre os anos de 2000 e 2005. Este crescimento pode ter sido em decorrência de um novo despertar para esta atividade, com inserção de novos produtores, principalmente na região Centro-Oeste do país.

Paralelamente a este crescimento, têm sido verificadas diversas ações na busca de promover melhorias na produtividade do rebanho nacional. Entretanto, para que a ovinocultura alcance seu espaço nos mercados locais e global, é necessária a maximização da eficiência de produção de forma rentável e sustentável. Para se avaliar a eficiência dos sistemas de produção de carne ovina, deve-se considerar, em termos econômicos, por exemplo, o total de carne produzido por ano, o que está na dependência direta da eficiência reprodutiva e habilidade materna das matrizes, bem como da taxa de crescimento corporal dos animais.

Neste contexto, o melhoramento genético animal constitui-se como uma das ferramentas mais eficiente, capaz de modificar os genótipos existentes e melhorar a produtividade de um setor. A genética quantitativa e a genética molecular são os alicerces para o melhoramento dos animais domésticos. A genética quantitativa estuda a herança das diferenças entre os indivíduos, as quais são os recursos da seleção natural e artificial (Falconer e Mackay, 1996). A avaliação genética inicia-se pela análise do fenótipo, identifica influências genéticas e fornece métodos para maximizar a resposta à seleção. A genética molecular procura conhecer os alelos ou seqüência de DNA, examina sua influência no

fenótipo, gerando contribuições diretas à produção animal, a partir de uma melhor compreensão da estrutura e expressão dos genes (Beuzen et al., 2000).

Portanto, atualmente, existe uma grande possibilidade de associação entre os conhecimentos das áreas de genética quantitativa, com suas estimativas de valores genéticos, e de genética molecular, com a identificação de marcadores moleculares em ovinos. Esta associação poderá causar importantes impactos na seleção de ovinos, com o estabelecimento de critérios de seleção eficientes. Conseqüentemente, a ovinocultura de corte poderá adaptar-se às novas demandas do mercado consumidor, buscando oferecer produtos de melhor qualidade e a menores custos.

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram:

1. Verificar polimorfismos nos genes GDF9, Calpastatina e Aromatase;
2. Verificar a frequência de variantes alélicas do tipo SNP nestes genes;
2. Verificar os efeitos destas variantes sobre características produtivas e reprodutivas de ovinos de uma população multirracial;
3. Estimar os parâmetros genéticos e os valores genéticos destas características, nesta população;
4. Verificar o efeito da inclusão do genótipo para estes genes nos modelos para estimativas de parâmetros genéticos;
5. Verificar o efeito do genótipo para estes genes sobre os valores genéticos estimados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Genética quantitativa na ovinocultura

Os estudos de genética quantitativa buscam estimar os parâmetros genéticos das populações, tais como variâncias genéticas e de ambiente, herdabilidades e correlações genéticas, de maneira a estabelecer adequadas estratégias de seleção. Além disso, avaliam os ganhos genéticos obtidos e propõem diferentes objetivos e critérios de seleção, dentre outras ações. Poucos trabalhos são encontrados na literatura nacional relatando estimativas de parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em ovinos. Destacam-se a revisão de literatura realizada por Lôbo (2002), o trabalho de Sarmiento et al. (2006) e os de Sousa et al. (1999) e Sousa (2006).

Herdabilidade para características de crescimento tem sido estimada. Valores de 0,20 e 0,00, respectivamente, para os pesos ao nascimento (PN) e aos 112 dias de idade (peso ao desmame - PD) foram estimados por Sarmiento et al. (2006), em ovinos Santa Inês. Estimativas da média da literatura para estas características foram de 0,33 e 0,32 (Lôbo, 2002). Sousa et al. (1999) estimaram valores de 0,12 e 0,03, respectivamente, para os pesos ao nascimento e aos 112 dias de idade (desmame). Valores de herdabilidade para as características peso ao abate e peso a um ano de idade (P1) são escassos na literatura nacional. Lobo (2002) apresentou média de herdabilidade para estimativas da literatura de 0,31 para P1. Maria et al. (1993) estimaram herdabilidade para os efeitos diretos e maternos para a característica ganho em peso do nascimento ao desmame. Lobo (2002) apresentou valor médio de herdabilidade da literatura nacional de 0,36 para ganho em peso do nascimento aos 56 dias de idade.

Estimativas de herdabilidade para os efeitos maternos de 0,12 para PN e de 0,10 para PD foram estimadas por Sousa et al. (1999) e valores semelhantes foram estimados por Mousa et al. (1999). Maria et al., 1993, também estimaram herdabilidades para os efeitos maternos para PN e PD. Tosh & Kemp (1994) encontraram valores de herdabilidade materna

de 0,22, 0,31 e 0,13 para PN e de 0,16, 0,21 e 0,05 para peso aos 50 dias de idade, respectivamente para ovinos das raças Hampshire Down, Poll Dorset e Romanov.

Correlações entre os efeitos diretos e maternos de -0,47 e -0,24, respectivamente, para PN e PD foram estimadas por Sarmiento et al. (2006). Sousa et al. (1999) observaram correlações de -0,15 e 0,31 entre os efeitos diretos e maternos para os pesos ao nascimento e aos 112 dias (desmame), respectivamente.

De uma forma geral, estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas em ovinos de corte, ainda, são escassas na literatura brasileira. Lobo (2002), em sua revisão, apresentou média de herdabilidade de 0,27 para o intervalo de partos. Este mesmo valor de herdabilidade foi estimado por McManus & Miranda (1998), entretanto, com erro-padrão superior à estimativa (0,29). Herdabilidades para as características peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD) foram estimadas por McManus & Miranda (1998). Lobo (2002) apresentou média da literatura de 0,30 para PTCD.

2.2. Genética molecular na ovinocultura

Geneticistas têm buscado, ao longo dos anos, compreenderem a base molecular das características produtivas em diversas espécies animais, bem como na espécie ovina.

O genoma ovino (*Ovis aries*) compreende 54 cromossomos, sendo 26 pares autossômicos e 2 cromossomos sexuais. Segundo Cockett et al. (2001), o desenvolvimento de mapas de ligação para ovinos tem sido ponto crítico para estudos genômicos nessa espécie. Esta revisão reportou que antes de 1994, apenas 17 marcadores tinham sido designados para 7 grupos sintéticos. Estes autores citaram a seguinte seqüência cronológica na construção de mapas de ligação para a espécie: 1) mapa com 19 grupos de ligação, contendo 52 marcadores, incluindo microssatélites e genes candidatos em polimorfismo no comprimento de fragmentos de restrição (RFLPs; Crawford et al., 1994); 2) mapa com 246 marcadores, com espaçamento entre 10 e 30 cM, cobrindo um total de 2.070 cM, cerca de 75% do genoma (Crawford et al., 1995); 3) um mapa de segunda geração, contendo 519 marcadores, compreendidos por 3.063 cM (de Gortari et al., 1998); e, 4) um mapa de terceira geração contendo 1.062 loci, com 3.400 cM (média de ambos os sexos) para os autossômicos e 132 cM (fêmeas) no cromossomo X (Maddox et al, 2001). Cockett et al. (2001) ressaltou que estes mapas de

ligação continham relativamente poucos genes expressos (~120), devido à dificuldade de identificação da variação alélica necessária nas análises de ligação.

O desenvolvimento de mapas genéticos ovinos contendo marcadores moleculares e genes têm avançado grandemente e, são ferramentas essenciais para auxiliar a identificação de regiões genéticas que contêm loci de característica quantitativa (QTL; Cockett, et al. 2006). Avanços nos estudos genômicos em ovinos na década passada têm conduzido para a identificação de variantes moleculares que influenciam um grande número de características fenotípicas.

Certamente a identificação de genes responsáveis por caracteres produtivos não requerem apenas a identificação de marcadores, mas informações (dados) fenotípicas e genotípicas e uma metodologia estatística que permita identificar os possíveis genes, ou ao menos segmentos cromossômicos de interesse.

Desde então, a identificação de genes ou QTL's, responsáveis pela variação genética nas características de interesse, tem sido o objetivo de numerosos grupos de estudos em todo o mundo. A busca por variantes alélicas ou Polimorfismos de Base Individual (*Single Nucleotide Polymorphisms* - SNP's) em diversos genes candidatos, associados com características de crescimento ou reprodutivas em ovinos, foi realizada por Pariset et al. (2006). Os autores identificaram 37 SNP's em 27 genes relevantes em ovinos de diversas raças na Europa. Na Tabela 1 estão apresentados os SNP's identificados neste estudo. Os autores afirmaram que até a finalização de seu estudo não havia SNP's ovinos documentados no banco de dados da "*National Center for Biotechnology Information dbSNP*".

2.3. Genes candidatos

Genes candidatos são genes de seqüência e ação biológica conhecida, que estão envolvidos com o desenvolvimento ou a fisiologia de uma determinada característica. Podem ser genes estruturais ou regulatórios, afetando a expressão desta característica. A hipótese do gene candidato é que a maior porção da variância de um loci de característica quantitativa (QTL) é causada pela variação funcional dos genes que estão diretamente envolvidos com essa característica (Soller, 1998).

Segundo Rothschild e Soller (1999) a metodologia de estudo de genes candidatos não tem alto custo e apresenta as seguintes vantagens: alto poder estatístico, ampla aplicabilidade, simplicidade operacional e conveniente aplicação à seleção assistida por

Tabela 1. SNP's genotipados em genes ovinos

Lócus	Nome	SNP
<i>MC1R_1</i>	Receptor 1 de Melanocortina	Y13965:g.361G>A
<i>MC1R_2</i>	Receptor 1 de Melanocortina	Y13965:g.218T>A
<i>SFN</i>	Estratífina	AF071008:g.408G>A
<i>KRT1</i>	Queratina-1	M23912:g.5279G>C
<i>KRTAP6</i>	Proteína 6 associada com queratina	M95719:g.1305A>G
<i>TNF_1</i>	Fator α de necrose de tumor	X5675:g.836delACA
<i>TNF_1</i>	Fator α de necrose de tumor	AY513771:g.244T>C
<i>SERPINA3</i>	Alfa-1 anti-quimotripsina	DQ383805:g.134A>G
<i>ACVR2B_1</i>	Receptor IIB de activina	U57707:g.826+13C>T
<i>ACVR2B_2</i>	Receptor IIB de activina	U57707:g.826+124G>A
<i>BMPR_1</i>	Booroola	AF357007:g.1797A>C
<i>BMPR_2</i>	Booroola	AF357007:g.2256A>G
<i>CAST_1</i>	Calpastatina	U66320:g.1022+200G>A
<i>CAST_2</i>	Calpastatina	U66320:g.1022+288C/T
<i>MEG3</i>	Callipyge	AY017222:g.379G>T
<i>CSN1S1_1</i>	α S1-Caseína	AY534901:g.881A>G
<i>CSN1S1_2</i>	α S1-Caseína	AY444506:g.137C>T
<i>CSN3</i>	k-Caseína	X51822:c.168T>C
<i>CTSB</i>	Catepsina B	AY787747:g.275A>G
<i>DES_1</i>	Desmina	AB011673:g.707+8A>G
<i>DES_2</i>	Desmina	AB011673:g.994+211G>T
<i>FABP4</i>	Fatty acid binding protein 4	X89244:g.409+165C>T
<i>GHR</i>	Receptor do hormônio de crescimento	AY292283:g.122A>G
<i>GHRHR</i>	Receptor do hormônio que libera o hormônio do crescimento	AY292289:g.339G>T
<i>IGF1</i>	Insulin-like-growth factor 1	AY737509:g.211C>T
<i>IL2_1</i>	Interleucina 2	AF287479:g.318A>G
<i>IL2_2</i>	Interleucina 2	AF287479:g.3605C>T
<i>IL4</i>	Interleucina 4	DQ384928:g.160C>T
<i>ITGB1</i>	Integrina B1	AY787745:g.203C>T
<i>LEP_1</i>	Leptina	U43943:g.314A>G
<i>LEP_2</i>	Leptina	U43943:g.476A>G
<i>GDF8</i>	Miostatina	AY032689:g.2156C>T
<i>MYH1</i>	Miosina 1	AY737517:g.295A>G
<i>PRNP_1</i>	Proteína príon	U67922:g.22684C>T
<i>PRNP_2</i>	Proteína príon	U67922:g.22226C>T
<i>TYRP1</i>	Proteína 1 relacionada a tirosinase	AY737511:g.216C>T
<i>ZP2</i>	Glicoproteína 2 da zona pelúcida	DQ383806:g.105C>T

Fonte: adaptada de Pariset et al. (2006)

marcadores (*MAS*). Uma limitação do uso de genes candidatos são os efeitos de pleiotropia e epistasia de outros genes sobre o gene candidato e a possibilidade de que o gene estudado não seja aquele que esteja causando a diferença na característica, mas esteja somente ligado ao QTL (Rothschild & Soller, 1999). Ainda, segundo estes autores, quando existem informações a respeito de sítios polimórficos, cria-se a base para a genotipagem de SNP's por meio de técnicas rápidas e fáceis de implementar para a varredura de grandes populações.

Marcadores SNP's baseiam-se em uma única substituição de base nitrogenada na seqüência do DNA e a detecção molecular dos mesmos são realizadas por diversas técnicas, dentre as quais a Reação em Cadeia de Polimerase – Polimorfismo no Comprimento dos Fragmentos de Restrição (*“Restriction Fragment Length Polymorfism-Polimerase Chain Reaction”*; *PCR-RFLP*). Para que a região seja considerada como um SNP, assume-se que o alelo menos freqüente tenha abundância acima de 1% (Vignal et al., 2002).

As substituições de base única ocorrem ao longo do DNA, resultantes de diversos mecanismos de mutações, dentre eles as transições e as transversões. As transições caracterizam-se por substituição de purina por purina ($G \Leftrightarrow A$) ou pirimidina por pirimidina ($C \Leftrightarrow T$). As transversões caracterizam-se quando uma purina é substituída por pirimidina ou pirimidina por purina. Uma mutação que consiste na mudança de uma única base, na seqüência codificante de um determinado gene, pode levar a uma perda completa da expressão do gene ou à formação de uma proteína variante com propriedades alteradas.

A seguir serão descritos os principais estudos realizados sobre identificação de regiões polimórficas em genes candidatos, para características relevantes em ovinos.

2.3.1. Genes candidatos e QTL's associados com características de crescimento em ovinos

Segundo Cockett et al (2005), nove distintos loci que influenciam a composição da carcaça de ovinos já foram identificados (Tabela 2). Três destes loci são bem conhecidos ('callipyge', 'Carwell' e musculatura dupla ou 'double muscling') e são caracterizados por hipertrofia das miofibras. Ao contrário da hiperplasia muscular, que é o aumento no número de miócitos, a hipertrofia muscular é um aumento no diâmetro da miofibras. Os autores

ressaltaram, também, que o mecanismo biológico que resulta destas mutações no músculo ainda não é bem conhecido.

O gene ‘callipyge’ tem sido alvo de intensos estudos, desde que evidências empíricas demonstraram a existência de um gene responsável pela condição de musculatura extrema. Jackson & Green (1993) e Jackson et al. (1993a,b) relataram que um simples gene autossômico seria responsável pela condição de hipertrofia muscular. O nome *callipyge* (do Grego *calli-*, beautiful; *-pyge*, nádegas) e o símbolo *CLPG* foram propostos para este gene, e a existência de dois alelos, *CLPG* e *clpg*, foi sugerida. Os autores demonstraram que cordeiros com hipertrofia muscular possuíam 32, 2% mais massa muscular que cordeiros normais. Este aumento na massa muscular foi limitado quase que exclusivamente aos membros pélvicos. Os autores observaram também que animais ‘callipyge’ apresentavam carcaças notavelmente magras, com 7,8% menos gordura que as carcaças de animais normais.

Tabela 2. Genes e QTL’s afetando a composição da carcaça em ovinos

Nome do fenótipo	Raça	Cromossomo	Descrição
Callipyge	American Dorset	18	~30% de aumento na massa muscular
			~8% de decréscimo no conteúdo de gordura
Carwell	Australian Poll Dorset	18	Localizado na garupa ~10% de aumento de área de olho de lombo
	British Texel	18	~10% de aumento de área de olho de lombo
	Australian Texel	n.t. ¹	Hipertrofia muscular generalizada
Musculatura dupla	Belgian Texel	2	Hipertrofia muscular generalizada
	New Zealand Texel	2	Hipertrofia muscular generalizada
Outros QTL	British Suffolk	1	Profundidade muscular e peso
		3	Peso da gordura
	British Texel	18	Peso a 8 semanas de idade
		3	Profundidade e peso
		4	Peso da gordura
	20	Profundidade da gordura	

Fonte: Adaptado de Cockett et al. (2005). ¹Não testado.

Cockett et al. (1994) investigaram marcadores ligados ao locus *CLPG*, usando marcadores de DNA de bovinos, com o objetivo de desenvolver estudos de ligação no cromossomo 18 de ovinos. Estudos independentes posicionaram o locus *callipyge* (*CLPG*) na região terminal do cromossomo 18 e demonstraram evidências que o modo de ação do gene seria sobredominância polar paterna (Cockett et al., 1994; 1996; Freking et al., 1998). Normalmente, o ‘callipyge’ tem sido confundido com o gene da musculatura dupla em bovinos. No entanto, Koohmaraie et al. (1995) relataram as distintas diferenças entre o ‘callipyge’ em ovinos e a musculatura dupla em bovinos. Trabalho mais recente sobre este gene foi publicado por Vuocolo et al. (2007).

O locus chamado de ‘rib-eye muscling’ (*REM*), que afeta o músculo *longissimus* em ovinos, foi localizado no final distal do marcador OAR18, próximo ao *CLPG*, por Nicoll et al. (1998). Embora ele tenha sido provisoriamente designado como ‘rib-eye muscling’ é mais conhecido como “Carwell” (Cockett et al., 2005). Este locus é responsável pelo fenótipo de hipermusculosidade. McEwan et al. (1998) reportaram que, diferentemente do *CLPG*, o efeito do locus “Carwell” é limitado ao músculo *longissimus*. Jopson et al. (2001) verificaram que o ‘Carwell’ não tem efeito sobre a maciez da carne e não altera o depósito de gordura intramuscular.

Segundo Cockett et al. (2005), a condição de hiper-desenvolvimento muscular generalizado observado em ovinos da raça Texel (Wolf, et al., 2001), que é remanescente do fenótipo ‘double muscling’ em bovinos, é conhecido como “*Texel double muscling*”. A miostatina ou fator 8 de crescimento e diferenciação (*Myostatin* ou ‘*Growth and Differentiation Factor 8 - GDF8*’) tem sido identificado como o responsável pelo fenótipo conhecido como musculatura dupla em bovinos (Bellinge et al., 2005). Walling et al. (2001) confirmaram ligação de QTL nos cromossomos 2 e 18, afetando a musculosidade e a engorda de ovinos. As ligações no cromossomo 2 foram localizadas entre duas regiões. O QTL afetando características musculares foi localizado próximo ao OarFCB128, aproximadamente a 90 cM do locus da *miostatina*. Evidências de múltiplos alelos no locus do *GDF8* foram recentemente demonstradas por Kijas et al. (2007).

Estudos de mapeamento de QTL’s para características de crescimento foram realizados por Walling et al. (2004), McRae et al. (2005), Moghaddar et al. (2006) e Matika et al. (2006).

Recentemente, alguns estudos verificaram variantes no gene da Calpastatina (*CAST*), dentre eles cita-se: Shahroudi et al. (2006) que verificaram variantes em ovinos Karakul; Roberts et al. (1996) e Palmer et al. (2000) que reportaram variações na região do

intron no gene CAST em ovinos. A enzima calpastatina é uma inibidora específica, cálcio dependente, das calpaínas e possui papel regulatório sobre o crescimento muscular e a maciez da carne pós-morte.

Zhou et al. (2006) investigaram variações no *exon* 6 no gene CAST e identificaram substituição não-sinônima, resultando em polimorfismo Gln/Leu no domínio L, cuja função atualmente é desconhecida. Em bovinos, Barendse et al. (2007) investigaram epistasia entre SNP no gene da *Calpaína 1* (CAPN1) e o gene CAST. Trabalhos têm sugerido que o gene CAST estaria localizado no cromossomo 5 em ovinos (Hediger et al., 1991; Crawford et al., 1995). Palmer et al. (1998) identificaram dois alelos para o CAST, *M* e *N*, que diferem por haver um número de sítios de restrição em um alelo, mas não no outro. Koohmaraie et al. (2002) apresentaram relação entre mudanças nas taxas de atividade da calpastatina e alterações musculares em ovinos com fenótipo ‘callipyge’, sugerindo associação da calpastatina com maior eficiência de crescimento muscular em ovinos ‘callipyge’.

2.3.2. Genes candidatos e QTL's associados com características reprodutivas em ovinos

Genes influenciando a prolificidade e a taxa de ovulação em ovinos também têm sido bastante estudados. Estas características são complexas, sendo influenciadas por fatores genéticos e ambientais. A primeira evidência de um gene principal (*single major gene*) afetando a taxa de ovulação em ovinos foi sugerida por Piper e Bindon (1982). Eles sugeriram que a excepcional fecundidade de ovinos Booroola Merino talvez fosse resultante da ação de gene principal. Neste período, houve muitas dúvidas de que uma característica complexa pudesse ser fortemente influenciada por um único gene (Davis, 2005). Na Tabela 3 são apresentados os genes de efeito principal ou *major genes* e os supostos genes principais que afetariam a prolificidade em ovinos, já descritos desde a observação inicial de Piper e Bindon em 1982 (Davis, 2005).

Piper e Bindon (1982) e Davis et al. (1982), em seus registros de prolificidade e taxa de ovulação de Merinos *Booroola* e suas cruzas, demonstraram evidências da segregação de um único locus autossômico que foi denominado *Fecundity Booroola (FecB)*, com efeito aditivo sobre a taxa de ovulação e parcialmente dominante sobre a prolificidade. Montgomery

et al. (1993) demonstraram que o gene *Booroola* está situado no cromossomo 6 dos ovinos. Em 2001, trabalhos simultâneos demonstraram que a herança da prolificidade observada em Merinos Booroola era resultante de uma mutação no receptor 1B da proteína morfogenética do osso (*'bone morphogenetic protein 1B receptor-BMPR1B'*; Mulsant et al., 2001; Souza et al., 2001; Wilson et al., 2001).

Evidências de um gene denominado Inverdale (*FecX*), localizado no cromossomo X, influenciando a taxa de ovulação em fêmeas Romney, foi apresentado por Davis et al. (1991). Quase uma década após, Galloway et al. (2000) descobriram que o fenótipo de alta prolificidade destes animais era resultante de mutação no gene da proteína 15 morfogenética do osso (*'bone morphogenetic protein 15 - BMP15'*), também conhecido por fator 9B de diferenciação do crescimento (*growth differentiation factor 9B - GDF9B*). Outras mutações nos BMP15 e GDF9 são apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3. Principais e supostos genes de grande efeito ('major genes') para a prolificidade em ovinos

Gene	Nome	Símbolo Alelo	Cromossomo	Raça
<i>BMPR-1B</i>	Booroola	<i>FecB^B</i>	6	Merino, Garole e Javanese
<i>BMP15</i>	Inverdale	<i>FecX^I</i>	X	Romney
<i>BMP15</i>	Hanna	<i>FecX^H</i>	X	Romney
<i>BMP15</i>	Belclare	<i>FecX^B</i>	X	Belclare
<i>BMP15</i>	Galway	<i>FecX^G</i>	X	Belclare e Cambridge
<i>BMP15</i>	-	-	X	Lacaune
<i>GDF9</i>	High Fertility	<i>FecG^H</i>	5	Belclare e Cambridge
-	Woodlands	<i>FecX2^W</i>	X	Coopworth
-	Lacaune	<i>FecL^L</i>	11	Lacaune
-	Thoka	<i>FecL^I</i>	-	Icelandic
-	-	-	-	Olkuska
-	-	-	-	Belle-Ile

Fonte: adaptado de Davis (2005)

Hanrahan et al. (2004) identificaram mutação nos genes GDF9 (High Fertility) e BMP15. Estes autores observaram que a mutação pontual no gene GDF9, denominada *High Fertility*, estava associada ao aumento da taxa de ovulação quando em heterozigose (*FecG^H*) e

a infertilidade quando em homozigose, em ovelhas européias. O gene GDF9 foi posicionado no cromossomo 5 em ovinos (Sadighi et al. 2002) e o mesmo codifica uma cadeia polipeptídica de 453 aminoácidos, que depois de processada dá origem a um peptídeo maduro com 135 aminoácidos. O GDF9 tem efeito mitogênico sobre as células da granulosa e cumulus adjacentes, sendo fundamental para a foliculogênese e o desenvolvimento folicular. SNP's no gene GDF9 foram investigados por Castro et al. (2006). Estes autores identificaram novas mutações que podem estar associadas ao fenótipo de prolificidade de ovelhas Santa Inês.

Outro gene de igual importância na reprodução de ovinos é conhecido por *CYP19* ou gene da Aromatase. A enzima aromatase citocromo P450 (P450_{arom}) é responsável pela biossíntese de estrogênio através da conversão ou aromatização de andrógenos em estrógenos. O estrogênio é um hormônio de importante atividade endócrina, parácrina e autócrina, envolvido não somente na regulação da reprodução de machos e de fêmeas, mas também em outras características como deposição de gordura (Heine et al., 2000; Jones et al., 2000 *apud* Zsolnai et al., 2002) e crescimento (Simpson et al., 2000 *apud* Zsolnai et al., 2002). Estudos em humanos revelaram que uma mutação no gene (*CYP19*), que codifica a enzima aromatase P450, estaria associada com a maturação óssea e, conseqüentemente, com o crescimento linear (Morishima et al., 1995; Carani et al., 1997). Esses trabalhos estabeleceram que o estrogênio, e não o androgênio, é o responsável pelo avanço da maturação óssea.

O gene *CYP19* que codifica a enzima aromatase em ovinos tem sido mapeado nas bandas q24-q31 do cromossomo 7 (Payen et al., 1995; Goldammer et al., 1999 *apud* Vanselow et al., 1999a). No códon 69, no qual está localizado o éxon 3, foi verificada uma transição silenciosa C/T em diversos animais (Vanselow et al., 1999a). Em ovinos, o *CYP19* é transcrito por quatro diferentes regiões promotoras (P1.1, P1.4, P1.5 e P2) que apresentam atividades órgão-específico. P2 é ativo principalmente nas células da granulosa, P1.5 e P1.1 na placenta e P1.4 é ativo no cérebro (Vanselow et al., 1999b; 2001). Na granulosa, a aromatase é essencial para a foliculogênese e, conseqüentemente, para a qualidade dos oócitos. A aromatase está relacionada, também, através da aromatização de andrógenos em estrógenos, com o estímulo ao cio e o desenvolvimento da glândula mamária (González, 2002). Nos folículos ovarianos, o acúmulo de androgênios produzidos pela teca folicular, quando eles não são adequadamente sintetizados em estrogênios pelas células granulosas, parece que exercem um efeito inibitório sobre as estruturas foliculares, fazendo com que os folículos entrem em atresia e morram. Em muitas espécies, a biossíntese de estrogênio no

cérebro tem sido relacionada ao comportamento sexual, tais como, resposta ao acasalamento e, frequentemente, dimorfismo sexual acentuado (Simpson et al., 1994).

Alguns trabalhos com bovinos indicaram que os estrógenos exercem um importante papel na manutenção da prenhez (Wendorf et al., 1983) e na sinalização do início do trabalho de parto (Hoffmann et al., 1979 e Thorburn & Challis, 1979). A síntese de estrogênio inicia-se a partir do colesterol mitocondrial e utiliza substratos andrógenos, tais como a androstenediona, que são convertidos em estrógenos pela enzima aromatase (Conley & Hinshelwood, 2001). O mecanismo de reação da biossíntese pelo complexo (P450_{arom}) é demonstrado na Figura 1. O P450_{arom} é membro de uma superfamília de genes (Nelson et al., 1993) e é o único membro da família 19, designada CYP19. Essa denominação baseia-se no fato de que o grupo angular metil C19 é o sítio de ligação do oxigênio. Para cada mol de esteróide C19 metabolizado, a reação da aromatase utiliza três moles de oxigênio e três de nicotinamida adenina dinucleotídeo-P (NADPH).

THE AROMATASE ENZYME COMPLEX

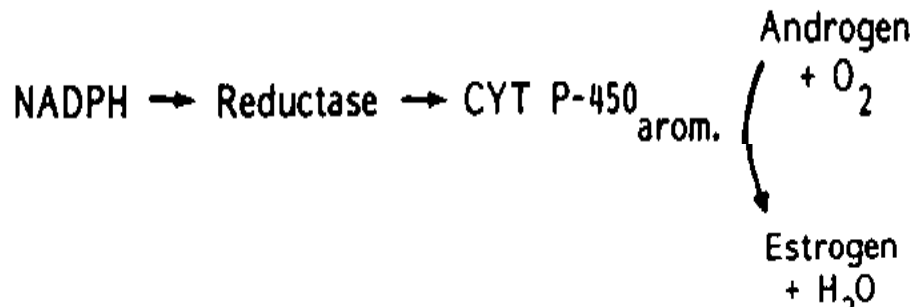


Figura 1. O complexo aromatase P450. Adaptado de Simpson et al. (1994).

O complexo aromatase P450 é responsável por se ligar ao substrato esteroidal C19, a androstenediona e a testosterona são os mais comuns, e catalisar uma série de reações, levando a formação do anel fenólico A, característico dos estrógenos, com concomitante perda do grupo metil C19 na forma de ácido fórmico. Associada a essa enzima, está uma flavoproteína, a NADPH-citocromo P450 redutase que é responsável por transferir redutores equivalentes do NADPH para qualquer forma microsomal da aromatase P450 com a qual tenha contato.

Trabalhos associando este gene com características de importância econômica em ovinos são escassos na literatura mundial.

2.4. Importância da associação de elementos do melhoramento genético quantitativo e da genética molecular na ovinocultura de corte

Programas de melhoramento de ovinos de corte, em todo o mundo, têm como principal instrumento, informações fenotípicas e de registro de pedigree que são indispensáveis para a seleção dos animais. Características de interesse mundial em ovinos incluem fertilidade e outras características reprodutivas, além de eficiência e taxa de crescimento, produção de leite, composição e qualidade da carcaça, características de lã e resistência a doenças (Cockett et al., 2001).

O interesse do melhorista animal é selecionar os animais que possuem um maior valor genético para as características fenotípicas de interesse. Segundo Lobo (2005), o meio mais eficiente para realizar a seleção dos animais é através de avaliações genéticas dos possíveis candidatos. Os valores genéticos preditos referem-se à avaliação do somatório dos efeitos médios dos alelos que o animal possui (Falconer, 1989). Com a avaliação genética, os valores genéticos dos animais são expressos na forma de Diferença Esperada na Progenie (DEP) para cada característica a ser considerada. A DEP é usada em todo o mundo para comparar o mérito genético dos animais para várias características e prediz a habilidade de transmissão genética de um animal avaliado como progenitor (Lobo, 2005).

Para prever a capacidade de transmissão de um indivíduo, é necessário o conhecimento de valores fenotípicos, relações de parentesco, variâncias e covariâncias genéticas, fenotípicas e de ambiente, para promover a correta seleção daqueles indivíduos que contribuirão com genes para a formação da próxima geração, levando ao aumento na frequência dos genes de efeito favorável (Lobo, 2005).

Atualmente, as avaliações genéticas são realizadas utilizando metodologias estatísticas baseadas, principalmente, em modelos lineares mistos, sob modelo animal, utilizando os procedimentos de melhor predição linear não viesada (*Best Linear Unbiased Prediction* - BLUP). O procedimento de predição de valores genéticos denominado BLUP foi desenvolvido por Henderson em 1949 e apresentado formalmente em 1973 (Henderson, 1973;

1984). Esta técnica permite a separação de efeitos genéticos de efeitos ambientais e a efetiva utilização de informações de pedigree.

A seleção fenotípica dos animais com base no seu valor genético tem sido praticada por décadas de forma consciente. Um bom exemplo de sucesso do uso desta ferramenta é verificado nos setores aviários e na bovinocultura. Na ovinocultura de corte do Brasil, o processo de seleção ainda é comprometido por diversos motivos.

Recentemente, avanços na engenharia genética molecular têm prometido revolucionar as práticas agropecuárias, bem como resolver algumas problemáticas do melhoramento genético dos animais. Vale destacar que, de forma isolada, os métodos moleculares dificilmente poderão promover melhoramento de um setor. De acordo com Lande & Thompson (1990), a genética molecular nunca poderá substituir os métodos tradicionais de melhoramento, mas, em vez disto, ser integrada a estes métodos tradicionais de seleção para maximizar o melhoramento de característica de importância econômica. As razões reportadas por estes autores são as seguintes:

1. Consideráveis taxas de melhoramento de diversas características de importância econômica têm sido alcançadas por várias décadas, entretanto, mais da metade do ganho são devidos muito mais às melhorias das práticas de manejo do que às mudanças genéticas.

2. Muitas das características de importância são quantitativas, isto é, são influenciadas por numerosos loci ao longo do genoma e frequentemente tem pequeno efeito individual.

3. Efeitos maiores de genes simples, que são importantes para a engenharia genética, normalmente possuem efeitos pleiotrópicos deletérios.

4. A alta mutabilidade de caracteres poligênicos favorece o aumento da variação genética dentro das populações sob seleção.

Grattapaglia (2004), em discussão sobre teste de DNA para maciez da carne, destacou o mito e a visão realista sobre o uso desta ferramenta. O mito é que tem sido dito que este teste permitirá avaliar a superioridade genética de um animal diretamente sem necessidade de pedigrees, testes de progênie, fenotipagem, etc.. A visão realista é que no cenário da seleção e melhoramento genético, os fenótipos e os resultados de testes de DNA de indivíduos e parentes são combinados através de avaliações nacionais para produzir estimativas mais acuradas, sobre as quais são tomadas as decisões de seleção.

Os métodos de genética molecular podem ser importantes aliados, fornecendo informações adicionais para o gerenciamento genético. Segundo Grattapaglia (2004), os marcadores de DNA são ferramentas poderosas para resolver questões de identificação

individual e de parentesco, sendo suporte aos programas de melhoramento e conduzindo a estimativas precisas de valor genético de animais de elite. Além de serem, também, notavelmente importantes para o diagnóstico de anomalias hereditárias. A identificação de genes de efeito principal pode levar a aplicações úteis em várias áreas, tal como a identificação de genes relacionados ao aumento da eficiência de seleção no melhoramento animal, especialmente em características de baixa herdabilidade ou naquelas que só podem ser medidas após o abate dos indivíduos ou em apenas um sexo (Lobo & Lobo, 2007).

Um paradigma quantitativo-molecular para o melhoramento dos rebanhos é necessário e está emergindo gradualmente. Este paradigma objetiva prover uma estrutura para combinar as estabilizadas estratégias de predição de valores genéticos de desempenho individuais e de seus correlacionados, com as modernas técnicas de determinação de parentesco, identificação de alelos em genes individuais ou marcadores associados com fenótipos desejáveis (Notter et al., 2007).

De acordo com Lande & Tompson (1990), o método que integra a genética molecular com a seleção artificial é chamado de Seleção Assistida por Marcador (do inglês: *Marker Assisted Selection – MAS*). Assim, informações de marcadores moleculares ligados a loci para característica quantitativa (QTL's) podem ser usadas como informação adicional em avaliações genéticas, para aumentar a eficiência de seleção via MAS. Desta forma, segundo os autores, poderiam ser criados índices de seleção que maximizassem o ganho em características quantitativas em esquemas de seleção assistida, combinando as informações de polimorfismos em loci marcador, com dados de variação fenotípica entre indivíduos e seus parentes. Para tanto, o desenvolvimento de metodologias estatísticas para avaliação genética assistida por marcadores é essencial para a prática da MAS em um programa de melhoramento animal (Liu & Zeng, 2005).

Fernando & Grossman (1989) desenvolveram um procedimento estatístico para a MAS a partir da metodologia das equações dos modelos mistos desenvolvida por Henderson (Henderson, 1973) e apresentaram como a informação proveniente de um simples marcador ligado a um QTL pode ser usada em modelo animal para prever simultaneamente os efeitos devidos ao QTL marcado e os valores genéticos residuais.

Segundo Dodds et al. (2007), a identificação e a caracterização de QTL's por meio de marcadores ligados e seu posterior uso em programas de melhoramento genético é denominada de Seleção Assistida por Genótipo (do inglês: *Genotype Assisted Selection – GAS*).

Já o uso de informações de amplos marcadores, considerando o genoma como um todo, na estimativa de valores genéticos é conhecido como Valores Genéticos Estimados com Base em Marcadores Considerando Todo Genoma (do inglês: *Estimated Breeding Values based on Genome-Wide Markers – GEBV*; Muir, 2007).

Recentemente, alguns trabalhos têm sido publicados com dados simulados, com o intuito de verificar ou comparar os meios de integração de informações moleculares com as estimativas genéticas do valor genético do animal. Calus & Veerkamp (2007) investigaram o efeito da inclusão e da exclusão de um efeito poligênico na estimativa de valores genéticos genômicos. Dekkers (2007) analisou a resposta da seleção assistida por marcador e por genótipo usando índices de seleção teóricos. Muir (2007) comparou a acurácia de predição de GEBV e a seleção com base nestas estimativas com o tradicional procedimento de predição de valores genéticos (BLUP).

Muir (2007) verificou que a GEBV pode exceder a acurácia das estimativas de valores genéticos pelo BLUP, desde que suficiente número de gerações com dados de genótipos e fenótipos coletados seja incluído nas análises. Verificou também que a seleção rapidamente reduziu a acurácia da GEBV. Em todos os casos examinados, a seleção clássica por BLUP superou o que era possível para a seleção por GEBV. Mesmo assim, GEBV poderia ter uma vantagem sobre BLUP em casos como características limitadas ao sexo, de mensurações onerosas ou somente mensuradas em parentes do indivíduo. O autor sugeriu que uma aproximação combinada, utilizando modelos mistos com um segundo efeito aleatório para o QTL em equilíbrio de ligação (efeito poligênico), poderia capitalizar ambas as metodologias.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Informações da Propriedade

O banco de dados fenotípicos analisado compunha de informações de 12 anos (1996-2007), provenientes da propriedade Gaasa Agropecuária Ltda., associada do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC) da Embrapa Caprinos. A propriedade é localizada no Município de Inhumas-Goiás (Altitude de 770 m, Latitude 16° 21' 28'' S e Longitude 49° 29' 45'' W, e clima Tropical Semi-Úmido Quente).

Os animais recebiam os tratamentos sanitários padrão, com vacina Poli_Star nas crias aos 50 e 80 dias de idade; o rebanho geral era vacinado anualmente no mês de maio. Recebiam tratamento contra eimeriose duas vezes ao ano (março e outubro). Eram utilizados os métodos de acompanhamento de ovos por grama de fezes (OPG) e Famacha no controle de verminoses. No período das chuvas era utilizado pedilúvio nas instalações (50g de sulfato de cobre e 60ml de formol a 40% por litro de água).

Crias e borregas recebiam suplementação alimentar com ração com 21% de proteína bruta (PB). Matrizes, reprodutores e animais em confinamento recebiam suplementação de uma ração com 15% de PB. Além da ração, as crias recebiam silagem e os demais animais recebiam, além da silagem, pastagem de Tifton 85. Os animais eram soltos durante o dia e recolhidos durante a noite. Matrizes amamentando somente eram soltas a partir do 10º dia de parição. O sistema de amamentação era controlado: pela manhã as crias eram postas com as mães, mamavam até às 8h e depois eram separadas no pasto, sendo recolhidas para mamarem entre 12 e 14h, retornavam para o pasto, sendo recolhidas então às 18h. O desmame normalmente era feito por volta de 50 dias.

O procedimento para estações de monta era o seguinte: matrizes que desmamavam suas crias, e borregas aptas à cobertura, permaneciam em estação de monta por um mês; matrizes que não entravam em cio tinham seu histórico analisado e, se constatado ciclos irregulares, eram descartadas. Durante a noite, as matrizes eram mantidas com um

grupo de rufiões; pela manhã um funcionário colocava outro grupo de rufiões (descansados) que ficava separado a noite. Matrizes identificadas em cio eram separadas do lote para serem mensuradas quanto ao peso e escore-corporal. Após isto eram cobertas; quando cobertas pela manhã recebiam também outra cobertura à tarde e vice-verso. Após as montas iam para o centro de manejo; após 30 dias de cobertura recebiam um repasse com um grupo de rufiões para verificar se existiam ovelhas que falharam para serem cobertas novamente. Neste centro de manejo, com pastagem cultivada de Tifton 85, ficavam até o terço final da gestação. Após este período eram encaminhadas ao “berçário”, recebendo uma suplementação. Após o nascimento, a cria ficava com a mãe por 1 a 3 dias, sendo transferida depois para as maternidades, onde ficavam até a desmama.

3.2. Estudo genético molecular

Para obtenção de DNA, foram coletadas amostras de sangue de 560 animais, selecionados a partir do rebanho total. O sangue foi coletado com anticoagulante e o DNA extraído utilizando o protocolo “Salting Out”. A extração de DNA e a padronização das reações utilizadas foram realizadas no Laboratório de Genética do Núcleo de Biotecnologia de Sobral-CE (NUBIS). Após a extração, o DNA genômico foi quantificado por comparação da intensidade das bandas com marcador de peso molecular (DNA de *Fago Lambda*), utilizando eletroforese em gel de agarose 1%. Desta forma, foi criado um banco de DNA para o GENECOC, que ficará disponível para posteriores investigações.

3.2.1. Detecção de polimorfismo em genes candidatos por PCR-RFLP

3.2.1.1. Detecção de polimorfismo no gene GDF9

Para verificar a presença de polimorfismo no gene GDF9, foram utilizados oligonucleotídeos iniciadores (‘primers’) descritos por Castro et al. (2006), que sugeriram PCR-RFLP para genotipagem de animais para a presença de SNP’s neste gene. A reação de PCR foi usada para amplificar os fragmentos correspondente ao exon 2 do gene GDF9, no qual foi identificado uma mutação, situada no 27º códon do peptídeo maduro (SNP 1034) que

leva à alteração do aminoácido fenilalanina para cisteína (Castro et al., 2006). A reação de PCR foi realizada em termociclador (Eppendorf®), usando uma reação que continha volume final de 25 µl; cada reação era composta de 5pmoles de cada iniciador (primer), 1,5 U de Taq DNA polimerase (Phoneutria), 100 µM de cada dNTP, 2,0 mM de MgCl₂, tampão 1X e 25, 50 ou 100 ng de DNA genômico, dependendo da amostra. O programa de amplificação consistia de desnaturação inicial a 93°C por 3 min, seguido de 40 ciclos de desnaturação a 93°C por 40 segundos, anelamento a 56°C por 40 segundos e extensão a 72°C por 1 min, seguido de extensão final a 72°C por 5 min. O produto amplificado foi visualizado, após eletroforese em gel de agarose 1,5% corado com brometo de etídeo, em luz UV. Em cada gel, foram usados 10 µl de marcador de peso molecular (Ladder 100 pb) para estimar o tamanho do amplificado.

Subseqüentemente, após confirmação da obtenção do amplicon, o produto de PCR contendo o polimorfismo foi submetido à digestão com enzima de restrição, em termociclador (Eppendorf®), seguindo sugestão da reação de Castro et al., (2006), onde uma alíquota de 2 µl do produto da PCR era submetida à digestão overnight em 15 µl de enzima (*TspRI* - *Biolabs*). A temperatura de digestão foi de 65°C, seguido de inativação de 80°C por 15 minutos. O produto da digestão foi visualizado em eletroforese em gel de agarose 2,5% e corado com brometo de etídeo.

3.2.1.2. Detecção de polimorfismo no gene da Calpastatina

Foi utilizada a técnica de PCR-RFLP para verificar a presença de polimorfismo no gene da calpastatina. Para amplificação da região do gene, foram usados oligonucleotídeos iniciadores obtidos de Palmer et al. (1998), que amplificaram uma porção das regiões do éxon e do intron do primeiro domínio repetitivo do gene da calpastatina. Os iniciadores 5'-TGGGGCACCATGACGCCATCGATG -3' (éxon 1C); 5'-GGTGGAGCAGCACTTCTGATCACC - 3' (éxon 1D) amplificam um fragmento de 622 pares de bases (GenBank: L14450) que contém o polimorfismo. Digestão com endonucleases de restrição *MspI* e *NcoI* diferenciam os alelos *M* e *N*. Hediger et al. (1991) e Crawford et al. (1995) sugeriram que o gene da calpastatina estaria localizado no cromossomo 5 em ovinos.

A reação de amplificação por PCR foi realizada em termociclador (Eppendorf®), usando uma reação que continha volume final de 25 µl; cada reação era

composta de 5pmoles de cada iniciador (primer), 1,5 U de Taq DNA polimerase (Phoeutria), 100 uM de cada dNTP, 1,5 mM de MgCl₂, tampão 1X e 25, 50 ou 100 ng de DNA genômico dependendo da amostra. O programa de amplificação consistia de desnaturação inicial a 95°C por 3 min, seguido de 40 ciclos de desnaturação a 95°C por 1 min, anelamento a 62°C por 1 min e extensão a 72°C por 2 min, seguido de extensão final a 72°C por 10 min. O produto amplificado foi visualizado, após eletroforese em gel de agarose 1,5% corado com brometo de etídeo, em luz UV. Em cada gel, foram usados 10 ul de marcador de peso molecular (Ladder 100 pb) para estimar o tamanho do amplificado.

Subseqüentemente, após confirmação da obtenção do amplicon, o produto de PCR contendo o polimorfismo foi submetido à digestão com enzima de restrição, em termociclador (Eppendorf®), seguindo descrição da reação de Palmer et al., 1998, onde uma alíquota do produto da PCR era submetida à digestão em um volume final de 20 ul com 10 U de enzima (*MspI*; *NcoI* – *Biolabs*). O produto da digestão foi visualizado em eletroforese em gel de agarose 1,5% e corado com brometo de etídeo.

3.2.1.3. Detecção de polimorfismo no gene *CYP19*

Para verificar a presença de polimorfismo no gene da aromatase, foi utilizada a técnica de PCR-RFLP. As reações foram realizadas nos laboratórios de Biotecnologia da Embrapa Caprinos – Sobral – CE. Para amplificação da região do gene, foram utilizados oligonucleotídeos iniciadores obtidos de Vanselow et al. (1999a), de acordo com a seqüência depositada no *GenBank* (AJ012153): primer 1 - 5'- CCA GCT ACT TTC TGG GAA TT- 3'; primer 2 - 5'- AAT AAG GGT TTC CTC TCC ACA- 3'. Os primers amplificaram um fragmento de 140 pares de bases que contém um polimorfismo *CYP19*, em que ocorre transição silenciosa C/T no éxon 3 e está localizado nas bandas q24-q31 do cromossomo 7 de ovinos. Este polimorfismo está situado dentro do sítio de restrição da enzima *Bsp143I* (*isoquômero DpnII*).

A reação de amplificação por PCR foi realizada em termociclador (Eppendorf®), usando uma reação que continha volume final de 25 ul; cada reação continha 5pmoles de cada iniciador (primer), 1,5 U de Taq DNA polimerase (Phoeutria), 100 uM de cada dNTP, 2,5 mM de MgCl₂, tampão 1X e 25, 50 ou 100 ng de DNA genômico, dependendo da amostra. O programa de amplificação consistia de desnaturação inicial a 94°C por 2 min, seguido de 35

ciclos de desnaturação a 94°C por 15 segundos, anelamento a 55°C por 30 segundos e extensão a 70°C por 2 min, seguido de extensão final a 70°C por 5 min. O produto amplificado foi visualizado, após eletroforese em gel de agarose 4% corado com brometo de etídeo, em luz UV. Em cada gel, foram usados 10 ul de marcador de peso molecular (Ladder 100 pb) para estimar o tamanho do amplificado.

Subseqüentemente, após confirmação da obtenção do amplicon, o produto de PCR contendo o polimorfismo foi submetido à digestão com enzima de restrição, em termociclador (Eppendorf®). A reação continha 10 ul de produto de PCR, 5 U da endonuclease de restrição *DpnII* (Biolabs®), 2,0 ul de tampão e 7,5 ul de água Mili-Q, em um volume final de 20 ul. A reação foi incubada por 14 horas a 37°C, seguida de inativação de 65°C por 20 minutos. O produto da digestão foi submetido à eletroforese em gel de agarose de 4,0% corado com brometo de etídeo e visualizado em luz UV. Em seguida, procedeu-se a genotipagem de 160 indivíduos.

3.3. Estudo genético quantitativo

3.3.1. Características de crescimento

3.3.1.1. Descrição dos dados

As características de crescimento analisadas foram peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao abate (PA), peso a um ano de idade (P1), ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d), ganho de peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat) e ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano). Na Tabela 4 estão apresentados o número de dados originais e o número de informações após as restrições de consistência dos dados. Foram excluídas informações de peso ao desmame de indivíduos que possuíam idade superior a 30 dias e peso inferior a 5 kg. Excluíram-se informações de peso ao abate de indivíduos com idade ao abate maior que 365 dias. A propriedade abate animais em idade jovem, desta forma, animais abatidos acima de 365 dias são casos de descarte, não considerados neste estudo. Foram considerados como P1, informações de pesagem entre 330 e 395 dias. Excluíram-se informações para P1 de indivíduos com peso inferior a 20 kg. A idade média de desmame e abate dos animais na propriedade foram $54,94 \pm 12,60$ dias e $132,06 \pm 47,43$ dias, respectivamente.

Tabela 4. Número de observações no arquivo original (N) e após as restrições (Nr) realizadas para as características de crescimento avaliadas

Característica	N	Nr
Peso ao nascimento	13429	13428
Peso ao desmame	10393	10385
Peso ao abate	993	990
Peso a um ano de idade	1714	1433
Ganho de peso do nascimento ao desmame	10393	10342
Ganho de peso do desmame ao abate	993	875
Ganho de peso do desmame a um ano de idade	1714	1334

Devido ao montante de raças (Texel, Santa Inês, Somalis Brasileira, Hampshire Down, Ile de France, Poll Dorset, Lacaune, Dorper, Suffolk, Morada Nova, White Dorper, Primera e East Friesian) e seus cruzamentos utilizados na propriedade, os animais mestiços foram agrupados como $\frac{1}{2}$ ou $\frac{3}{4}$ para a composição paterna, independentemente da composição genética materna, conforme visualizado na Tabela 5.

Tabela 5. Número de animais para as características de crescimento estudadas

Grupos genéticos pós-agrupamento	N
$\frac{1}{2}$ Dorper ¹	3016
$\frac{1}{2}$ Hampshire Down ¹	403
$\frac{1}{2}$ Ile de France ¹	508
$\frac{1}{2}$ Poll Dorset ¹	2382
$\frac{1}{2}$ Primera ¹	252
$\frac{1}{2}$ Santa Inês ¹	873
$\frac{1}{2}$ Somalis Brasileira ¹	150
$\frac{1}{2}$ Suffolk ¹	226
$\frac{1}{2}$ Texel ¹	459
$\frac{3}{4}$ Dorper ^{2,3}	953
$\frac{3}{4}$ Poll Dorset ²	693
$\frac{3}{4}$ Santa Inês ²	1251
East Friesian ⁴	34
Poll Dorset ⁴	525
Santa Inês ⁴	14426
Somalis Brasileira ⁴	378

¹ Foram considerados $\frac{1}{2}$ sangue, todos os indivíduos que possuíam $\frac{1}{2}$, $\frac{11}{16}$, $\frac{17}{32}$, $\frac{9}{16}$ ou $\frac{5}{8}$ de composição genética proveniente da raça paterna, independentemente da composição genética da mãe.

² Foram considerados $\frac{3}{4}$, todos os indivíduos que possuíam $\frac{3}{4}$ ou $\frac{25}{32}$ de composição genética proveniente da raça paterna, independentemente da composição genética da mãe.

³ Agruparam-se nesta classe, também, os indivíduos $\frac{7}{8}$ e puros das linhagens Dorper e White Dorper, devido o pequeno número de observações destas categorias.

⁴ Foram considerados puros, todos os indivíduos puros e aqueles que possuíam $\frac{13}{16}$, $\frac{7}{8}$ ou $\frac{29}{32}$ de composição genética proveniente da raça paterna, independentemente da composição genética da mãe.

3.3.1.2. Determinação dos modelos fixos

Para análise das características de crescimento, foi utilizado o procedimento MIXED do programa SAS (SAS Institute Inc., 1996) para definição dos modelos fixos. Para cada característica, foram avaliados vários modelos lineares, com a inclusão de efeitos agrupados em grupos de contemporâneos ou analisando todos os efeitos individualmente. Os critérios utilizados para a escolha do modelo fixo que melhor ajustava os dados foram o Logaritmo da Função de Máxima Verossimilhança Restrita, o Critério de Informação de Akaike e o Critério de Informação Baesiano de Schwarz.

O grupo de contemporâneos (GC) foi composto de animais nascidos na mesma estação e ano, do mesmo sexo, mesmo grupo genético (Tabela 5) e mesmo tipo de nascimento (simples, duplo ou triplo). Foram mantidos na análise apenas os grupos de contemporâneos com mais de três informações. As estações de nascimento foram formadas da seguinte maneira: estação 1 - animais nascidos nos meses de Janeiro, Fevereiro e Março; estação 2 - animais nascidos nos meses de Abril, Maio e Junho; estação 3 - Julho, Agosto e Setembro; e, estação 4 - Outubro, Novembro e Dezembro.

De acordo os critérios avaliados, os seguintes efeitos fixos foram incluídos nos modelos de análise, para cada característica:

PN – grupo de contemporâneo e classe de idade da mãe ao parto;

PD e Gn_d - grupo de contemporâneo, classe de idade da mãe ao parto e a covariável idade do animal ao desmame, em dias;

PA e Gdes_abat - grupo de contemporâneo e a covariável idade do animal ao abate, em dias;

P1 e Gdes_ano - grupo de contemporâneo e a covariável idade do animal no dia da pesagem, em dias.

3.3.1.3. Análises dos efeitos de genótipo

Para verificar a influência do genótipo (CYP19) do animal sobre as características avaliadas no próprio indivíduo genotipado ou mensuradas em suas crias, foram realizadas análises estatísticas pelo método dos quadrados mínimos, por meio do procedimento GLM do SAS (SAS Institute Inc., 1996). A partir dos modelos fixos definidos anteriormente, modelos de análises com a inclusão do genótipo foram avaliados:

Características mensuradas no próprio indivíduo genotipado

PN

$$y_{ijkl} = \mu + gc_i + i_j + g_k + e_{ijkl}$$

PD e Gn_d

$$y_{ijkl} = \mu + gc_i + i_j + b(x_{ijkl} - x) + rg_k + e_{ijkl}$$

P1 e Gdes_ano

$$y_{ijkl} = \mu + gc_i + t(z_{ijkl} - z) + rg_k + e_{ijkl}$$

Em que, μ é a média da característica no indivíduo, gc o efeito fixo de grupo de contemporâneo, i_j o efeito fixo da classe de idade da mãe ao parto, g_k o efeito fixo do genótipo do animal para *CYP19*, rg_k o efeito fixo da interação do grupo genético do animal com o genótipo do animal para *CYP19*, b o coeficiente de regressão linear da idade do animal à desmama, x_{ijkl} a idade do animal à desmama, x a média de idade à desmama, t o coeficiente de regressão linear da idade na pesagem de um ano, z_{ijkl} a idade do animal ao ano, z a média de idade na pesagem de um ano e e o erro aleatório, normal, independentemente distribuído com média zero e variância 1.

As características PA e Gdes_abat não foram analisadas, pois não houve registros destas informações para os animais genotipados.

Características mensuradas nas crias das matrizes genotipadas

PN

$$y_{ijklm} = \mu + gc_i + i_j + r_k + rg_l + e_{ijklm}$$

PD e Gn_d

$$y_{ikl} = \mu + gc_i + b(x_{ikl} - x) + r_k + rg_l + e_{ikl}$$

PA e Gdes_abat

$$y_{ijl} = \mu + gc_i + c(u_{ijl} - u) + g_j + e_{ijk}$$

P1 e Gdes_ano

$$y_{ijk} = \mu + gc_i + t(z_{ijk} - z) + g_j + e_{ijk}$$

Em que, μ é a média da característica nas crias do indivíduo, gc o efeito fixo de grupo de contemporâneo, i_j o efeito fixo da classe de idade do indivíduo ao parto, r_k o efeito fixo do grupo genético do animal, rg_l o efeito fixo da interação do grupo genético do animal com o

genótipo do indivíduo para *CYP19*, g_j o efeito fixo do genótipo do indivíduo para *CYP19*, b o coeficiente de regressão linear da idade das crias à desmama, x_{ijkl} a idade das crias à desmama, \bar{x} a média de idade à desmama, c o coeficiente de regressão linear da idade das crias ao abate, u_{ijl} a idade das crias ao abate, \bar{u} a média de idade ao abate, t o coeficiente de regressão linear da idade das crias na pesagem de um ano, z_{ijkl} a idade das crias ao ano, \bar{z} a média de idade na pesagem de um ano e e o erro aleatório, normal, independentemente distribuído com média zero e variância 1.

3.3.1.4. Avaliações Genéticas

A matriz de parentesco foi composta de 14.635 animais. Deste montante, 77 eram reprodutores e 3.744 eram matrizes; 13.033 indivíduos possuíam pedigree completo (pais e mães conhecidos) e 1.251 constituíam o rebanho base; 340 indivíduos possuíam pai desconhecido e 11 animais possuíam mãe desconhecida.

As estimativas dos componentes de (co)variâncias, parâmetros genéticos e valores genéticos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita não Derivativa (DFREML), utilizando o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995), sob modelo animal uni ou multi-característica. Utilizou-se como critério de convergência, a variância dos valores do simplex ($-2 \log L$) inferiores a 10^{-9} . O modelo geral para uma característica, matricialmente, segue:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3pe + e;$$

em que Y é um vetor ($N \times 1$) de observações do animal; β , o vetor de efeitos fixos no modelo, associados com a matriz de incidência X ; a , o vetor dos efeitos genéticos diretos, associados com a matriz de incidência Z_1 ; m , o vetor dos efeitos genéticos maternos, associado com a matriz de incidência Z_2 ; pe , o vetor dos efeitos de ambiente materno permanentes, associado com a matriz de incidência Z_3 ; e e , o vetor de resíduos aleatórios.

Os efeitos fixos utilizados nos modelos, de acordo com a característica analisada, já foram descritos anteriormente (item 3.3.1.2.). O modelo geral apresentado foi utilizado para PN, PD e Gn_d. Os componentes referentes aos efeitos maternos (Z_2m) e aos efeitos de ambiente permanente (Z_3pe) não foram incluídos nas análises para PA, P1, Gdes_abat, Gdes_ano.

PN, PD e PA foram analisadas em conjunto, em modelo com múltiplas características. P1 foi analisado também com PN e PD. Gn_d foi analisado com Gdes_abat, em outra análise, com Gdes_ano.

Após estas análises com do banco de dados completo, foi criado um banco de dados somente com as observações dos indivíduos genotipados para o gene da aromatase. Nestas análises, foi utilizado pedigree reduzido, ou seja, somente com os indivíduos genotipados e seus parentes. Estas análises foram realizadas utilizando o mesmo modelo geral apresentado acima, diferindo apenas no conjunto de efeitos fixos. Foram realizadas análises com modelo completo, utilizando o conjunto de efeitos fixos apresentados no item 3.3.1.3., com genótipo do animal, considerando a mensuração no próprio ou em suas crias, e outras análises com um modelo reduzido, sem a presença dos efeitos relacionados com o genótipo. Para determinar se os modelos com a presença do genótipo eram melhores do que os modelos com a omissão deste efeito, foi utilizado o teste da razão de verossimilhança (RAO, 1973). A razão de verossimilhança (LR) foi estimada como L_j/L_i , em que L_j é o máximo da verossimilhança restrita para o modelo com ausência do genótipo e L_i é o máximo para o modelo com a presença do genótipo. O valor de $-2 \log LR$ foi comparado ao valor de χ^2 (qui-quadrado) tabelado, com um grau de liberdade; quando este valor foi superior ao tabelado o teste foi significativo.

3.3.2. Características reprodutivas e de habilidade materna

3.3.2.1. Descrição dos dados

As características analisadas foram idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP), período de gestação (PG), dias para o parto (DP), peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total das crias desmamadas por matriz por parto (PTCD).

Na Tabela 6 estão apresentados o número de dados originais e o número de informações após as restrições de consistência dos dados. Foram excluídas informações de animais com IP superior a 550 dias e de animais com IPP superior a 800 dias. Fêmeas com ordem de parto superior a oito foram agrupadas juntamente com os animais de ordem de parto igual a 8. Assim, foram analisadas as ordens de parto de 1 a 8.

Tabela 6. Número de observações no arquivo original (N) e após as restrições (Nr) realizadas para as características reprodutivas e de habilidade materna

Característica	N	Nr
Idade ao primeiro parto	2368	2215
Intervalo de partos	4453	4365
Período de gestação	6921	6916
Dias para o parto	1707	1707
Peso total de crias nascidas por matriz por parto	6939	6916
Peso total de crias desmamadas por matriz por parto	5560	5500

Foram realizados agrupamentos de animais por grupo genético, semelhantemente ao que foi realizado para o banco de dados das características de crescimento. Os grupos genéticos considerados nas análises podem ser vistos na Tabela 7.

Tabela 7. Grupos genéticos analisados para as características de reprodução e de habilidade materna

Grupos genéticos pós-agrupamento	N
½ Dorper ¹	540
½ Hampshire Down ¹	97
½ Ile de France ¹	178
½ Poll Dorset ¹	802
½ Santa Inês ¹	158
½ Somalis Brasileira ¹	59
½ Sulfok ¹	132
½ Texel ¹	238
¾ Dorper ^{2,3}	8
¾ Poll Dorset ²	67
¾ Santa Inês ²	127
East Friesian ⁴	18
Poll Dorset ⁴	132
Santa Inês ⁴	4103
Somalis Brasileira ⁴	275

¹ Foram considerados ½ sangue, todos os indivíduos que possuíam ½, 11/16, 17/32, 9/16 ou 5/8 de composição genética proveniente da raça paterna, independentemente da composição genética da mãe.

² Foram considerados ¾, todos os indivíduos que possuíam ¾ ou 25/32 de composição genética proveniente da raça paterna, independentemente da composição genética da mãe.

³ Agruparam-se nesta classe, também, os indivíduos 7/8 e puros das linhagens Dorper e White Dorper, devido o pequeno número de observações destas categorias.

⁴ Foram considerados puros, todos os indivíduos puros e aqueles que possuíam 13/16, 7/8 ou 29/32 de composição genética proveniente da raça paterna, independentemente da composição genética da mãe.

3.3.2.2. *Determinação dos modelos fixos*

Para análise das características reprodutivas e de habilidade materna, foi utilizado o procedimento MIXED do programa SAS (SAS Institute Inc., 1996) para definição dos modelos fixos. Para cada característica foram avaliados vários modelos lineares, com a inclusão de efeitos agrupados em grupos de contemporâneos ou analisando todos os efeitos individualmente. Os critérios utilizados para a escolha do modelo fixo que melhor ajustava os dados foram o Logaritmo da Função de Máxima Verossimilhança Restrita, o Critério de Informação de Akaike e o Critério de Informação Baesiano de Schwarz.

Foram formados dois grupos de contemporâneos, GC e GC1. O primeiro para ser utilizado nas análises para a característica IPP e o segundo para as demais características. O GC foi composto de animais nascidos na mesma estação e ano, do mesmo grupo genético (Tabela 7), do mesmo tipo de nascimento (simples, duplo ou triplo) e paridas com o mesmo tipo de nascimento (1 - uma cria macho, 2 - uma cria fêmea, 3 - duas crias machos, 4 - duas crias fêmeas, 5 - uma cria macho e outra fêmea ou 6 - mais de duas crias, independente do sexo). As estações de nascimento foram formadas semelhante ao apresentado para as características de crescimento (item 3.3.1.2.). O GC1 foi composto de animais do mesmo grupo genético, paridos na mesma estação e ano de parto, com o mesmo tipo de nascimento (1 a 6, como apresentado acima) e de mesma ordem de parto. As estações de parição foram formadas da mesma forma que as estações de nascimento citadas. Foram mantidos na análise, apenas os grupos de contemporâneos com mais de três informações.

De acordo os critérios avaliados, o modelo fixo que melhor ajustava IPP continha apenas GC, e os modelos que melhor ajustavam as demais características continham apenas GC1

3.3.2.3. *Análises dos efeitos de genótipo*

Para verificar a influência do genótipo (CYP19) do indivíduo (fêmeas) sobre o seu desempenho para as características estudadas, foram realizadas análises estatísticas pelo método dos quadrados mínimos, por meio do procedimento GLM do SAS (SAS Institute Inc., 1996). A partir dos modelos fixos definidos anteriormente, modelos de análises com a inclusão deste genótipo foram avaliados:

IPP

$$y_{ijkl} = \mu + gc_i + r_j + g_k + rg_{jk} + e_{ijkl}$$

IP, DP e PTCN

$$y_{ikl} = \mu + gc1_i + g_k + e_{ikl}$$

PG e PTCD

$$y_{ijkl} = \mu + gc1_i + r_j + g_k + rg_{jk} + e_{ijkl}$$

Em que, μ é a média da característica no indivíduo, gc o efeito fixo de grupo de contemporâneo para IPP (GC), r o efeito fixo do grupo genético, g o efeito fixo do genótipo do animal para *CYP19*, rg o efeito fixo da interação do grupo genético do animal com o genótipo do animal para *CYP19*, $gc1$ o efeito fixo de grupo de contemporâneo para as demais características (GC1) e e o erro aleatório, normal, independentemente distribuído com média zero e variância 1.

3.3.2.4. Avaliações genéticas

A matriz de parentesco foi a mesma apresentada para as características de crescimento (item 3.3.1.4).

As estimativas dos componentes de (co) variâncias, parâmetros genéticos e valores genéticos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita não Derivativa (DFREML), utilizando o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995), sob modelo animal uni ou multi-característica. Utilizou-se como critério de convergência, a variância dos valores do simplex ($-2 \log L$) inferiores a 10^{-9} . O modelo geral para uma característica, matricialmente, segue:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2pe + e;$$

em que Y é um vetor ($N \times 1$) de observações do animal; β , o vetor de efeitos fixos no modelo, associados com a matriz de incidência X ; a , o vetor dos efeitos genéticos diretos, associados com a matriz de incidência Z_1 ; pe , o vetor dos efeitos de ambiente permanente do animal, associado com a matriz de incidência Z_2 ; e e , o vetor de resíduos aleatórios.

Os efeitos fixos utilizados nos modelos, de acordo com a característica analisada, já foram descritos anteriormente (item 3.3.2.2.). O modelo geral apresentado foi utilizado para IP, PG, DP, PTCN e PTCD, que são características que se repetem nos indivíduos. O componente referente aos efeitos de ambiente permanente do animal (Z_{2pe}) não foi incluído na análise para IPP.

IPP, IP e PG foram analisadas em conjunto, em modelo com múltiplas características. Da mesma forma, PTCN e PTCD foram analisadas juntas. DP foi analisada isoladamente em modelo uni-característica. A escolha desta análise deve-se ao menor número de observações para DP, em função do reduzido registro das estações de monta na propriedade, que poderia comprometer as análises para as demais características.

Semelhante ao relatado para as características de crescimento, foram realizadas análises com e sem o genótipo do animal no modelo, para avaliar sua importância para as análises das características, utilizando o teste da razão de verossimilhança (RAO, 1973).

3.3.3. Avaliação do efeito do genótipo sobre os valores genéticos estimados

Uma vez estimados os valores genéticos para todas as características, utilizando toda a informação disponível e sem considerar o efeito do genótipo no modelo, de acordo com as análises gerais descritas nos itens 3.3.1.4 e 3.3.2.4., foi verificada a influência do genótipo da aromatase sobre estes valores genéticos estimados. Para isto, os valores genéticos diretos estimados para todas as características e os valores genéticos maternos estimados para PN, PD e Gn_d foram submetidos a uma análise de variância com o efeito do genótipo do animal como fonte de variação. Isto tanto foi feito considerando a característica mensurada no próprio indivíduo genotipado quanto considerando a característica mensurada nas crias das matrizes genotipadas.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. GDF9

Não foi possível genotipar os animais por PCR-RFLP para este gene, devido a ocorrência de digestões parciais e com isso dificuldade em padronizar as reações. Os padrões da digestão do fragmento amplificado, correspondente ao gene GDF9 que contém 420pb, apresentados por Castro et al. (2006), não foram possíveis de serem obtidos neste estudo.

4.2. Calpastatina

Semelhantemente ao GDF9, não foi possível genotipar os animais por PCR-RFLP para o gene da calpastatina, devido a dificuldade de padronizar a reação de digestão. Além da reação descrita por Palmer et al. (1998), foram testadas outras condições, entretanto, não foi possível obter bons resultados para genotipar os animais. Estes autores revelaram a presença de dois alelos, M e N, que diferem por haver um sítio de restrição presente em um alelo, mas não no outro. A enzima MspI digere o alelo M, mas não digere o alelo N; NcoI tem efeito contrário. A digestão do alelo M com MspI produz dois fragmentos, um de 336 e outro de 286 pares de bases. A digestão do alelo N com NcoI produz dois fragmentos, sendo um de 374 e outro de 248 pares de bases.

4.3. Frequência dos alelos para *CYP19*

De 160 indivíduos analisados, em apenas 133 foi possível atribuir genótipo, havendo dificuldades em visualizar as bandas no gel de agarose para os demais. Assim, a digestão do produto de PCR e a posterior eletroforese de 133 animais, revelaram apenas dois genótipos, AB e BB, para o polimorfismo *CYP19*. Destes 133 animais, 13 eram reprodutores

e 120 eram fêmeas (23 destas fêmeas eram filhas dos reprodutores genotipados e 11 delas possuíam 12 filhas genotipadas). O genótipo AB apresentou 3 fragmentos, de 140, 82 e 58 pb, enquanto que o genótipo BB apresentou um único fragmento de 140 pb. Na Figura 2 pode ser visualizada uma amostra de 13 animais genotipados. Nesta amostra, não foi possível identificar indivíduos AA, como observado por Vanselow et al. (1999a) em animais puros de raças de ovinos da Europa. Estes autores identificaram 3 genótipos, com frequência de 0,74 para o alelo A e 0,26 para o alelo B, em animais Hungarian Merino, e fixação do alelo A em animais da raça Lacaune.

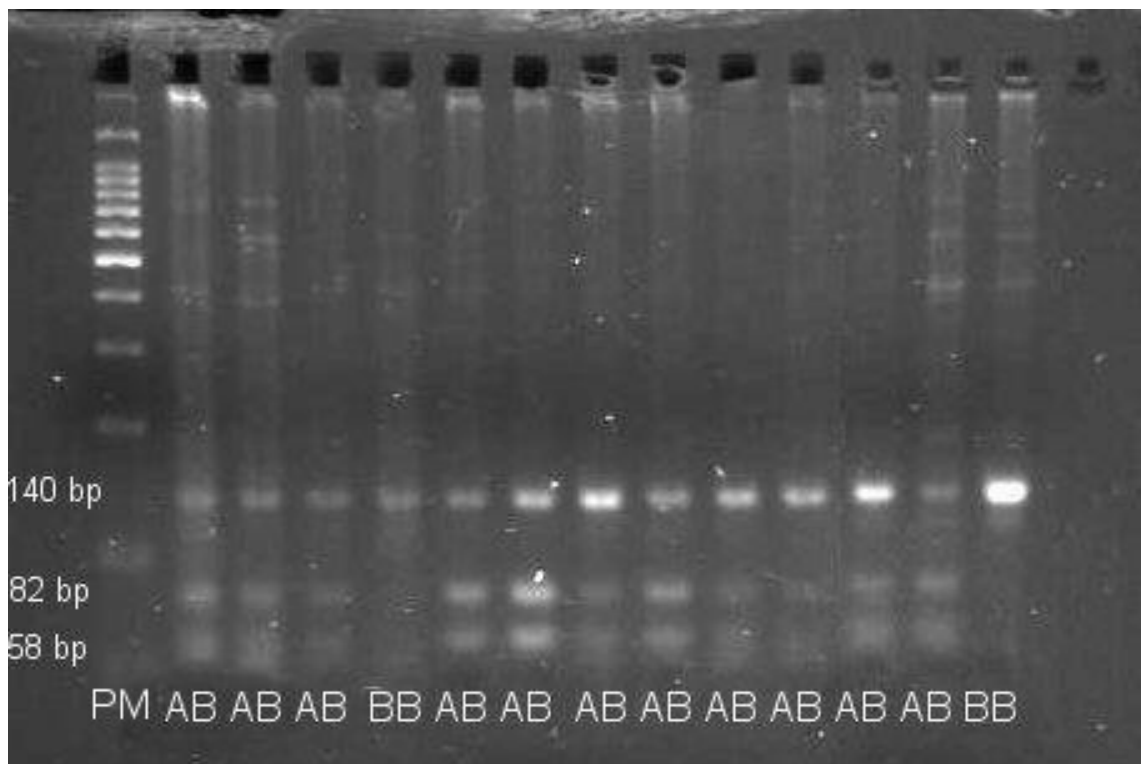


Figura 2. Análise de polimorfismo RFLP do gene da aromatase (*Cyp19*) em ovinos. Produtos de PCR não digeridos têm um comprimento de 140 pb (alelo B) e, no caso do alelo A, são quebrados em dois fragmentos de 82 pb e 58 pb. PM = Peso Molecular 100pb Ladder (Promega). AB e BB genótipos observados

Neste estudo as frequências para os genótipos AB e BB foram 0,65 e 0,35, respectivamente. Na Tabela 8 são apresentadas as frequências para os alelos A e B de acordo com os grupos genéticos analisados.

Tabela 8. Freqüência alélica para os grupos genéticos estudados

Grupo genético	Número de animais	Freqüência do alelo A	Freqüência do alelo B
½ Dorper ¹	18	0,194	0,806
½ Hampshire Down ¹	1	0,500	0,500
½ Poll Dorset ¹	6	0,250	0,750
½ Primera ¹	1	0,500	0,500
½ Santa Inês ¹	4	0,125	0,875
½ Texel ¹	3	0,330	0,670
Dorper ²	5	0,500	0,500
Ile De France	1	0,500	0,500
Poll Dorset	9	0,390	0,610
Primera	1	0,500	0,500
Santa Inês	71	0,400	0,600
Somalis Brasileira	13	0,000	1,000

¹ Foram considerados ½ sangue, todos os indivíduos que possuíam ½ de composição genética proveniente da raça paterna, independentemente da composição genética da mãe.

² Foram agrupados nesta categoria os animais puros e os ¾ de Dorper de origem paterna, independente da raça da mãe

4.4. Análises dos efeitos do gene da aromatase sobre as características estudadas

4.4.1. Análise do efeito do genótipo do indivíduo sobre o seu desempenho para as características de crescimento

No Anexo 1 são apresentados os resumos das análises de variância para as características de crescimento (PN, PD e P1), verificando o efeito do genótipo do indivíduo ou da interação genótipo*grupo genético sobre o seu desempenho. O genótipo do animal não influenciou seu PN, demonstrando que as diferenças genéticas, na amostra estudada, não promoveram diferenças nesta característica. As médias para PN foram $4,07 \pm 0,13$ kg (n=65) e $3,93 \pm 0,16$ kg (n=35), para o genótipo AB e BB, respectivamente. A interação do genótipo do animal com o grupo genético não foi significativa para PD ($P > 0,05$) pelo teste F (Anexo 1), entretanto, analisando estas médias pelo teste t (Tabela 9), verificaram-se diferenças significativas. Esta interação foi significativa para P1 ($P < 0,05$), com diferenças entre os grupos genéticos analisados.

Na Tabela 9 são apresentadas médias ajustadas pelos quadrados mínimos para PD, de acordo com o grupo genético e o genótipo do animal para a aromatase. Não houve diferença ($P > 0,05$) entre os genótipos para os grupos genéticos ½ Dorper, ½ Poll Dorset e Santa Inês. Por outro lado, para o grupo genético ½ Santa Inês, a média do genótipo BB foi

superior ($P < 0,05$) a do genótipo AB. Esta diferença provavelmente ocorreu em função do pequeno número de observações para esta classe de grupo genético.

De uma forma geral, verificaram-se diferenças entre as raças dentro de cada genótipo para PD (Tabela 9), demonstrando que os efeitos do genótipo não são os mesmos entre as raças. Isto possivelmente ocorre pela história de formação de cada raça e as possíveis interações entre os genes que a compõem. Houve diferença estatística ($P < 0,05$) entre os grupos genéticos $\frac{1}{2}$ Dorper e $\frac{1}{2}$ Santa Inês para o genótipo BB, enquanto que para o genótipo AB as médias destes grupos foram semelhantes. A média do grupo genético $\frac{1}{2}$ Hampshire Down para o alelo AB foi semelhante àquelas observadas para $\frac{3}{4}$ Santa Inês e Poll Dorset, e superior às médias para os demais grupos analisados.

Tabela 9. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso ao desmame (PD) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo	
	AB	BB
$\frac{1}{2}$ Dorper	16,06 \pm 1,40 a BCD (7)	15,18 \pm 1,27 a B (11)
$\frac{1}{2}$ Hampshire Down	23,32 \pm 2,55 A (1)	
$\frac{1}{2}$ Poll Dorset	15,15 \pm 2,19 a BCD (2)	16,84 \pm 2,53 a AB (2)
$\frac{1}{2}$ Primera	12,98 \pm 2,60 CD (1)	
$\frac{1}{2}$ Santa Inês	9,63 \pm 3,16 b D (1)	20,81 \pm 1,89 a A (2)
$\frac{3}{4}$ Dorper	16,71 \pm 1,58 BCD (3)	
$\frac{3}{4}$ Poll Dorset		18,45 \pm 2,07 AB (2)
$\frac{3}{4}$ Santa Inês	19,38 \pm 2,73 ABC (1)	
Poll Dorset	21,60 \pm 2,18 AB (2)	
Santa Inês	14,95 \pm 0,58 a CD (43)	14,28 \pm 1,14 a B (11)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Número de observações entre parênteses

Na Tabela 10 são apresentadas médias dos quadrados mínimos para P1, de acordo com o grupo genético e o genótipo do animal para a aromatase. Percebe-se que a média do genótipo AB foi superior ($P < 0,05$) a do genótipo BB para o grupo $\frac{1}{2}$ Dorper. Para os demais grupos, não houve diferença ($P > 0,05$) entre genótipos para esta característica. A raça Dorper é uma raça sintética, de formação relativamente recente, a partir do cruzamento de animais Dorset com animais BlackHead Persian. Animais mestiços normalmente apresentam vigor híbrido, resultante da heterozigose e complementariedade de raças. Isto poderia justificar a

superioridade dos animais $\frac{1}{2}$ Dorper com o genótipo heterozigoto AB em relação ao genótipo BB. Semelhante ao observado para PD, também existem diferenças entre raças dentro do genótipo. Com relação ao genótipo AB, o grupo genético $\frac{1}{2}$ Dorper foi superior aos demais grupos, que são semelhantes entre si. Já para o genótipo BB, os grupos genéticos $\frac{1}{2}$ Dorper, $\frac{1}{2}$ Poll Dorset, $\frac{1}{2}$ Santa Inês e Santa Inês foram semelhantes entre si e superiores ao grupo genético Somalis Brasileira.

Tabela 10. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso a um ano de idade (P1) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo	
	AB	BB
$\frac{1}{2}$ Dorper	59,71 \pm 3,47 a A (2)	38,65 \pm 3,09 b A (3)
$\frac{1}{2}$ Poll Dorset	36,06 \pm 3,96 a B (2)	48,45 \pm 4,35 a A (2)
$\frac{1}{2}$ Santa Inês		39,73 \pm 4,08 A (1)
$\frac{1}{2}$ Texel	32,86 \pm 4,06 B (1)	
Santa Inês	37,05 \pm 1,27 a B (16)	42,78 \pm 2,92 a A (5)
Somalis Brasileira		26,29 \pm 2,91 B (2)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Número de observações entre parênteses

No Anexo 2 são apresentados os resumos das análises de variância para os ganhos em peso médios diários do nascimento ao desmame (Gn_d) e do desmame a um ano de idade (Gdes_ano), verificando o efeito do genótipo do indivíduo interagindo com o grupo genético dos animais. Como a interação genótipo*grupo genético foi significativa ($P < 0,05$) para Gdes_ano e ($P < 0,01$) para Gn_d, concluiu-se que o genótipo possui efeito sobre estas características, sendo que este efeito ocorre de forma diferente entre os grupos genéticos estudados.

A média do genótipo BB para Gn_d foi superior àquela para o genótipo AB para o grupo genético $\frac{1}{2}$ Santa Inês (Tabela 11), semelhante ao observado para a característica PD. Como já comentado para PD, provavelmente isto se deveu ao pequeno número de observações dentro das subclasses. Ressalta-se que para a estimativa de Gn_d é considerado o

peso ao desmame. Para os demais grupos analisados não houve diferença entre as médias dos genótipos AB e BB.

Tabela 11. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (g) para a característica ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo (Gn_d)	
	AB	BB
½ Hampshire Down	309,75 ± 39,81 A (1)	
Poll Dorset	277,95 ± 33,99 A (2)	
¾ Santa Inês	267,58 ± 42,53 AB (1)	
¾ Dorper	225,84 ± 24,59 ABC (3)	
½ Dorper	224,98 ± 21,77 a ABC (7)	208,84 ± 19,87 a B (11)
Santa Inês	199,60 ± 9,03 a BC (42)	186,74 ± 17,70 a B (11)
½ Poll Dorset	187,76 ± 34,20 a BC (2)	248,66 ± 39,45 a AB (2)
½ Primera	158,89 ± 40,48 BC (1)	
½ Santa Inês	116,06 ± 49,28 b C (1)	330,95 ± 29,54 a A (2)
¾ Poll Dorset		263,75 ± 32,23 AB (2)
Somalis Brasileira		97,09 ± 42,47 C (2)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t (P>0,05)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t (P>0,05)

Número de observações entre parênteses

Dentro de cada genótipo, observaram-se diferenças entre grupos genéticos (Tabela 11). No que diz respeito ao genótipo AB, a média de Gn_d para o grupo ¾ Santa Inês foi superior àquela do ½ Santa Inês e semelhante a do grupo Santa Inês. Já no genótipo BB, os animais Somalis Brasileira apresentaram média inferior (P<0,05) àquelas dos demais grupos.

Na Tabela 12 são apresentadas as médias ajustadas pelos quadrados mínimos para o ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano), de acordo com o grupo genético e o genótipo do animal para a aromatase. Pode ser observado que a média de Gdes_ano para o genótipo AB foi superior àquela observada para o genótipo BB para o grupo genético ½ Dorper, semelhante ao reportado e discutido para P1. Para os demais grupos genéticos, não houve diferenças entre os genótipos (P>0,05). Entretanto, dentro do genótipo AB, o grupo ½ Dorper foi superior (P<0,05) a todos os demais, não ocorrendo o mesmo

dentro do genótipo BB. Isto sugere que a heterozigose neste gene, em animais ½ Dorper, favorece o crescimento pós-desmama.

Tabela 12. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (g) para a característica ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano) mensurada nos indivíduos genotipados de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo (Gdes_ano)	
	AB	BB
½ Dorper	124,67 ± 9,30 a A (2)	70,61 ± 8,31 b A (3)
Santa Inês	73,36 ± 4,02 a B (15)	94,50 ± 11,05 a A (4)
½ Poll Dorset	72,13 ± 10,54 a B (2)	98,52 ± 11,73 a A (2)
½ Texel	64,34 ± 10,86 B (1)	
Somalis Brasileira		44,57 ± 11,07 B (1)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t (P>0,05)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t (P>0,05)

Número de observações entre parênteses

4.4.2. Análise do efeito do genótipo da mãe sobre o desempenho de suas crias para as características de crescimento

No Anexo 3 são apresentados os resumos das análises de variância para as os pesos corporais (PN, PD, PA e P1), mensurados nas crias das matrizes genotipadas, verificando o efeito do genótipo da matriz ou da interação com seu grupo genético. Percebe-se que a interação grupo genético*genótipo da mãe foi significativa (P<0,01) para as características PN e PD. Já para PA e P1, o efeito de genótipo da mãe não foi significativo (P>0,05). A capacidade da fêmea em propiciar um ambiente favorável para a expressão de caracteres na progênie é parcialmente genético e parcialmente ambiental. Caracteres tais como pesos na fase pré-desmama são influenciados por efeitos genéticos diretos, devido aos genes dos próprios indivíduos e também por efeitos genéticos maternos, de outros caracteres das mães (Resende et al., 1999). É importante considerar que o gene da aromatase está relacionado com o desenvolvimento da glândula mamária e é ativo na placenta (Vanselow et al., 1999b; 2001). Isto provavelmente justifica o efeito do genótipo da mãe sobre as características PN e PD, que são características muito dependentes da influência materna.

Contrariamente, características pós-desmame, como PA e P1, que não estão mais sob influência materna, não foram influenciadas pelo genótipo da mãe.

Verifica-se, na Tabela 13, que os animais filhos de matrizes com genótipo AB apresentaram maior média ($P < 0,05$) de PN do que aqueles filhos de matrizes BB, para os genótipos $\frac{1}{2}$ Dorper e $\frac{1}{2}$ Poll Dorset. Entretanto, o mesmo não foi verificado para os demais grupos genéticos analisados. Na mesma Tabela, diferenças entre grupos genéticos são verificadas de forma diferente dentro de cada genótipo. Por exemplo, animais $\frac{1}{2}$ Dorper diferem daqueles $\frac{3}{4}$ Dorper para o genótipo BB ($P < 0,05$), mas o mesmo não ocorre para o genótipo AB.

Tabela 13. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso ao nascimento (PN) mensurada nas crias das matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo Mãe (PN)	
	AB	BB
$\frac{1}{2}$ Dorper	4,04 \pm 0,23 a AB (17)	3,21 \pm 0,16 b C (38)
$\frac{1}{2}$ Hampshire Down	5,04 \pm 0,61 A (1)	
$\frac{1}{2}$ Poll Dorset	4,44 \pm 0,29 a A (13)	3,52 \pm 0,24 b BC (17)
$\frac{1}{2}$ Primera	4,10 \pm 0,67 a AB (2)	4,37 \pm 0,38 a A (3)
$\frac{1}{2}$ Santa Inês	4,28 \pm 0,87 a AB (1)	3,14 \pm 0,14 a CD (28)
$\frac{1}{2}$ Texel		3,46 \pm 0,34 BC (4)
$\frac{3}{4}$ Dorper	3,66 \pm 0,24 a B (15)	4,03 \pm 0,27 a AB (14)
$\frac{3}{4}$ Poll Dorset	3,98 \pm 0,51 a AB (4)	4,98 \pm 0,51 a A (3)
$\frac{3}{4}$ Santa Inês	4,57 \pm 0,52 a A (5)	4,28 \pm 0,36 a AB (9)
Santa Inês	3,92 \pm 0,13 a AB (126)	3,55 \pm 0,21 a BC (22)
Somalis Brasileira		2,66 \pm 0,20 D (15)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Número de observações entre parênteses

Diferente do observado para PN, os grupos genéticos em que houve diferenças ($P < 0,05$) entre as médias para PD dos animais filhos de mães de genótipos AA e BB, foram $\frac{1}{2}$ Santa Inês, $\frac{3}{4}$ Dorper e Santa Inês, com superioridade do genótipo heterozigoto (Tabela 14).

Para o peso ao abate (PA), as médias dos animais filhos de matrizes com genótipos AB e BB foram semelhantes ($P > 0,05$), sendo $30,15 \pm 1,37$ kg ($n = 13$) e $30,41 \pm 1,19$ kg ($n = 12$), respectivamente. Também não foi verificada diferença ($P > 0,05$) nas médias

da característica P1 para os filhos de mães com genótipos AB ($39,54 \pm 1,80$ kg; $n = 18$) e BB ($38,11 \pm 2,34$ kg; $n = 12$).

No anexo 4 são apresentados os resumos das análises de variância para os ganhos de peso médios diários (Gn_d, Gdes_abat e Gdes_ano), mensurados nas crias das matrizes genotipadas, verificando o efeito do genótipo da matriz ou sua interação com grupo genético. A interação grupo genético*genótipo da mãe foi significativa para o Gn_d ($P < 0,05$). Para as demais características, o efeito de genótipo da mãe não foi significativo ($P > 0,05$). Ressalta-se que o número de observações para Gdes_abat e Gdes_ano foi bastante pequeno, o que pode ter reduzido a sensibilidade na verificação das diferenças entre os genótipos.

Tabela 14. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso ao desmame (PD) mensurada nas crias das matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo da Mãe (PD)	
	AB	BB
½ Dorper	$16,40 \pm 0,92$ a BC (12)	$14,41 \pm 0,59$ a A (30)
½ Hampshire Down	$25,37 \pm 2,24$ A (1)	
½ Poll Dorset	$14,73 \pm 1,11$ a C (12)	$15,19 \pm 0,82$ a A (16)
½ Primera	$12,23 \pm 2,42$ a C (2)	$13,60 \pm 1,32$ a A (3)
½ Santa Inês	$21,05 \pm 3,12$ a AB (1)	$14,54 \pm 0,53$ b A (22)
½ Texel		$15,07 \pm 1,18$ A (4)
¾ Dorper	$18,75 \pm 1,27$ a B (6)	$14,39 \pm 0,87$ b A (11)
¾ Poll Dorset	$17,10 \pm 1,39$ a BC (3)	$17,35 \pm 2,64$ a A (1)
Poll Dorset	$16,38 \pm 0,65$ BC (13)	
Santa Inês	$15,81 \pm 0,28$ a C (91)	$13,34 \pm 0,80$ b A (16)
Somalis Brasileira		$10,15 \pm 0,86$ B (12)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Número de observações entre parênteses

Na Tabela 15 são apresentadas as médias ajustadas pelos quadrados mínimos para Gn_d. Foi verificada superioridade ($P < 0,05$) dos animais filhos de mãe AB sobre os filhos de mãe BB para o grupo genético ¾ Dorper. Para os demais grupos genéticos analisados, não foi observada diferença ($P > 0,05$) entre os genótipos AB e BB. Dentro do genótipo BB, todos os grupos genéticos analisados foram semelhantes ($P > 0,05$). O mesmo não foi observado para o genótipo AB, no qual o grupo ½ Hampshire Down apresentou média de Gn_d superior ($P < 0,05$) aos demais grupos, com exceção de ½ Santa Inês e ¾ Dorper .

Tabela 15. Médias ajustadas pelos quadrados mínimos e seus erros-padrão (g) para o ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) mensurado nas crias das matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo da Mãe (Gn_d)	
	AB	BB
½ Dorper	245,41 ± 18,08 a BC (12)	213,30 ± 11,59 a A (30)
½ Hampshire Down	382,65 ± 44,18 A (1)	
½ Poll Dorset	205,43 ± 21,84 a BC (12)	225,34 ± 16,12 a A (16)
½ Primera	161,40 ± 47,62 a C (2)	171,59 ± 25,98 a A (3)
½ Santa Inês	317,37 ± 61,32 a AB (1)	218,81 ± 10,50 a A (22)
½ Texel		219,67 ± 23,25 A (4)
¾ Dorper	304,48 ± 25,01 a AB (6)	200,04 ± 17,10 b A (11)
¾ Poll Dorset	246,70 ± 27,29 a BC (3)	231,66 ± 51,95 a A (1)
Poll Dorset	237,52 ± 12,86 BC (13)	
Santa Inês	231,13 ± 5,61 a BC (91)	199,62 ± 15,87 a A (16)
Somalis Brasileira		188,35 ± 17,03 A (12)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t (P>0,05)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t (P>0,05)

Número de observações entre parênteses

As médias da característica Gdes_abat para os filhos das matrizes de genótipos AB e BB foram, respectivamente, 185,69 ± 19,77 g (n = 13) e 193,62 ± 18,34 g (n = 11), não diferindo estatisticamente em nível de 5%. Também não foi observada diferença (P>0,05) entre os genótipos das mães para a característica Gdes_ano, cujas médias de suas crias foram 81,08 ± 2,68 g (n = 16) para AB 75,11 ± 4,41 g (n = 10) para BB.

4.4.3. Análise do efeito do genótipo do indivíduo sobre as características reprodutivas

No Anexo 5 são apresentados os resumos das análises de variância para as características reprodutivas IPP, IP, PG e DP, verificando o efeito do genótipo do indivíduo ou da interação genótipo*tipo genético. Estes efeitos foram significativos (P<0,05) apenas para a característica IPP. Na Tabela 16 estão apresentadas as médias ajustadas pelos quadrados mínimos para IPP, de acordo com o genótipo dos animais (AB, BB) e os grupos genéticos. A média para IPP para o genótipo AB foi de 507,59 dias e de 496,62 dias para BB.

Entretanto, ressalta-se que estas diferenças podem ser diferentes de acordo com o grupo genético. Houve superioridade ($P < 0,05$) da média dos indivíduos AB em relação aos BB para o grupo $\frac{1}{2}$ Dorper, apesar de não ocorrer o mesmo para o grupo Santa Inês. Dentro do genótipo AB houve diferença significativa ($P < 0,05$) entre o grupo genético $\frac{1}{2}$ Dorper e os demais grupos. O grupo genético $\frac{1}{2}$ Dorper apresentou a pior média para a característica. Para o genótipo BB, o grupo $\frac{3}{4}$ Poll Dorset foi quem apresentou a pior média para IPP, diferenciando-se significativamente ($P < 0,05$) dos demais grupos estudados.

As médias da característica IP para os genótipos AB e BB foram $263,56 \pm 6,31$ dias ($n = 83$) e $239,26 \pm 8,10$ dias ($n = 52$), respectivamente, não havendo diferenças ($P > 0,05$) entre estas médias. Para a característica DP, as médias para os genótipos AB e BB foram $159,97 \pm 3,68$ dias ($n = 26$) e $179,37 \pm 7,31$ dias ($n = 11$), respectivamente, também não havendo diferença ($P < 0,05$) entre os genótipos.

Na Tabela 17 estão apresentadas as médias dos quadrados mínimos para o período de gestação de acordo com os genótipos e os grupos genéticos estudados .

Tabela 16. Médias dos quadrados mínimos e seus erros-padrão (dia) para a característica idade ao primeiro parto (IPP) mensurada nas matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo (IPP)	
	AB	BB
$\frac{1}{2}$ Dorper	$597,72 \pm 31,11$ a A (5)	$396,72 \pm 23,07$ b C (8)
$\frac{1}{2}$ Hampshire Down	$460,00 \pm 39,59$ B (1)	
$\frac{1}{2}$ Santa Inês		$467,67 \pm 22,86$ BC (3)
$\frac{3}{4}$ Dorper	$428,00 \pm 39,59$ B (1)	
$\frac{3}{4}$ Poll Dorset		$792,00 \pm 39,59$ A (1)
$\frac{3}{4}$ Santa Inês	$415,00 \pm 39,59$ B (1)	
Santa Inês	$507,67 \pm 12,65$ a B (18)	$509,17 \pm 22,43$ a B (9)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Número de observações entre parênteses

Para a característica PG, não houve diferenças ($P > 0,05$) entre as médias dos grupos genéticos para o genótipo BB. Também não foi observada diferença entre os genótipos para nenhum dos grupos. Para o genótipo AB, as médias dos grupos $\frac{1}{2}$ Dorper, $\frac{1}{2}$ Hampshire

Down, ½ Poll Dorset e Poll Dorset foram semelhantes entre si e inferiores ($P < 0,05$) às médias dos demais grupos analisados.

Tabela 17. Médias dos quadrados mínimos e seus erros-padrão (dia) para a característica período de gestação (PG) mensurada nas matrizes genotipadas de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo (PG)	
	AB	BB
½ Dorper	148,15 ± 1,33 a B (11)	148,48 ± 1,06 a A (17)
½ Hampshire Down	147,00 ± 2,61 B (1)	
½ Poll Dorset	147,00 ± 2,00 a B (6)	150,00 ± 2,00 a A (6)
½ Santa Inês		152,00 ± 1,50 A (3)
¾ Dorper	151,00 ± 2,61 A (1)	
¾ Poll Dorset		150,00 ± 2,61 A (1)
¾ Santa Inês	155,00 ± 2,61 A (1)	
Poll Dorset	146,21 ± 0,95 B (8)	
Santa Inês	151,68 ± 0,35 a A (77)	150,83 ± 0,92 a A (19)
Somalis Brasileira		149,19 ± 0,53 A (26)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t ($P > 0,05$)

Número de observações entre parênteses

4.4.4. Análise do efeito do genótipo do indivíduo sobre as características de habilidade materna

No Anexo 6 são apresentados os resumos das análises de variância para as características de habilidade materna PTCN e PTCB, verificando o efeito genótipo do indivíduo ou da interação genótipo*grupo genético. Estes efeitos não foram significativos ($P > 0,05$) para nenhuma destas características.

As médias da característica PTCN foram semelhantes para o genótipo AB ($5,04 \pm 0,11$ kg; $n = 111$) e BB ($5,20 \pm 0,15$ kg; $n = 74$).

Na Tabela 18 são apresentadas as médias ajustadas pelos quadrados mínimos para a característica PTCB. Apesar de não ter sido verificado efeito significativo da interação grupo genético*genótipo pelo teste F (Anexo 6), observou-se pelo teste t que a média do grupo genético ½ Dorper com genótipo AB foi superior ($P < 0,05$) àquela para o mesmo grupo

genético com genótipo BB. Destaca-se que não houve diferença nas médias entre grupos dentro dos dois genótipos estudados.

Tabela 18. Médias dos quadrados mínimos e seus erros-padrão (kg) para a característica peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD) de acordo com os genótipos (AB, BB) e os grupos genéticos analisados

Grupo Genético	Genótipo (PTCD)	
	AB	BB
½ Dorper	22,01 ± 1,86 a A (6)	16,45 ± 1,00 b A (14)
½ Poll Dorset	19,11 ± 2,62 a A (4)	19,44 ± 2,25 a A (5)
½ Santa Inês		16,78 ± 2,12 A (2)
Poll Dorset	17,08 ± 1,60 A (5)	
Santa Inês	18,81 ± 0,46 a A (56)	18,42 ± 1,27 a A (13)
Somalis Brasileira		17,14 ± 0,69 A (19)

Pelo menos uma letra minúscula igual na linha não há diferença estatística pelo teste t ($P>0,05$)

Pelo menos uma letra maiúscula igual na coluna não há diferença estatística pelo teste t ($P>0,05$)

Número de observações entre parênteses

4.5. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características de crescimento

Na tabela 19 são apresentadas as estatísticas descritivas para as características peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao abate (PA), peso a um ano de idade (P1), ganho em peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d), ganho em peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat) e ganho em peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano).

Na Tabela 20 estão apresentadas as estimativas de (co) variâncias e o valor do -2 Log L para a análise realizada com as características PN, PD e PA. Já na Tabela 21 podem ser vistas as herdabilidades e correlações genéticas entre estas características. As herdabilidades do efeito direto para PN e PD foram de magnitude relativamente baixa, entretanto, estes valores foram semelhantes aos observados por Sarmento et al. (2006) para PN e à média daquelas da literatura, descrita na revisão de Lôbo (2002), e discrepantes daquelas observadas por Sousa et al. (1999). Sarmento et al. (2006) observaram valores de herdabilidades de 0,20 e 0,00, respectivamente, para os pesos ao nascimento e aos 112 dias de idade (desmame). As

médias das herdabilidades observadas por Lôbo (2002) foram 0,33 e 0,32, respectivamente, para os pesos ao nascimento e ao desmame. Os valores de herdabilidades observados por Sousa et al. (1999) foram de 0,12 e 0,03, respectivamente, para os pesos ao nascimento e aos 112 dias de idade (desmame). A herdabilidade estimada (0,52) para PA foi elevada. De uma forma geral, vale ressaltar que os valores de herdabilidades estimados para o efeito genético aditivo direto sobre estas características demonstram haver variação genética suficiente para permitir seleção massal para estas características.

Tabela 19. Número de observações (N), médias observadas e desvio padrão (DP) para as características de crescimento analisadas

Característica	N	Média ± DP
Peso ao nascimento (kg)	12.845	3,78 ± 0,87
Peso ao desmame (kg)	10.016	15,15 ± 3,84
Peso ao abate (kg)	866	32,24 ± 6,05
Peso a um ano de idade (kg)	1.388	40,58 ± 7,48
Ganho em peso do nascimento ao desmame (g/dia)	9.985	210,98 ± 63,10
Ganho em peso da desmama ao abate (g/dia)	833	242,55 ± 85,55
Ganho em peso do desmame a um ano de idade (g/dia)	1.302	85,86 ± 23,67

Tabela 20. Estimativas de (co)variâncias (kg²) para a análise realizada com as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso ao abate (PA)

	σ^2 e σ Genéticas					σ^2 e σ de Ambiente Permanente		σ^2 e σ Fenotípicas		
	PN	PD	PA	PN _M	PD _M	PN	PD	PN	PD	PA
PN	0,108					0,054		0,507		
PD	0,249	2,200				0,096	0,521	0,992	8,651	
PA	0,352	3,942	12,869					1,221	8,522	24,758
PN_M	-0,003	0,138	0,822	0,100						
PD_M	-0,105	-0,284	1,611	0,255	1,357					
-2 Log L	32699,2001									

σ^2 = variâncias; σ = covariâncias; PN = efeito direto do peso ao nascimento; PN_M = efeito materno do peso ao nascimento; PD = efeito direto do peso ao desmame; PD_M = efeito materno do peso ao desmame; PA = efeito direto do peso ao abate.

Tabela 21. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso ao abate (PA)

	PN	PD	PA	PN _M	PD _M
PN	0,21				
PD	0,51	0,25			
PA	0,30	0,74	0,52		
PN _M	-0,03	0,29	0,73	0,20	
PD _M	-0,28	-0,16	0,39	0,69	0,16

Herdabilidades na diagonal e correlações genéticas fora da diagonal; PN = efeito direto do peso ao nascimento; PN_M = efeito materno do peso ao nascimento; PD = efeito direto do peso ao desmame; PD_M = efeito materno do peso ao desmame; PA = efeito direto do peso ao abate.

Os valores de herdabilidade materna para PN e PD, observados na Tabela 21, foram relativamente altos e muito próximos daquelas estimativas para o efeito direto, demonstrando alta variabilidade genética materna no rebanho estudado. Estas estimativas são diferentes das estimadas (0,12 para PN e 0,10 para PD) por Sousa et al. (1999) e por Mousa et al. (1999) e semelhantes às observadas por Maria et al. (1993). Tosh & Kemp (1994) encontraram valores de herdabilidade materna de 0,22, 0,31 e 0,13 para peso ao nascimento e de 0,16, 0,21 e 0,05 para peso aos 50 dias de idade, respectivamente, para ovinos das raças Hampshire Down, Poll Dorset e Romanov.

As correlações entre os efeitos aditivo direto e materno para PN e PD (Tabela 21) foram moderadas e negativas, semelhantes às observadas por Sarmento et al. (2006) que foram respectivamente de -0,47 e -0,24. Sousa et al. (1999) observaram correlações de -0,15 e 0,31 entre os efeitos diretos e maternos para os pesos ao nascimento e aos 112 dias (desmame), respectivamente.

As altas correlações entre PN e PD (0,51), PN e PA (0,30) e entre PD e PA (0,74) indicam possibilidade de resposta correlacionada para a seleção em uma determinada característica. Em função da maior herdabilidade para PA e da alta correlação entre PD e PA, sugere-se que a seleção dos animais deva ser realizada em idade precoce, no momento do PD.

Na Tabela 22 estão apresentadas as estimativas de (co) variâncias e o valor do -2 Log L para a análise realizada com as características PN, PD e P1. Na Tabela 23 estão as herdabilidades e correlações genéticas entre estas características.

Tabela 22. Estimativas de (co)variâncias (kg²) para a análise realizada com as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso a um ano de idade (P1)

	σ^2 e σ Genéticas					σ^2 e σ de Ambiente Permanente		σ^2 e σ Fenotípicas		
	PN	PD	P1	PN _M	PD _M	PN	PD	PN	PD	P1
PN	0,106					0,060		0,502		
PD	0,263	2,055				0,126	0,656	0,980	8,551	
P1	0,440	2,698	10,690					1,131	7,153	27,549
PN_M	0,004	0,151	0,622	0,082						
PD_M	-0,052	0,014	2,073	0,169	0,879					
-2 Log L	34956,0712									

σ^2 = variâncias; σ = covariâncias; PN = efeito direto do peso ao nascimento; PN_M = efeito materno do peso ao nascimento; PD = efeito direto do peso ao desmame; PD_M = efeito materno do peso ao desmame; P1 = efeito direto do peso ao ano.

Tabela 23. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD) e peso a um ano de idade (P1)

	PN	PD	P1	PN _M	PD _M
PN	0,21				
PD	0,56	0,24			
P1	0,41	0,58	0,39		
PN_M	0,05	0,37	0,66	0,16	
PD_M	-0,17	0,01	0,68	0,63	0,10

Herdabilidades na diagonal e correlações genéticas fora da diagonal; PN = efeito direto do peso ao nascimento; PN_M = efeito materno do peso ao nascimento; PD = efeito direto do peso ao desmame; PD_M = efeito materno do peso ao desmame; P1 = efeito direto do peso ao ano.

A herdabilidade de 0,39 observada para P1 foi de moderada a alta (Tabela 23), indicando potencial genético para seleção no rebanho. Parâmetros genéticos para esta característica são escassos na Literatura. Lobo (2002) apresentou média de herdabilidade, para pequeno número de estimativas da literatura, de 0,31 para esta característica.

Por outro lado, é fundamental conhecer a magnitude e a direção das correlações para as características de crescimento, para estabelecer estratégias de seleção adequadas. A correlação observada entre PD e P1 (0,58) é considerada elevada e de média a alta entre PN e P1 (0,41). Isto é esperado, uma vez que pesos mais próximos entre si tendem a apresentar maior correlação do que aqueles mais distantes. As correlações estimadas indicam que a seleção em apenas uma destas características promoverá respostas nas demais.

De uma forma geral, percebe-se que os parâmetros estimados para PN e PD são similares nas duas análises realizadas, tanto com PA como com P1. Isto demonstra consistência nos dados e nas análises realizadas.

Os ganhos em peso em determinadas idades estão diretamente relacionados com a velocidade de crescimento. Assim, o conhecimento da variação genética dos mesmos é extremamente importante para a consecutiva exploração em programas de seleção. Na Tabela 24 estão apresentadas as estimativas de (co) variâncias e o valor do -2 Log L para a análise realizada com as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat).

Tabela 24. Estimativas de (co)variâncias (g/dia²) para a análise realizada com as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat)

	σ^2 e σ Genéticas			σ^2 de Ambiente Permanente	σ^2 e σ Fenotípicas	
	Gn_d	Gdes_abat	Gn_d _M	Gn_d	Gn_d	Gdes_abat
Gn_d	589,3149			0,000076	2417,2066	
Gdes_abat	205,2415	526,6631			150,4842	2654,4483
Gn_d_M	-111,3929	6,2392	439,2480			
-2 Log L	89008,8453					

σ^2 = variâncias; σ = covariâncias; Gn_d = efeito direto do ganho de peso do nascimento ao desmame; Gn_d_M = efeito materno do ganho de peso do nascimento ao desmame; Gdes_abat = efeito direto do ganho de peso do desmame ao abate;

A herdabilidade para Gn_d de 0,24 demonstrada na Tabela 25 foi semelhante à observada por Maria et al. (1993). A herdabilidade materna para o Gn_d também apresentou a magnitude semelhante à observada por Maria et al. (1993). Lobo (2002) apresentou valor

médio de herdabilidade da literatura nacional de 0,36 para ganho em peso do nascimento aos 56 dias de idade.

Tabela 25. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame ao abate (Gdes_abat)

	Gn_d	Gdes_abat	Gn_d _M
Gn_d	0,24		
Gdes_abat	0,37	0,20	
Gn_d _M	-0,22	0,01	0,18

Herdabilidades na diagonal e correlações genéticas fora da diagonal; Gn_d = efeito direto do ganho de peso do nascimento ao desmame; Gn_d_M = efeito materno do ganho de peso do nascimento ao desmame; Gdes_abat = efeito direto do ganho de peso do desmame ao abate;

Na Tabela 26 estão apresentadas as estimativas de (co) variâncias e o valor do -2 Log L para a análise realizada com as características Gn_d e Gdes_ano. Na Tabela 27 estão as herdabilidades e correlações genéticas entre estas características. Destaca-se a alta correlação entre Gn_d e Gdes_ano. Os demais parâmetros foram semelhantes aos observados para a análise entre Gn_d e Gdes_abat.

Tabela 26. Estimativas de (co)variâncias (g/dia²) para a análise realizada com as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano)

	σ^2 e σ Genéticas			σ^2 de Ambiente Permanente	σ^2 e σ Fenotípicas	
	Gn_d	Gdes_ano	Gn_d _M	Gn_d	Gn_d	Gdes_ano
Gn_d	547,0316			0,0006563	2405,8266	
Gdes_ano	88,1735	46,9572			-37,1661	225,6814
Gn_d _M	-103,3402	10,9943	439,8952			
-2 Log L	90304,0847					

σ^2 = variâncias; σ = covariâncias; Gn_d = efeito direto do ganho de peso do nascimento ao desmame; Gn_d_M = efeito materno do ganho de peso do nascimento ao desmame; Gdes_ano = efeito direto do ganho de peso do desmame ao ano.

Tabela 27. Herdabilidades para efeitos genéticos aditivos direto e materno e correlações genéticas para as características ganho de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d) e ganho de peso médio diário do desmame a um ano de idade (Gdes_ano)

	Gn_d	Gdes_ano	Gn_d _M
Gn_d	0,23		
Gdes_ano	0,55	0,21	
Gn_d _M	-0,21	0,08	0,18

Herdabilidades na diagonal e correlações genéticas fora da diagonal; Gn_d = ganho de peso do nascimento ao desmame; Gn_d_M = efeito materno do ganho de peso do nascimento ao desmame; Gdes_ano = ganho de peso do desmame ao ano.

4.6. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características de reprodução e habilidade materna

Na Tabela 28 são apresentadas as estatísticas descritivas para as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP), período de gestação (PG), dias para o parto (DP), peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD).

Tabela 28. Número de observações (N), médias e desvio padrão (DP) para as características reprodutivas e de habilidade materna analisadas

Característica	N	Média ± DP
Idade ao primeiro parto (dia)	1.795	526,13 ± 88,38
Intervalo de Partos (dia)	3.537	276,57 ± 78,95
Período de gestação (dia)	5.631	150,83 ± 3,17
Dias para o parto (dia)	1.399	164,53 ± 8,93
Peso total das crias nascidas por matriz por parto (kg)	5.633	4,79 ± 1,46
Peso total das crias desmamadas por matriz por parto (kg)	4.454	17,54 ± 6,25

Na Tabela 29 estão apresentadas as estimativas de (co) variâncias e o valor do -2 Log L para a análise realizada com as características IPP, IP e PG. Já na Tabela 30 podem ser

vistas as herdabilidades e correlações genéticas entre estas características. Os baixos valores de herdabilidade observados para estas características são esperados, pois normalmente IPP e IP sofrem grande influência ambiental, enquanto PG possui, por sua natureza, pequena variação entre indivíduos. Lobo (2002), em sua revisão, apresentou média de herdabilidade de 0,27 para IP. Este mesmo valor de herdabilidade foi estimado por McManus & Miranda (1998), entretanto, com erro-padrão superior à estimativa (0,29). As baixas estimativas de herdabilidade encontrada para as características reprodutivas não significam que não ocorra possibilidade de melhoramento, mas sim que o progresso genético esperado é pequeno, acumulando-se lentamente na população após geração, sendo altamente influenciado pelo efeito do ambiente.

As correlações entre IPP e IP (-0,25) e entre IPP e PG (-0,30) foram negativas, enquanto entre IP e PG (0,16) foi positiva (Tabela 30). Estas estimativas negativas são contraditórias, pois se esperava que animais com maiores idades ao primeiro parto apresentassem maiores intervalos de parto e maiores períodos de gestação. Este comportamento pode ter sido ocasionado pelo manejo da propriedade, que tende a retardar a primeira cobertura das fêmeas, para permitir maior desenvolvimento corporal.

Tabela 29. Estimativas de (co)variâncias (dia²) para a análise realizada com as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP) e período de gestação (PG)

	σ^2 e σ Genéticas			σ^2 e σ de Ambiente Permanente		σ^2 e σ Fenotípicas		
	IPP	IP	PG	IP	PG	IPP	IP	PG
IPP	69,687					4811,29		
IP	-29,550	204,026		10,619		-3852,57	3313,87	
PG	-2,499	2,258	0,992	2,639	0,656	9,131	4,425	6,849
-2 Log L	58896,6392							

σ^2 = variâncias; σ = covariâncias.

Tabela 30. Herdabilidades e correlações genéticas para as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP) e período de gestação (PG)

	IPP	IP	PG
IPP	0,01		
IP	-0,25	0,06	
PG	-0,30	0,16	0,14

Herdabilidades na diagonal e correlações genéticas fora da diagonal.

Na Tabela 31 estão apresentadas as estimativas de (co) variâncias, o valor do -2 Log L , as herdabilidades e a correlação genética para a análise realizada com as características relacionadas com a habilidade materna, peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD). A correlação entre PTCN e PTCD foi alta e positiva. A herdabilidade estimada para PTCN foi um pouco semelhante a observada por McManus & Miranda (1998) e à média apresentada por Lôbo (2002). A herdabilidade estimada para PTCD foi diferente daquela estimada por McManus & Miranda (1998). A estimativa de 0,30 apresentada para esta característica foi semelhante à da média da literatura apresentada por Lôbo (2002).

Tabela 31. Estimativas de (co)variâncias (kg^2) para a análise realizada com as características de habilidade materna, peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD)

	σ^2 e σ Genéticas		σ^2 e σ de Ambiente Permanente		σ^2 e σ Fenóticas		h^2	r_g
	PTCN	PTCD	PTCN	PTCD	PTCN	PTCD		
PTCN	0,126		0,072		0,626		0,20	0,52
PTCD	0,305	2,681	0,155	1,825	1,079	24,381	0,11	
-2 Log L	20252.7352							

σ^2 = variâncias; σ = covariâncias; h^2 = herdabilidade; r_g = correlação genética.

Na Tabela 32 são apresentados os componentes de variâncias, a herdabilidade e o valor do -2 Log L para análise uni característica realizada com dias para o parto (DP). A herdabilidade estimada para a característica foi baixa (0,06), demonstrando que esta característica sofre maior efeito dos componentes ambientais e de genética não aditiva do que da genética aditiva. Esta estimativa foi igual àquela para intervalo de partos. Isto sugere que estas características praticamente possuem a mesma natureza, em função do manejo reprodutivo realizado pela propriedade.

De uma maneira geral, a literatura é escassa em estudos com estimativas de parâmetros genéticos para características de reprodução e de habilidade materna em ovinos. Entretanto, em sistemas de produção de carne, a eficiência reprodutiva e a habilidade das matrizes devem ser constantemente avaliadas por estarem diretamente relacionadas à rentabilidade econômica da produção.

Tabela 32. Estimativas de variâncias (σ^2 ; dia²), herdabilidade (h^2) e valor de -2Log L para a análise uni-característica com dias para o parto (DP)

Parâmetros	DP
σ^2 Genética	4,34331
σ^2 de Ambiente Permanente	0,154251E-04
σ^2 Fenotípicas	67,59047
h^2	0,06
-2 Log L	6612,9686

4.7. Efeito da inclusão do genótipo dos indivíduos para aromatase nos modelos de análise genética

Nas Tabelas 33 e 34 estão apresentados os valores do teste da razão de verossimilhança (LR) para os modelos com e sem inclusão do genótipo do indivíduo ou com e sem inclusão do genótipo da mãe do animal, para as características de crescimento, de reprodução e de habilidade materna estudadas.

Para todas as características consideradas, a informação do genótipo do animal ou do genótipo de sua mãe foi importante para a melhoria dos modelos de análise. Verificou-se que houve redução do -2 Log L quando se considerou os efeitos do genótipo na análise, sendo altamente significativa ($P < 0,01$) esta melhoria, pelo teste (LR). Este aspecto sugere que havendo informações disponíveis sobre o genótipo dos animais, estas devem ser utilizadas nos modelos que estimem parâmetros genéticos e valores genéticos dos animais. Ressalta-se que o número de animais genotipados neste estudo foi bastante reduzido, o que não permite maiores considerações sobre os valores estimados. De qualquer forma, na comparação das análises com os bancos de dados reduzidos, a inclusão do genótipo foi importante. Assim, espera-se que, no futuro, com maior número de animais genotipados, esta informação seja incluída nos modelos de análises.

Diferente do que foi avaliado aqui, com a inclusão do genótipo como efeito fixo, futuras investigações poderão ser realizadas, conforme sugerido por Muir (2007), com a combinação de modelos mistos utilizando um segundo efeito aleatório para o genótipo, desde que haja suficiente informação de genótipos e fenótipos coletada .

Tabela 33. Valores do logaritmo da função de verossimilhança (-2 Log L) e valores do teste da razão de verossimilhança (LR) para as características de crescimento estudadas, de acordo com o modelo de análise

Modelo/Característica Mensurada no Indivíduo Genotipado	Sem efeito do genótipo do animal -2 Log L	Com efeito do genótipo do animal -2 Log L	-2 Log LR^1
PN, PD e P1	208,8689	175,4608	33,41**
GN_D e GD_ANO	389,1728	327,0870	62,08**
Modelo/Característica Mensurada nas Crias das Matrizes Genotipadas	Sem efeito genótipo da mãe -2 Log L	Com efeito do genótipo da mãe -2 Log L	-2 Log LR
PN, PD e PA	543,1798	510,7648	32,41**
PN, PD e P1	540,6258	506,3233	34,30**
GN_D e GD_ABAT	1247,8714	1173,4227	74,45**
GN_D e GD_ANO	1209,9369	1142,5747	67,36**

** $P < 0,01$; PN = peso ao nascimento; PD = peso ao desmame; PA = peso ao abate; P1 = peso a um ano de idade; Gn_d = ganho de peso do nascimento ao desmame; Gdes_abat = ganho de peso do desmame ao abate; Gdes_ano = ganho de peso do desmame a um ano.

Tabela 34. Valores do logaritmo da função de verossimilhança (-2 Log L) e valores do teste da razão de verossimilhança (LR) para as características reprodutivas e de habilidade materna estudadas, de acordo com o modelo de análise

Modelo/Característica	Sem efeito do	Com efeito do	
Mensurada no Indivíduo	genótipo do animal	genótipo do animal	-2 Log LR¹
Genotipado	-2 Log L	-2 Log L	
IPP, IP e PG	446,9582	410,3368	36,62**
DP	62,7478	54,9946	7,75**
PTCN e PTCN	148,2612	128,5329	19,72**

** P<0,01; IPP = idade ao primeiro parto; IP = intervalo de partos; PG = período de gestação; DP = dias para o parto; PTCN = peso total das crias nascidas por matriz por parto; PTCN = peso total das crias desmamadas por matriz por parto.

4.8. Efeito do genótipo da aromatase sobre os valores genéticos estimados

4.8.1. Efeito do genótipo do indivíduo sobre os valores genéticos

Verificaram-se diferenças (P<0,01) nos valores genéticos estimados para os pesos corporais de acordo com o genótipo do animal (Tabela 35). A média dos valores genéticos para o genótipo AB foi significativamente superior à média do genótipo BB para todas as características analisadas. Ou seja, os indivíduos heterozigotos para o gene da aromatase possuem, em média, valores genéticos superiores aos homozigotos BB. Os valores genéticos estimados são devidos a ação gênica aditiva, entretanto, como a população estudada possui a participação de muitas raças, é possível que os efeitos não aditivos de combinação de raças estejam presentes nestas estimativas. As combinações entre raças promovem maior vigor híbrido, devido ao aumento da heterozigose na população. Isto poderia justificar a superioridade dos animais heterozigotos AB sobre os indivíduos BB.

Verifica-se na Tabela 36 que o genótipo não causou diferença significativa (P>0,05) nos valores genéticos estimados para Gdes_abat e Gdes_ano. Entretanto, houve diferença (P<0,05) entre as médias dos genótipos para o Gn_d. A média dos valores genéticos

para os indivíduos AB, semelhante ao observado para os pesos corporais, foi superior àquela para o genótipo BB.

Tabela 35. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para os pesos corporais ao nascimento (PN), ao desmame (PD), ao abate (PA) e a um ano de idade (P1)

	Característica			
	PN	PD	PA	P1
Número de observações	133	133	133	133
Média ± Desvio Padrão (kg)	0,133 ± 0,203	0,450 ± 0,834	0,372 ± 2,134	0,419 ± 2,195
R ²	0,18	0,16	0,14	0,14
Efeito	Quadrado Médio			
Genótipo	1,2299**	17,9943**	96,0949**	100,0244**
Médias				
AB	0,205 a	0,722 a	1,000 a	1,060 a
BB	0,003 b	-0,048 b	-0,778 b	-0,754 b

** P<0,01; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t (P<0,05)

Tabela 36. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para os ganhos em peso médios diários do nascimento ao desmame (Gn_d), do desmame ao abate (Gdes_abat) e do desmame a um ano de idade (Gdes_ano)

	Característica		
	Gn_d	Gdes_abat	Gdes_ano
Número de observações	133	133	133
Média ± Desvio Padrão (g/dia)	6,318 ± 12,143	-3,042 ± 11,169	1,238 ± 3,740
R ²	0,04	0,001	0,026
Efeito	Quadrado Médio		
Genótipo	845,5872*	20,9348 ^{ns}	48,5065 ^{ns}
Médias			
AB	8,182 a	-3,335 a	1,685 a
BB	2,907 b	-2,505 a	0,422 a

* P<0,05; ^{ns} P>0,05; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t (P<0,05)

Na Tabela 37 são apresentadas as médias dos valores genéticos estimados para os efeitos maternos de acordo com os genótipos considerados. É possível constatar que não houve diferença ($P>0,05$) entre as médias dos valores genéticos para os efeitos maternos do PD para os genótipos analisados. Entretanto, tanto para PN como para Gn_d, os indivíduos do genótipo AB apresentaram maior potencial de efeito materno do que aqueles com genótipo BB, semelhante ao que foi observado para os efeitos diretos.

Tabela 37. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos maternos para os pesos corporais ao nascimento (PN) e ao desmame (PD), e o ganho de peso do nascimento ao desmame (Gn_d)

	Característica		
	PN (kg)	PD (kg)	Gn_d (g/dia)
Número de observações	133	133	133
Média ± Desvio Padrão	-0,020 ± 0,190	-0,130 ± 0,482	-0,209 ± 10,599
R ²	0,06	0,02	0,07
Efeito	Quadrado Médio		
Genótipo	0,3039**	0,8259 ^{ns}	1069,4645**
Médias			
AB	0,015 a	-0,072 a	1,887 a
BB	-0,085 b	-0,237 a	-4,043 b

** $P<0,01$; ^{ns} $P>0,05$; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t ($P<0,05$)

De acordo com os dados apresentados na Tabela 38, verificou-se que não houve diferenças ($P>0,05$) entre os valores genéticos da IPP e do PG, de acordo com o genótipo dos indivíduos. Entretanto, animais com genótipo AB apresentaram melhores valores genéticos para IP daqueles com genótipo BB, mas, piores valores genéticos diretos para DP.

Tabela 38. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP), período de gestação (PG) e dias para o parto (DP)

	Característica			
	IPP	IP	PG	DP
Número de observações	133	133	133	133
Média ± Desvio Padrão (dia)	1,524 ± 2,252	-4,953 ± 4,454	-0,086 ± 0,446	0,203 ± 0,487
R ²	0,002	0,04	0,0001	0,04
Efeito	Quadrado Médio			
Genótipo	1,6021 ^{ns}	119,1976**	0,0036 ^{ns}	1,3967*
Médias				
AB	1,605 a	-5,653 a	-0,0825 a	0,2790 a
BB	1,375 a	-3,673 b	-0,0934 a	0,0646 b

** P<0,01; * P<0,05; ^{ns} P>0,05; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t (P<0,05)

As médias dos valores genéticos, segundo os genótipos analisados, para PTCN e PTCD são apresentadas na Tabela 39. Semelhante aos pesos corporais e à IP, os indivíduos de genótipo AB apresentaram maior potencial para habilidade materna, com média de valores genéticos superior àquela para os indivíduos BB. Esta superioridade para PTCN foi da ordem de 0,099 kg, e de 0,319 kg para PTCD. Assim, espera-se que as filhas de animais com genótipo AB produzam, em média, 0,05 kg e 0,16 kg de cordeiros ao nascimento e ao desmame, respectivamente, a mais do que as filhas dos animais BB.

4.8.2. Efeito do genótipo da matriz sobre os valores genéticos de suas crias

Na Tabela 40 são apresentadas as médias dos valores genéticos diretos para as características de pesos corporais, de acordo com o genótipo da mãe do animal. Semelhante ao observado para o genótipo do indivíduo, os animais filhos de mães AB apresentaram média de valores genéticos diretos superior a média dos indivíduos filhos de mães BB.

Tabela 39. Avaliação do efeito do genótipo do animal sobre as estimativas dos seus valores genéticos para os efeitos diretos para as características de habilidade materna, peso total de crias nascidas por matriz por parto (PTCN) e peso total de crias desmamadas por matriz por parto (PTCD)

	Característica	
	PTCN	PTCD
Número de observações	133	133
Média ± Desvio Padrão (kg)	0,093 ± 0,195	0,169 ± 0,076
R ²	0,06	0,08
Efeito	Quadrado Médio	
Genótipo	0,2979**	3,0813**
Médias		
AB	0,128 a	0,282 a
BB	0,029 b	-0,037 b

** P<0,01; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t (P<0,05)

Tabela 40. Avaliação do efeito do genótipo da matriz sobre as estimativas dos valores genéticos de suas crias para os efeitos diretos para os pesos corporais ao nascimento (PN), ao desmame (PD), ao abate (PA) e a um ano de idade (P1)

	Característica			
	PN	PD	PA	P1
Número de observações	376	376	376	376
Média ± Desvio Padrão	0,093 ± 0,186	0,406 ± 0,775	0,349 ± 1,907	0,354 ± 1,993
R ²	0,26	0,19	0,14	0,18
Efeito	Quadrado Médio			
Genótipo da mãe	4,5118**	55,2084**	231,8632**	329,3206**
Médias				
AB	0,190 a	0,745 a	1,043 a	1,181 a
BB	-0,030 b	-0,027 b	-0,539 b	-0,704 b

** P<0,01; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t (P<0,05)

Verifica-se na Tabela 41, semelhante ao caso para os pesos corporais, que também houve superioridade na média dos valores genéticos diretos para Gn_d e Gdes_ano dos indivíduos filhos de mães AB. De forma contrastante, para a característica Gdes_abat, a média dos valores genéticos diretos de animais filhos de mãe com genótipo BB foi significativamente superior. Provavelmente esta diferença de padrão possa ser justificada pela estrutura de dados, uma vez que não houve nenhum animal genotipado que tenha apresentado a característica peso de abate, que é utilizado no cálculo para Gdes_abat. Por outro lado, é possível que este comportamento não tenha se manifestado nas estimativas de valores genéticos para PA, em função das correlações genéticas deste peso com as demais características de peso corporal.

Tabela 41. Avaliação do efeito do genótipo da matriz sobre as estimativas dos valores genéticos para os efeitos diretos em suas crias para os ganhos em peso médios diários do nascimento ao desmame (Gn_d), do desmame ao abate (Gdes_abat) e do desmame a um ano de idade (Gdes_ano)

	Característica		
	Gn_d	Gdes_abat	Gdes_ano
Número de observações	376	376	376
Média ± Desvio Padrão (g/dia)	7,499 ± 11,233	-1,404 ± 9,148	1,496 ± 3,311
R ²	0,04	0,04	0,04
Efeito	Quadrado Médio		
Genótipo da mãe	2267,6460**	1203,3565**	192,4309**
Médias			
AB	9,670 a	-2,986 b	2,1287 a
BB	4,722 b	0,619 a	0,687 b

** P<0,01; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t (P<0,05)

Foi observado, também, que a média dos valores genéticos para os efeitos maternos dos indivíduos filhos de matrizes com genótipo AB foi melhor que a média para o genótipo BB (Tabela 42). Os filhos de matrizes AB terão filhos, em média, com 0,06 kg e 0,08 kg a mais ao nascimento e à desmama, respectivamente, e com superioridade de ganho

de peso do nascimento ao desmama de 1,79 g/dia, que os filhos dos animais filhos de mães BB.

De maneira geral, observou-se que há diferenças entre os valores genéticos estimados de acordo com o genótipo para o gene da aromatase. O uso desta informação poderá melhorar as estimativas dos valores genéticos dos animais. A utilização do genótipo do próprio indivíduo ou de sua mãe nas análises, dependerá da quantidade de informações disponíveis ou da própria característica. Sugere-se que características sob maior influência materna sejam analisadas com o uso da informação do genótipo da mãe do animal. Por outro lado, características que estão mais sujeitas ao efeito dos genes do próprio indivíduo devem ser consideradas com a informação do genótipo deste indivíduo. Ressalta-se, também, que o uso do genótipo da mãe multiplica os dados a serem analisados, uma vez que uma matriz possui várias crias e esta informação pode ser utilizada nas análises das características destes animais. Neste estudo, é possível verificar que quando se usou o genótipo da mãe do animal, maior número de observações foi considerado (376 vs 133).

Tabela 42. Avaliação do efeito do genótipo da matriz sobre as estimativas dos valores genéticos para os efeitos maternos em suas crias para os pesos corporais ao nascimento (PN) e ao desmame (PD), e o ganho em peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d)

	Característica		
	PN (kg)	PD (kg)	Gn_d (g/dia)
Número de observações	376	376	376
Média ± Desvio Padrão	-0,017 ± 0,168	-0,095	0,180 ± 9,402
R ²	0,11	0,032	0,03
Efeito	Quadrado Médio		
Genótipo da mãe	1,2516**	2,3643**	1185,3839**
Médias			
AB	0,034 a	-0,025 a	1,750 a
BB	-0,082 b	-0,185 b	-1,828 b

** P<0,01; Médias na mesma coluna, seguidas por letras diferentes, diferem pelo teste t (P<0,05)

5. CONCLUSÕES

De acordo com os resultados obtidos e nas condições disponíveis para esse estudo, é possível concluir:

1. Existe polimorfismo para o gene da aromatase (*CYP19*) na população estudada, com alterações nas frequências gênicas de acordo com o grupo genético considerado.
2. O gene da aromatase apresenta influência sobre a maioria das características estudadas, havendo diferenças no padrão desta influência, de acordo com o grupo genético considerado.
3. Existe variação genética suficiente para ser explorada na seleção das características de crescimento e de habilidade materna da população estudada. Por outro lado, para melhorias nas características reprodutivas, melhores estratégias de manejo e ambiente deverão ser buscadas.
4. Existem fortes evidências de que o uso da informação do genótipo dos animais para o gene da aromatase aumenta a eficiência dos modelos de análises de parâmetros genéticos e valores genéticos sob metodologia BLUP.
5. De maneira geral, na população estudada, os indivíduos com genótipo AB apresentam superioridade genética em relação àqueles de genótipo BB para a maioria das características estudadas.
6. O uso da seleção assistida por marcadores permitirá o aumento da eficiência da seleção atualmente em prática com o uso das metodologias tradicionais de genética quantitativa.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARENDSE, W., HARRISON, B. E., HAWKEN, R. J., FERGUSON, D. M., THOMPSON, J. M., THOMAS, M. B., BUNCH, R. J. Epistasis between calpain 1 and inhibitor calpastatin within breeds of cattle. **Genetics**, v. 176, p. 2601-2610, 2007.

BELLINGE, R. H., LIBERLES, D. A., IASCHI, S. P., O'BRIEN, P.A., TAY, G. K. Myostatin and its implications on animal breeding: a review. **Animal Genetics**, v. 36, n. 1, p.1-6, 2005 Feb.

BEUZEN, N. D., STEAR, M. J., CHANG, K. C. Molecular markers and their use in animal breeding. **The Veterinary Journal**, v.160, p.42-52, 2000.

BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., Van VLECK, D. L. et al. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT] Lincoln: USDA/Agricultural Research Service, 120p, 1995.

CALUS, M. P. L., VEERKAMP, R. F. Accuracy of breeding values when using and ignoring the polygenic effect in genomic breeding value estimation with a marker density of one SNP per cM. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p.362-368, 2007.

CARANI, C., QIN, K., SIMONI, M., FAUSTINI-FUSTINI, M., SERPENTE, S., BOYD, J. et al. Effect of testosterone and estradiol in a man with aromatase deficiency. **The New England Journal of Medicine**, v. 337, p.91-95, 1997.

CASTRO, E. A., LOPEZ, I. M. R., LIM, A., FRANCO, M. M., PAIVA, S. R., SOUZA, C. J. H., RUMPF, R., MELO, E. O. Characterization of a new SNP in the growth and differentiation factor 9 (GDF-9) gene, specific for the Brazilian Santa Inês Sheep. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Agost., 2006. Belo Horizonte, MG. **Anais...** Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

COCKETT, N. E., HADFIELD, T. S., WU, C. H., NOMURA, K. Resources available for sheep genomics research. **Journal of Animal Science**, v. 84 (suppl. 1), 2006.

COCKETT, N. E., JACKSON, S. P., SHAY, T. L., FARNIR, F., BERGHMANS, S., SNOWDER, G. D., NIELSEN, D. M., GEORGES, M. Polar overdominance at the ovine *callipyge* locus. **Science**, v. 273, p.236-238, 1996.

COCKETT, N. E., JACKSON, S. P., SHAY, T. L., NIELSEN, D., MOORE, S. S., STEELE, M. R., BARENDSE, W., GREEN, R. D., GEORGES, M. Chromosomal localization of the *callipyge* gene in sheep (*Ovis aries*) using bovine DNA markers. **Genetics**, v. 91, p. 3019-3023, 1994.

COCKETT, N. E., SHAY, T. L., SMIT, M. Analysis of the sheep genome. **Physiological Genomics**, v. 7, p.69-78, 2001.

COCKETT, N. E., SMIT, M. A., BIDWELL, C. A., SEGERS, K.; HADFIELD, T. L., SNOWDER, G. D., GEORGES, M., CHARLIER, C. The *callipyge* mutation and other genes that affect muscle hypertrophy in sheep. **Genetics Selection Evolution**, v. 37 (supl. 1), p.65-81, 2005.

CONLEY, A. J., HINSHELWOOD, M. Mammalian aromatases. **Reproduction**, v. 121, p. 685-695, 2001.

CRAWFORD, A. M., DODDS, K. G., EDE, A. J., PIERSON, C. A., MONTGOMERY, G. W., GARMONSWAY, H. G., BEATTIE, A. E., DAVIES, K., MADDOX, J. F., KAPPES, S. W., et al. An autosomal genetic linkage map of the sheep genome. **Genetics**, v. 140, p.703-724, 1995.

CRAWFORD, A. M., MONTGOMERY, G. W., PIERSON, A., BROWN, T., DODDS, K. G., SUNDEN, S. L. F., HENRY, H. M., EDE, A. J., SWARBRICK, P. A., BERRYMAN, T., PENTY, J. M., HILL, D. F. Sheep linkage mapping: nineteen linkage groups derived from the analysis of paternal half-sib families. **Genetics**, v. 87, p.271-277, 1994.

DAVIS, G. H. Major genes affecting ovulation rate in sheep. **Genetics Selection Evolution**, v. 37 (supl. 1), p.11-23, 2005.

DAVIS, G. H., MCEWAN, J. C., FENNESSY, P. F., DODDS, K. G., FARQUHAR, P. A. Evidence for the presence of a major gene influencing ovulation rate on the x-chromosome of sheep. **Biology of Reproduction**, v. 44, p.620-624, 1991.

DAVIS, G. H., MONTGOMERY, G. W., KELLY, R. W. Estimates of the repeatability of ovulation rate in Booroola cross ewes. In: Proc. 2nd World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Madri., v. 8, p.674-679, 1982.

de GORTARI, M. J., FREKING, B. A., CUTHBERTSON, R. P., KAPPES, S. M., KEELE, J. W., STONE, R. T., LEYMASTER, K. A., DODDS, K. G., CRAWFORD, A. M., BEATTIE, C. W. A second-generation linkage map of the sheep genome. **Mammalian Genome**, v. 9, p.204–209, 1998.

DEKKERS, M. C. J. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p.331-341, 2007.

DODDS, K. G., MCEWAN, J. C., DAVIS, G. H. Integration of molecular and quantitative information in sheep and goat industry breeding programmes. **Small Ruminant Research**, v. 70, p.32-41, 2007.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd. Edn. Longman, Harlow. 438p, 1989.

FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th Edition. Pearson Education Ltda. Essex, England. 1996.

FERNANDO, R. L., GROSSMAN, M. Marker-assisted selection using best linear unbiased prediction. **Genetics Selection Evolution**, v. 21, p.467-477, 1989.

FERREIRA, M. E., GRATAPLAGIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3^a ed. Brasília: Embrapa-Cernagen, 1998, 220p.

FREKING, B. A., KEELE, J. W., BEATTIE, C. W., KAPPES, S. M., SMITH, T. P. L., SONSTEGARD, T. S., NIELSEN, M. K., LEYMASTER, K. A. Evaluation of the ovine callipyge locus: I. Relative chromosomal position and gene action. **Journal of Animal Science**, v. 76, p.2062-2071, 1998.

GALLOWAY, S. M., MCNATTY, K. P., CAMBRIDGE, L. M., LAITINEM, M. P. E., JUENGEL, J. L., JOKIRANTA, T. S., MCLAREN, R. J., LUIRO, K., DODDS, K. G., MONTGOMERY, G. W., BEATTIE, A. E., DAVIS, G. H., RITVOS, O. Mutations in an

oocyte-derived growth factor gene (BMP15) cause increased ovulation rate and infertility in a dosage-sensitive manner. **Nature Genetics**, v. 25, p.279-283, 2000.

GOLDAMMER, T., BRUNNER, R. M., VANSELOW, J., ZSOLNAI, A., FURRBASS, R., SCHWERIN, M. Assignment of the bovine aromatase encoding gene CYP19 to 10q26 in goat and 7q24-q31 in sheep. **Cytogenetic Cell Genetic**. v.85, p. 258–259, 1999.

GONZÁLEZ, F. H. D. **Características dos hormônios**. In: Introdução a endocrinologia veterinária. www.ufrgs.br/favet/bioquimica/posgrad/. 2002. Acesso: Out. 2007.

GRATTAPAGLIA, D. Testes de DNA para maciez da carne. Palestra, In: IV Simpósio Nacional das Raças Simental e Simbrasil, Junho 2004. São Paulo-SP.

HANRAHAN, J. P., GREGAN, S. M., MULSANT, P., MULLEN, M., DAVIS, J. H., POWELL, R., GALLOWAY, S. M. Mutations in the genes for oocyte-derived growth factors GDF9 and BMP15 are associated with both increased ovulation rate and sterility in Cambridge and Belclare sheep (*Ovis aries*). **Biology of Reproduction**, v. 70, p.900-909, 2004.

HEDIGER, R., ANSARI, R. H., STRANZIGER, G. F. Chromosome banding and gene localizations support extensive conservation of chromosome structure between cattle and sheep. **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 57, p.127, 1991.

HEINE, P. A., TAYLOR, J. A., IWAMOTO, G. A., LUBAHN, D. B., COOKE, P. S. Increased adipose tissue in male and female estrogen receptor-alpha knockout mice. **Proc. Natl. Acad. Sci.** v. 97, p.12729–12734, 2000.

HEINE, P. A., TAYLOR, J. A., IWAMOTO, G. A., LUBAHN, D. B., COOKE, P. S. Increased adipose tissue in male and female estrogen receptor-alpha knockout mice. **Proceedings of the National Academy of Sciences, USA**, v. 97, p.12729–12734, 2000.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph, Guelph. 462p, 1984.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush. American Society of Animal Science, Champaign, III, p.10-41, 1973.

HOFFMANN, B., WAGNER, W. C., HIXON, J. E., BAHR, J. Observations concerning the functional status of the corpus luteum and the placenta around parturition in the cow. **Animal Reproduction Science**, v. 2, p.253-266, 1979.

IBGE. Pesquisa Agropecuária Municipal. < <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pecua/> >. Acesso em: 12 dez. 2007.

JACKSON, S. P., GREEN, R. D. Muscle trait inheritance, growth performance and feed efficiency of sheep exhibiting a muscle hypertrophy phenotype. **Journal of Animal Science**, v. 71(Suppl. 1), p.241, 1993.

JACKSON, S. P., MILLER, M. F., GREEN, R. D. The effect of a muscle hypertrophy gene on muscle weights of ram lambs. **Journal of Animal Science**, v. 71(suppl. 1), p.146, 1993a.

JACKSON, S. P., MILLER, M. F., GREEN, R. D., BRDECKO, K. S. Carcass characteristics of Rambouillet ram lambs with genetic muscle hypertrophy. **Journal of Animal Science**, v.71 (supl. 1), p.147. 1993b.

JONES, M. E., THORBURN, A. W., BRITT, K. L., HEWITT, K. N., WREFORD, N. G., PROIETTO, J., OZ, O. K., LEURY, B. J., ROBERTSON, K. M., YAO, S., SIMPSON, E. R. Aromatase-deficient (ArKO) mice have a phenotype of increased adiposity. **Proc. Natl. Acad. Sci.** 97:12735–12740, 2000.

JOPSON N. B., NICOLL, G. B., STEVENSON-BARRY, J. M., DUNCAN, S., GREER, G. J., BAIN, W. E., GERARD, E. M., GLASS, B. C., BROAD, T. E., MCEWAN, J. C. Mode of inheritance and effects on meat quality of the rib-eye muscling (REM) QTL in sheep. **Proceedings of the Association for Advancement in Animal Breeding and Genetics**, v. 14, p.111-114, 2001.

KIJAS ET, J. W., McCULLOCH, R., EDWARDS, J. E. H., ODDY, V. H., LEE, S. H., van der WERF, J. Evidence for multiple alleles affecting muscling and fatness at the ovine *gdf8* locus. **BMC Genetics**, v.8:80, p.1-11, 2007.

KOOHMARAIE, M., KENT, M., SHACKELFORD, S., VEISETH, E., WHEELER, T. Meat tenderness and muscle growth: is there any relationship? **Meat Science**, v. 62(3), p.345-352, 2002.

- KOOHMARIE, M., SHACKELFORD, S. D., WHEELER, T. L., LONERGAN, S. M., DOUMIT, M. E. A muscle hypertrophy condition in lamb (Callipyge): Characterization of effects on muscle growth and meat quality traits. **Journal of Animal Science**, v. 73, p.3596-3607, 1995.
- LANDE, R., THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, v. 124, p.743-756, 1990.
- LIU, Y., ZENG, Z. B. Mixture model equations for marker-assisted genetic evaluation. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, p.229-239, 2005.
- LÔBO, R. N. B. As avaliações genéticas e o melhoramento de caprinos e ovinos. **Boletim pecuário**. www.boletimpecuario.com.br. 2005. Belo Horizonte.
- LÔBO, R. N. B. **Melhoramento genético de caprinos e ovinos: desafios para o mercado**. Sobral, CE: Embrapa Caprinos (Embrapa Caprinos. Documentos 39. 36p), 2002.
- LÔBO, R. N. B., LÔBO, A. M. B. O. Melhoramento Genético como Ferramenta para o Crescimento e o Desenvolvimento da Ovinocultura de Corte. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 31, p. 247-253, 2007.
- MADDOX, J. F., DAVIES, K. P., CRAWFORD, A. M., HULME, D. J., VAIMAN, D., CRIBIU, E. P., FREKING, B. A., BEH, K. J., COCKETT, N. E., KANG, N., RIFFKIN, C. D., et al. An enhanced linkage map of the sheep genome comprising more than 1000 loci. **Genome Research**, v. 11, p.1275–1289, 2001.
- MARIA, G. A., BOLDMAN, K. G., VAN VLECK, L. D. Estimates of variance due to direct and maternal effects for growth traits of Romanov sheep. **Journal of Animal Science**, v. 71, p.845-849, 1993.
- MATIKA, O., PONG-WONG, R., WOOLLIAMS, J. A., LOW, J., NIEUWHOF, G. J., BOON, S., BISHOP, S. C. Verifying quantitative trait loci for muscle depth in commercial terminal sire sheep. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Agost., 2006. Belo Horizonte, MG. **Anais...** Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

MCEWAN, J. C., GERARD, E. M., JOPSON, N. B., NICOLL, G. B., GREER G. J., DODDS, K. G., BAIN, W. E., BURKIN, H. R., LORD, E. A., BROAD, T. E. Location of a QTL for rib-eye muscling on OAR18. **Animal Genetics**, v. 29 (supl. 1), p.66, 1998..

MCMANUS, C., MIRANDA, R. M. de,. Estimativas de parâmetros genéticos em ovinos Bergamácia. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.5, p.916-921, 1998.

MCRAE, A. F., BISHOP, S. C., WALLING, G. A., WILSON, A. D., VISSCHER, P. M. Mapping of multiple quantitative trait loci for growth and carcass traits in a complex commercial sheep pedigree. **Animal Science**, v. 80, p.135-141, 2005.

MOGHADDAR, N., MARSHALL, K., VAN DER WERF, J. H. J. Quantitative trait loci mapping for growth and wool traits in Australian merino sheep. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August, 2006. Belo Horizonte, MG. **Anais...** Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

MONTGOMERY, G. W., CRAWFORD, A. M., PENTY, J. M., DODDS, K. G., EDE, A. J., HENRY, H. M., PIERSON, C. A., LORD, E. A., GALLOWAY, S. M., SCHMACK, A. E., et al. The ovine Booroola fecundity gene (FecB) is linked to markers from a region of human chromosome 4q. **Nature Genetics**, v. 4, p.410-414, 1993.

MORISHIMA, A., GRUMBACH, M. M., SIMPSON, E. R., FISHER, C., QIN, K. Aromatase deficiency in male and female siblings caused by a novel mutation and the physiological role of estrogens. **Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism**, v.80, p.3689-98, 1995.

MOUSA, E., VAN VLECK, L. D., LEYMASTER, A. Genetic parameters for growth traits for a composite terminal sire breed of sheep. **Journal of Animal Science**, v.77, p.1659-1665, 1999.

MUIR, M. W. Comparison of genomic and traditional BLUP-estimated breeding value accuracy and selection response under alternative trait and genomic parameters. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p.342-355, 2007.

MULSANT, P., LECERF, F., FABRE, S., SCHIBLER, L., MONGET, P., LANNELUC, I., PISSELET, C., RIQUET, J., MONNIAUX, D., CALLEBAUT, I., et al. Mutation in bone morphogenetic protein receptor – IB is associated with increased ovulation rate in Booroola

Merino ewes. **Proceedings of the National Academy Science, USA**, v. 98, p.5104-5109, 2001.

NELSON, D. R., KAMATAKI, T., WAXMAN, D. J., GUENGERICH, F. P., ESTABROOK, R. W., FEYEREISEN, R., GONZALEZ, F. J., COON, M. J., GUNSALUS, I. C., GOTOH, O., et al. The P450 superfamily: update on new sequences, gene mapping, accession numbers, -early trivial names of enzymes, and nomenclature. **DNA and Cell Biology**, v. 12, p. 1-51, 1993.

NICOLL, G. B., BURKIN, H. R., BROAD, T. E., JOPSON, N. B., GREER, G. J., BAIN, W. E., WRIGHT, C. S., DODDS, K. G., FENNESSY, P. F., MCEWAN, J. C. Genetic linkage of microsatellite markers to the *Carwell* locus for rib-eye muscling in sheep, In: Proc. 6th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., 11-16 January 1998, Vol. 26, University of New England, Armidale, NSW, Australia, p.529–532, 1998.

NOTTER, D., BAKER, R. L., COCKETT, N. The outlook for quantitative and molecular genetic applications in improving sheep and goats. **Small Ruminant Research**, v. 70, p.1-3, 2007.

PALMER, B. R., ROBERTS, N., HICKFORD, J. G., BICKERSTAFFE, R. Rapid communication: PCR-RFLP for MspI and NcoI in the ovine calpastatin gene. **Journal of Animal Science**, v. 76, p.1499-1500, 1998.

PALMER, B. R., SU, H. Y., ROBERTS, N., HICKFORD, J. G., BICKERSTAFFE, R. Single nucleotide polymorphisms in an intron of the ovine calpastatin gene. **Animal Biotechnology**, v. 11, p.63-67, 2000.

PARISET, L., CAPPUCCIO, I., AJMONE-MARSAN, P., BRUFORD, M., DUNNER, S., CORTES, O., ERHARDT, G., PRINZENBERG, E. M., GUTSCHER, K., JOOST, S., PINTO-JUMA, G., NIJMAN, I. J., et al. Characterization of 37 breed-specific single-nucleotide polymorphisms in sheep. **Journal of Heredity**, v.97, p.531-534, 2006.

PAYEN E, SAIDI-MEHTAR N, PAILHOUX E, COTINOT C. Sheep gene mapping: assignment of ALDOB, CYP19, WT and SOX2 by somatic cell hybrid analysis. **Animal Genetics**. v.26, n.5, p.331-333, 1995.

PIPER L. R., BINDON, B. M. The Booroola Merino and the performance of medium non-peppin crosses at Armidale, In: Piper, L. R., Bindon, B. M. (Edits). The Booroola Merino, Proceedings of a Workshop, Armidale. Agost. 1980, CSIRO, p.9-19, 1982.

RAO, C. R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. **Journal of Multivariate Analysis**, v.1, p.445-452, 1973.

RESENDE, M. D. V. DE, PEREZ, J. R. H. R. Melhoramento animal: predição de valores genéticos pelo modelo animal – BLUP em bovinos de leite, bovinos de corte, ovinos e suínos. **Archives of Veterinary Science**, v.4, p.17-29, 1999.

ROBERTS, N., PALMER, B., HICKFORD, J. G., BICKERSTAFFE, R. PCR-SSCP in the ovine calpastatin gene. **Animal Genetics**, v.27, p.211, 1996.

ROTHSCHILD, M. F., SOLLER, M. Candidate gene analysis to detect genes controlling of economic importance in domestic livestock. In: Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento Animal, Viçosa –MG. **Anais...** Viçosa: UFV, 1999. p.219-242.

SADIGHI, M., BODENSTEINER, K. J., BEATTIE, A. E., GALLOWAY, S. M. Genetic mapping of ovine growth differentiation factor 9 (GDF9) to sheep chromosome 5. **Animal Genetics**, v.33, p.244–245, 2002.

SARMENTO, J. L. R., TORRES, R. A., SOUSA, W. H., PEREIRA, C. S., LOPES, P. S., BREDA, F. C. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterística. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.581-589, 2006.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT. **User's Guide, version 6.11.** 4th Ed., v.2., Cary: SAS Institute Inc.. 1996. 842p.

SHAHROUDI, F. E., NASSIRY, M. R., VALIZADH, R., MOUSSAVI, A. H., POUR, M. T., GHIASI, H. Genetic polymorphism at *MTNR1A*, *CAST* and *CAPN* loci in Iranian Karakul sheep. **Iranian journal of Biotechnology**, v.4, p.117-122, 2006.

SIMPSON, E. R., MAHENDROO, M. S., MEANS, G. D., KILGORE, M. W., HINSHELWOOD, M. M., GRAHAM-LORENCE, S., AMARNEH, B., ITO YUJI., FISHER, C. R., MICHAEL, M. D., MENDELSON, C. R., BULUN, S. E. Aromatase cytochrome P450,

the enzyme responsible for estrogen biosynthesis. **Endocrine Reviews**, v.15, p.342-355. 1994.

SIMPSON, E., RUBIN, G., CLYNE, C., ROBERTSON, K., O'DONNELL, L., JONES, M., DAVIS, S. The Role of Local Estrogen Biosynthesis in males and females. **Trends in Endocrinology and Metabolism** v.11, p.184–188, 2000.

SOLLER, M. Candidate genes as QTL. In: plant & animal genome vi conference, 6, 1998, San Diego. **Proceedings...** San Diego, 1998.

SOUSA, J. E. R. de, OLIVEIRA, S. M. P. de, LIMA, F. A. M., SILVA, F. L. R., SILVA, M. A. Efeitos genéticos e de ambiente para características de crescimento em ovinos Santa Inês no Estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v. 37, p.354-368, 2006.

SOUSA, W. H., PEREIRA, C. S., BERGMANN, A. G., SILVA, F. L. R. Estimativas de componentes de (Co) variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.1252-1262, 1999.

SOUZA, C. J., MACDOUGALL, C., CAMPBELL, B. K., MCNEILLY, A. S., BAIRD, D. T. The Booroola (FecB) phenotype is associated with a mutation in the bone morphogenetic receptor type I B (BMPRII) gene. **Journal Endocrinology**, v.169, p.1-6, 2001.

THORBURN, G. D., CHALLIS, J. R. Endocrine control of parturition. **Physiological Reviews**, v.59, p.863-918, 1979.

TOSH, J. J., KEMP, R. A. Estimation of variance components for lamb weights in three sheep populations. **Journal of Animal Science**, v.72, p.1184-1190, 1994.

VANSELOW, J., FÜRBASS, R., ZSOLNAI, A., KALBE, C., SAID, H. M., SCHWERIN, M. Expression of the aromatase cytochrome P450 encoding gene in cattle and sheep. **Journal Steroid Biochemistry and Molecular Biology**, v.79, p.279–288, 2001.

VANSELOW, J., ZSOLNAI, A., FESÜS, L., FÜRBASS, R., SCHWERIN, M. Placenta-specific transcripts of the aromatase encoding gene include different untranslated first exons in sheep and cattle. **European Journal of Biochemistry**, v.265, p.318-324, 1999b.

VANSELOW, J., ZSOLNAI, A., FÉBUS, L., SCHIMIDT, P., SCHWERIN, M. A *Bsp143I* PCR-RFLP in exon 3 of the ovine aromatase gene (*CYP19*). **Animal Genetics**, v.30, p.382-405, 1999a.

VIGNAL, A., MILAN, D., SAN CRISTOBAL, M., EGGEN, A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. **Genetics Selection Evolution**, v.34, p.275–305, 2002.

VUOCOLO, T. B., BYRNE, K., WHITE, J., MCWILLIAM, S., REVERTER, A., COCKETT, N. E., TELLAM, R. L. Identification of a gene network contributing to hypertrophy in callipyge skeletal muscle. **Physiological Genomics**, v.28, p.253-272, 2007.

WALLING, G. A., VISSCHER, P. M., SIMM, G., BISHOP, S. C. Confirmed linkage for QTLs affecting muscling in Texel sheep on chromosomes 2 and 18, In: Proceedings of the 52nd Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 26–29 August 2001, Budapest, Hungary, Paper G5.6, 2001.

WALLING, G. A., VISSCHER, P. M., WILSON, A. D., MCTEIR, B. L., SIMM, G., BISHOP, S. C. Mapping of quantitative trait loci for growth and carcass trait in commercial sheep populations. **Journal of Animal Science**, v.82, p.2234-2245, 2004.

WENDORF, G. L., LAWYER, M. S., FIRST, N. L. Role of the adrenals in the maintenance of pregnancy in cows. **Journal of Reproduction and Fertility**, v.68, p.281-287, 1983.

WILSON, T., WU XI-YANG, JUENGEL, J. L., ROSS, I. K., LUMSDEN, J. M., LORD, E. A., DODDS, K. G., WALLING, G. A., MCEWAN, J. C., O'CONNELL, A. R., MCNATTY, K. P., MONTGOMERY, G. W. Highly prolific Booroola sheep have a mutation in the intracellular kinase domain of bone morphogenetic protein IB receptor (ALK-6) that is expressed in both oocytes and granulosa cells. **Biology of Reproduction**, v.64, p.1225-1235, 2001.

WOLF, B. T., JONES, D. A., OWEN, M. G. Carcass composition, conformation and muscularity in Texel lambs of different breeding history, sex, and leg shape score. **Journal of Animal Science**, v.72, p.465–475, 2001.

ZHOU, H., HICKFORD, J. G. H., GONG, H. Polymorphism of the calpastatin gene. **Molecular and Cell Probes**, v.21, p.242-244, 2006.

ZSOLNAI, A., ANTON, I., FÉSÜS, L., ESTONBA, A., SCHWERIN, M., VANSELOW, J.
Allele distributions of two novel SNPs within the sheep Cyp19 gene. **Journal of Animal
Breeding and Genetics**, v.119, p.402-405, 2002.

ANEXOS

Anexo 1. Resumo das análises de variância considerando o efeito do genótipo do animal para o gene da aromatase sobre os pesos ao nascimento (PN), ao desmame (PD) e a um ano de idade (P1) mensurados no indivíduo genotipado

	Característica		
	PN	PD	P1
Número de observações	100	94	34
Média ± Desvio (kg)	3,90 ± 0,62	15,15 ± 2,40	39,94 ± 4,06
R ²	0,84	0,85	0,95
Efeitos	Quadrado Médio		
Grupo Contemporâneo	1,2629**	10,4967 *	38,1930 ^{ns}
Genótipo do Animal	0,1674 ^{ns}		
Idade da Mãe ao Parto	0,9352 ^{ns}	6,8602 ^{ns}	
Genótipo*Grupo Genético do Animal	14,7660 ^{ns}	14,7660 ^{ns}	129,3428 *
Idade do Animal	70,4875 **	70,4875 **	38,7405 ^{ns}

** P<0,01, * P<0,05, ^{ns} P>0,05

Anexo 2. Resumo das análises de variância considerando o efeito do genótipo do animal para o gene da aromatase sobre os ganhos de peso médios diários do nascimento ao desmame (Gn_d) e do desmame a um ano de idade (Gdes_ano) mensurados no indivíduo genotipado

	Característica	
	Gn_d	Gdes_ano
Número de observações	93	30
Média ± Desvio (g)	206,31 ± 37,37	81,75 ± 10,86
R ²	0,85	0,95
Efeitos	Quadrado Médio	
Grupo Contemporâneo	3171,37 *	334,43 ^{ns}
Idade da Mãe ao Parto	1641,39 ^{ns}	
Genótipo*Ração do Animal	5783,76 **	820,42 *
Idade do Animal	59,96 ^{ns}	13,96 ^{ns}

** P<0,01, * P<0,05, ^{ns} P>0,05

Anexo 3. Resumo das análises de variância considerando o efeito do genótipo ou da interação genótipo*grupo genético da mãe sobre os pesos corporais ao nascimento (PN), ao desmame (PD), ao abate e a um ano de idade (P1) mensurados nas crias das matrizes genotipadas

	Característica			
	PN	PD	PA	P1
Número de observações	359	267	25	30
Média ± Desvio Padrão (kg)	3,82 ± 0,60	15,09 ± 2,24	30,34 ± 2,70	39,70 ± 4,92
R ²	0,72	0,77	0,82	0,79
Efeitos	Quadrado Médio			
Grupo Contemporâneo	0,5738 **	10,0601 **	18,2733 ^{ns}	28,5662 ^{ns}
Idade da Mãe ao Parto	1,2313 **			
Grupo Genético*Genótipo da Mãe	1,0427 **	15,6378 **		
Idade do Animal		84,1118 **	53,8701 ^{ns}	28,3727 ^{ns}
Genótipo da Mãe			0,099 ^{ns}	3,7131 ^{ns}

** P<0,01, * P<0,05, ^{ns} P>0,05

Anexo 4. Resumo das análises de variância considerando o efeito do genótipo ou da interação genótipo*grupo genético da mãe sobre os ganhos de peso médio diário do nascimento ao desmame (Gn_d), do desmame ao abate (Gdes_abat) e do desmame a um ano de idade (Gdes_ano) mensurados nas crias das matrizes genotipadas

	Característica		
	Gn_d	Gdes_abat	Gdes_ano
Número de observações	266	24	26
Média ± Desvio Padrão (g)	221,81 ± 44,07	185,79 ± 34,98	82,44 ± 8,02
R ²	0,76	0,94	0,93
Efeitos	Quadrado Médio		
Grupo Contemporâneo	3572,57 **	3375,41 ^{ns}	233,21 ^{ns}
Grupo Genético*Genótipo da Mãe	4914,68 *		
Idade do Animal	41864,88 **	4391,85 ^{ns}	969,64 *
Grupo Genético	5259,35 **		
Genótipo da Mãe		65,96 ^{ns}	61,95 ^{ns}

** P<0,01, * P<0,05, ^{ns} P>0,05

Anexo 5. Resumo das análises de variância considerando o efeito do genótipo do animal para o gene da aromatase ou interação genótipo*grupo genético sobre as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IP), período de gestação (PG) e dias para o parto (DP) mensuradas nas matrizes genotipadas

	Característica			
	IPP	IP	PG	DP
Número de observações	47	135	185	37
Média ± Desvio Padrão (dia)	494,78 ± 39,59	254,78 ± 28,46	150,02 ± 2,61	166,11 ± 9,46
R ²	0,96	0,89	0,86	0,73
Efeitos	Quadrado Médio			
Grupo Contemporâneo	6992,66 ^{ns}	1399,67 ^{ns}	8,6266 ^{ns}	88,7601 ^{ns}
Genótipo do Animal	18952,50**	2312,34 ^{ns}	2,1795 ^{ns}	313,6333 ^{ns}
Grupo Genético	21618,52**		30,8349**	
Grupo Genético*Genótipo	19526,78**		3,9071 ^{ns}	

** P<0,01, * P<0,05, ^{ns} P>0,05

Anexo 6. Resumo das análises de variância considerando o efeito do genótipo do animal para o gene da aromatase e ou da interação genótipo*tipo genético sobre as características de habilidade materna peso total de crias nascidas por matriz (PTCN) e peso total das crias desmamadas por matriz (PTCD) mensuradas nas matrizes genotipadas

	Característica	
	PTCN	PTCD
Número de observações	185	130
Média ± Desvio Padrão (kg)	4,86 ± 0,69	17,84 ± 2,93
R ²	0,96	0,95
Efeitos	Quadrado Médio	
Grupo Contemporâneo	3,2344**	34,7198**
Genótipo do Animal	0,2064 ^{ns}	10,7802 ^{ns}
Grupo Genético*Genótipo		15,5906 ^{ns}
Idade do Animal		25,8249 ^{ns}
Grupo Genético		6,1209 ^{ns}

** P<0,01, * P<0,05, ^{ns} P>0,05