UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE
ALIMENTOS

Luís Gustavo Girardi Figueiredo

Efeito da proporção de DNA de origem *Bos taurus* em características ligadas a precocidade sexual e de acabamento na raça Nelore

Pirassununga
2005

Luís Gustavo Girardi Figueiredo

Efeito da proporção de DNA de origem *Bos taurus* em características ligadas a precocidade sexual e de acabamento na raça Nelore

Tese apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do Título de Doutor em Zootecnia.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Pirassununga
2005

FICHA CATALOGRÁFICA

preparada pela

Biblioteca da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo

F475e

Figueiredo, Luís Gustavo Girardi

Efeito da proporção de DNA de origem *Bos taurus* em características ligadas a precocidade sexual e de acabamento na raça Nelore / Luís Gustavo Girardi Figueiredo – Pirassununga, 2005.

69 f.

Tese (Doutorado) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos -- Universidade de São Paulo.

Departamento de Ciências Básicas.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler.

Unitermos: 1. DNA mitocondrial 2. Linha materna
3. Bovino de corte 4. DNA satélite 5. Raça Nelore I. Título.

Dedico

Aos meus Pais, Antonio e Vera, por todo amor e apoio incondicional.

À Paula, minha mulher e amiga, que soube me dar forças em momentos difíceis e compartilha comigo aprendizados e conquistas.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus que permitiu estar aqui, neste momento, entre pessoas amigas.

Ao Professor Doutor Joanir Pereira Eler pela orientação, não somente em minha vida acadêmica, mas também em minha vida profissional.

Aos Professores Doutor José Bento Sterman Ferraz e Dr. Júlio César de Carvalho Balieiro por suas importantes colaborações no projeto e principalmente pela amizade e compreensão.

Especialmente à Elisângela, pela amizade e apoio em momentos importantes.

À Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, pela importância em toda minha formação.

À Fazenda Mundo Novo de Uberaba, principalmente ao senhor Eduardo Penteado Cardoso, pela oportunidade da realização deste trabalho.

À FAPESP pelo apoio financeiro dado a este projeto.

Aos colegas do GMA, pela convivência e pelas conversas produtivas.

Aos funcionários da FZEA, que de alguma maneira contribuíram com o desenvolvimento deste projeto.

Ao Buddy e Tina por mostrarem que a vida é cheia de recepções calorosas e alegres.

A todos que de alguma maneira ajudaram neste projeto ou no enriquecimento de minha formação profissional e humana.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Exemplares de Touros Ongole	18
Figura 2 – Manoel Uberlhart Lemgruber e o Touro Piron	19
Figura 3 – Mitocôndria (A) e DNA Mitocondrial (B).....	21
Figura 4 – Esquema do DNA mitocondrial de <i>Bos indicus</i>	38
Figura 5 – Resultado da digestão com enzima de restrição <i>Hind</i> III na análise do DNA mitocondrial de bovinos da raça Nelore. Animais com mtDNA <i>Bos indicus</i> (i) e Animais com mtDNA <i>Bos taurus</i> (t). Φ X: marcador de peso molecular	41
Figura 6 – Genótipos encontrados para o DNA Satélite 1711b após digestão com a enzima <i>Msp</i> I.	42
Figura 7 – Proporções da variância total devida aos efeitos genéticos diretos (h_a^2), efeitos genéticos maternos (h_m^2), efeitos de ambiente permanente (c_{ep}^2), efeitos de linhagem materna (c_{lc}^2), efeito do DNA mitocondrial (c_{mt}^2) e efeitos residuais (e^2) para perímetro escrotal aos 18 meses.	52

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Registro cronológico das entradas de gado Zebu no Brasil.....	14
Tabela 2 – Número de observações (N), herdabilidade direta (h_a^2) e herdabilidade materna (h_m^2) das características de desenvolvimento ponderal	26
Tabela 3 – Médias ($\bar{X}_{IPP}$) das idades ao primeiro parto, coeficientes de herdabilidade (h^2) e número de observações (N) encontrados em estudos de idade ao primeiro parto realizados no Brasil, envolvendo a raça Nelore.	28
Tabela 4 – Número de observações (N), Média, Desvio padrão (DP), Mínimo (Min) e Máximo (Max) dos valores de endogamia da Fazenda Mundo Novo. 32	
Tabela 5 – Número de observações (N), Média, Desvio padrão (DP), Mínimo (Min) e Máximo (Max) das características de produção da Fazenda Mundo Novo	33
Tabela 6 – Programa utilizado na amplificação do Satélite 1711b.....	39
Tabela 7 – Possíveis fragmentos após digestão do DNA satélite 1711b.....	39
Tabela 8 – Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeitos direto e materno em sua modelagem tradicional.	45
Tabela 9 – Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam apenas efeito direto em sua modelagem tradicional.	45

Tabela 10 – Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam apenas efeito direto em sua modelagem tradicional, com a inclusão de efeito materno, além dos efeitos aleatórios não correlacionados de linha materna e mtDNA.....	45
Tabela 11 – Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeito direto com os incluem além de efeito direto, o efeito materno e os efeitos aleatórios de linha materna e mtDNA, para as características de peso aos 18 meses e perímetro escrotal ao 18 meses (Modelo 1).....	46
Tabela 12 – Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeito direto e efeito aleatório de linha materna com os incluem além de efeito direto, o efeito materno e os efeitos aleatórios de linha materna e mtDNA, para as características de peso aos 18 meses e perímetro escrotal ao 18 meses (Modelo 2)..	46
Tabela 13 – Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeito direto e efeito aleatório de mtDNA com os incluem além de efeito direto, o efeito materno e os efeitos aleatórios de linha materna e mtDNA, para as características de peso aos 18 meses e perímetro escrotal ao 18 meses (Modelo 3)..	47
Tabela 14 – Parâmetros Genéticos das características de desenvolvimento ponderal analisados através dos diversos modelos estudados.....	50
Tabela 15 – Herdabilidades, correlações, contribuições do ambiente permanente, da linha materna, do mtDNA e residual.	51
Tabela 16 – Coeficientes de herdabilidade (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal) obtidos em análises bi-característica	54

Tabela 17 – Descrição dos valores genéticos diretos estimados para os modelos 4, 5 e 6, com número de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo dos valores genéticos das características.	55
Tabela 18 – Descrição dos valores genéticos diretos estimados para os modelos 1, 2 e 3, com número de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo dos valores genéticos das características.	55
Tabela 19 – Descrição dos valores genéticos maternos estimados para os modelos 4, 5 e 6, com número de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo dos valores genéticos das características. ...	56
Tabela 20 – Dados descritivos de valores genéticos estimados pelo Modelo 1 para P18 e PE18 e pelo modelo 4 para PN, P120, PD e P12	57
Tabela 21 – Média e Número de observações (N) por padrão de DNA satélite para as características P18 e PE18 (modelo1) e PN, P120, PD e P12 (modelo4).....	58

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	11
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1. O Nelore	13
2.2. DNA Mitocondrial (mtDNA)	20
2.3. Efeito das linhagens citoplasmáticas na avaliação genética animal	23
2.4 DNA Satélite (stDNA)	24
2.5. Características de Desenvolvimento Ponderal	25
2.6. Características Reprodutivas	26
2.7. Características de Carcaça	29
3. MATERIAL E MÉTODOS	31
3.1. Caracterização do Rebanho e Formação do Banco de Dados	31
3.2. Modelos	34
3.1.1. Estimação do Efeito da Inclusão de Linha Materna e DNA Mitocôndrial	35
3.1.2. Estimação dos Parâmetros Genéticos de Características de Ultrassom e Idade ao Primeiro Parto	36
3.3. Programas	36
3.3.1. MTDFREML	36
3.3.2. LINMAT	37
3.4. Extração do DNA	37
3.5. DNA Mitocondrial (mtDNA).	38
3.6. PCR RFLP do Satélite 1711b	39
3.7. Análises Estatísticas	40
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
4.1. Análises Genético-Moleculares	41
4.1.1. DNA Mitocondrial.....	41
4.1.2. DNA Satélite	42

4.2. Análises do Efeito de Linha Materna e do DNA Mitocondrial	44
4.2.1. Teste de Máxima Verossimilhança	44
4.2.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos	48
4.2.2.1. Características de Desenvolvimento Ponderal	48
4.2.2.2. Características Reprodutivas de e Carcaça	53
4.3. Avaliação Genética	55
 5. CONCLUSÕES E IMPLICAÇÕES	59
 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	60

RESUMO

FIGUEIREDO L.G.G. **Efeito da proporção de DNA de origem *Bos taurus* em características ligadas à precocidade sexual e de acabamento na raça Nelore.** 2005. 69 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

O presente trabalho teve como objetivos estimar os efeitos da inclusão de linha materna e do DNA mitocondrial (mtDNA) nos modelos de avaliação genética, avaliar o efeito do DNA satélite em características de desenvolvimento ponderal, bem como estimar parâmetros genéticos para características de carcaça e idade ao primeiro parto. Análises do mtDNA foram realizadas a partir de sangue coletado de 457 animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber. Para as características de desenvolvimento ponderal foram analisados 14.432 registros de produção relacionados com 16.561 animais no pedigree. Para característica reprodutiva e as de carcaça foram analisados 4.621 registros de idade ao primeiro parto e 951 registros de área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea, relacionados com 7.135 registros de pedigree. As estimativas dos efeitos de linha materna e DNA mitocondrial foram analisadas sob 5 modelos diferentes. Os componentes de (co)variância para idade ao primeiro parto e características carcaça foram estimados em análises uni e bicaracterísticas. Não foram encontrados efeitos significativos de linhagem materna ou de DNA mitocondrial sobre as características de produção. Entretanto, foi verificado que animais com mitocôndria de origem *Bos taurus*, apresentam uma pequena superioridade na média de seus valores genéticos para as características de desenvolvimento ponderal. Animais com padrão de DNA satélite B tiveram suas médias ligeiramente superiores aos outros padrões. Os efeitos da precocidade de acabamento sobre a precocidade sexual devem ser avaliados utilizando-se estruturas de dados mais adequadas.

Palavras Chaves: DNA mitocondrial, Linha materna, Bovino de corte, DNA satélite, Raça Nelore

ABSTRACT

FIGUEIREDO L.G.G. **Effect of *Bos taurus* DNA proportion in sexual precocity traits and backfat thickness in Nellore breed.** 2005. 69 f. Ph.D. Thesis – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

The aim of this research was to estimate the effect of the maternal lineage and mitochondrial DNA inclusion in the genetic evaluation model for growth traits, to evaluate the satellite DNA effect in these traits and to estimate genetic parameters for carcass traits and age at first calving. Blood samples were collected to mtDNA analysis from 457 Nellore cattle. Growth traits were analyzed from 14,432 production data and 16,561 pedigree data. Reproductive and carcass traits were analyzed from 4,621 age at first calving data and 951 loin-eye area and subcutaneous fat thickness data related to 7,135 pedigree data. Maternal lineage and mitochondrial DNA estimative were analyzed under 5 different models, (co)variance components for age at first calving and carcass traits were estimated in single and multiple-trait. There were no significant effects of maternal lineage or mitochondrial DNA related to production traits, but animals harboring *Bos taurus* mtDNA showed a low superiority on breeding values average for growth traits and animals harboring satellite DNA B pattern also showed a low superiority related to the other patterns. Further studies are suggested to evaluate the backfat thickness precocity effect related to sexual precocity.

Key Words: mitochondrial DNA, maternal lineage, Beef cattle, satellite DNA, Nellore breed.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é detentor do maior rebanho bovino comercial do mundo, com aproximadamente 165 milhões de cabeças (ANUALPEC, 2004) e se destaca também na produção e exportação de carne, com uma produção de aproximadamente 7 milhões de toneladas de equivalente carcaças em 2004 (IBGE, 2005).

O rebanho brasileiro é formado por animais de origem européia (*Bos taurus*), animais de origem indiana (*Bos indicus*) e seus cruzamentos, sendo que 80% deste rebanho, apresenta alguma composição genética de origem zebuína (SIMÃO, 2005).

Os zebuínos brasileiros foram formados, preponderantemente, por cruzamentos absorventes com vacas de origem *Bos taurus*, descendentes dos animais europeus introduzidos pelos portugueses e espanhóis no continente americano. Esse fato faz com que nossos zebuínos tenham certa proporção de DNA de origem *Bos taurus*. Dentre as raças zebuínas, a que mais se destaca é a Nelore, pois é responsável por 80% dos registros genealógicos de nascimento e definitivos feitos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu no período de 1939 a 2004 (ABCZ, 2005). O Nelore também foi responsável por 43% do sêmen comercializado em 2004 (ASBIA, 2005) e tem sistematicamente ocupado lugar de destaque no processo de produção de carne (LUCHIARI FILHO, 2001).

Com a abertura de novos mercados internacionais e a maior exigência de qualidade no mercado interno, houve a necessidade da introdução de novas tecnologias e, principalmente, a mudança do modo de pensar do produtor. A eficiência dos sistemas de produção, bem como a lucratividade do mesmo, tornaram-se objetivos primordiais e conceitos tão relevantes, anteriormente ignorados, como melhoramento genético e nutricional, eficiência reprodutiva e qualidade do produto final, tornando-se comuns na linguagem do produtor de hoje. Assim, o aumento da produtividade e a melhoria da qualidade dos produtos, sempre a custos minimizados, tornou-se o enfoque essencial à sobrevivência no *agribusiness* da pecuária de corte.

As avaliações genéticas, juntamente com os benefícios valiosos gerados pelas recentes descobertas na área de genética molecular tornaram-se ferramentas importantes para que se tenha uma seleção de animais de alto valor genético com maior eficiência. Segundo Beuzen et al. (2000), a maximização da resposta à seleção tem sido obtida pela utilização de métodos genético quantitativos. Por outro lado, a genética molecular tem gerado contribuições diretas à produção animal, a partir de uma melhor compreensão da estrutura e expressão dos genes e, quando estas informações são combinadas com informações fenotípicas e de pedigree, obtêm-se uma maximização da avaliação genética para a predição do mérito genético dos indivíduos dentro da população.

Os recentes avanços na biologia molecular permitem que se estime a frequência de genes de origem *B. taurus* introgridos em animais *B. indicus*, possibilitando-se assim, estudar seus efeitos em características de desempenho ponderal e de precocidade sexual.

Meirelles et al. (1999), relatam a existência de polimorfismo em genes citoplasmáticos entre animais da raça Nelore oriundos de cruzamentos absorventes de fêmeas de origem européia e machos de origem indiana e animais oriundos de acasalamentos entre animais de origem indiana. Ripamonte (2002) diz que a utilização do marcador satélite 1711b pode auxiliar na estimativa da frequência relativa de seqüências *B. taurus* em um animal *B. indicus* isoladamente.

O principal objetivo deste trabalho foi estimar os efeitos do marcador citoplasmático e do marcador nuclear sobre as características de desempenho ponderal e de precocidade sexual.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1.O NELORE

Os primeiros relatos de atividades pecuárias no Brasil, datam do século XVI ainda no período de colonização, quando foram introduzidos os primeiros animais oriundos de Cabo Verde. Esta introdução foi realizada onde hoje se localiza o Estado da Bahia (FERRAZ, 2005). Houve também a introdução de outras raças originárias da Península Ibérica (Portugal e Espanha). O gado importado e adaptado ao novo ambiente veio a formar os rebanhos denominados crioulos. Neste período, além da produção de carne e leite, os animais também eram utilizados para tração. Na atividade pecuária do século XVII, estavam envolvidas não mais de 13 mil pessoas e um rebanho de cerca de 650 mil cabeças (FERRAZ, 2005).

Os primeiros exemplares de gado zebuino chegaram ao Brasil nos séculos XVII e XVIII junto com os escravos. Esses animais devem ter sido embarcados como reserva de alimento ou mesmo como objeto de transação. Dessa forma, fica evidente, que os primeiro Zebus tenham sido do tipo africano e, só posteriormenste, do indiano (SANTIAGO, 1983). A denominação Zebu veio da Índia juntamente com o gado importado no final do século XIX, e significa terra ou berço sagrado, enfatizando assim, o papel religioso dos bovinos (SANTOS, 1998).

Segundo apresentado por Viacava et al. (2000), a expansão do zebu brasileiro pode ser dividida em quatro fases distintas:

- **1890 a 1920** – Caracterizada pelos cruzamentos desordenados com as raças nativas. Devido a 1ª Guerra Mundial houve um aumento substancial na exportação de carne; neste período houve a maior importação de animais indianos totalizando 1.904 cabeças;
- **1921 a 1945** – Com o aparecimento da peste bovina, em Osasco e Cotia, houve a proibição da importação de animais indianos, ocasionando a falta de reprodutores. Com isso iniciaram os cruzamentos de zebuínos entre si, que culminou com o nascimento

de raças como a Indubrasil, que rapidamente declinou devido à alta endogamia; houve também o surgimento das primeiras provas de ganho de peso;

- **1946 a 1965** – É o período caracterizado pela “pureza racial”. Esta etapa culminou com a última importação de gado zebu da Índia em 1962, em que foram trazidos grandes genearcas, dos quais se originaram as principais linhagens de Nelore hoje existente;
- **1966 a 2005** – Os princípios básicos de Melhoramento Genético começaram a ser aplicados, ocasionando o surgimento das avaliações genéticas, bem como dos sumário de touros, amplamente utilizados nos dias atuais.

Na Tabela 1 é apresentado um registro cronológico das entradas de gado Zebu no Brasil.

Tabela 1 – Registro cronológico das entradas de gado Zebu no Brasil.

Ano	Nº de cabeças	Histórico
1813	2	Um casal de bovinos da costa do Malabar é deixado no porto de Salvador. Seriam esses os responsáveis pelo tipo nacional conhecido por esse nome.
1822	(?)	Entram na Bahia os Zebus que teriam dado origem ao tipo asiático nacional conhecido por Guadamar.
1826	(?)	Gado zebu de origem africana, provavelmente do Nilo, é estabelecido por D. Pedro I na Fazenda Real de Santa Cruz.
1837	1	Um touro indiano entra no Rio de Janeiro, sendo vendido em hasta pública em 30 de setembro do mesmo ano.
1850	1	Um reprodutor indiano, de origem Sindi, é recebido na Bahia pelo Visconde de Paraguaçu.
1854 - 56	(?)	Casais Sindi, vindos da Índia portuguesa, são introduzidos na Baixada Fluminense.
1868	2	Um casal da raça Nelore, destinado à Inglaterra, é

		desembarcado e vendido em Salvador.
1870	1	Data provável da importação de um touro Guzerá para o Barão de Duas Barras, criador em Cantagalo.
1873	1	Navio inglês, com a tripulação revoltada, aporta ao Recife onde deixa um touro, provavelmente Misore.
1875	2	Casal de Zebus chega ao Rio, vindo do Jardim Zoológico de Londres, para o criador fluminense Acácio Américo de Azevedo.
1878	(?)	Lote de reprodutores Nelore, chefiado pelo touro Hanomet, é enviado pela firma Hagenbeck, para Manoel Ubelhart Lemgruber, de Sapucaia.
1880	(?)	Chega ao Rio o segundo lote Nelore, inclusive o reprodutor Nero, de M. U. Lemgruber; Acácio A. Azevedo traz da Inglaterra uma novilha para o Barão do Paraná.
1881	1	Touro Guzerá chega diretamente da Índia para A. A. Azevedo.
1883	(?)	Desembarca no Rio o terceiro lote encomendado a Hagenbeck pelo criador M. U. Lemgruber, cujo reprodutor era Castor.
1887	(?)	Alguns reprodutores são importados por Antonio Lutterbach, para a Fazenda Santo Antonio, no Carmo.
1891	1	Reprodutor Zebu, da Ilha de Madagascar, é enviado por H. G. Saint-Hilaire para Domingos Theodoro de Azevedo.
1890 -95	200	Reprodutores, inclusive muitos Misore, são importados, pela Hagenbeck, para criadores fluminenses.
1898	8	Em sua primeira viagem a Índia, Teófilo de Godoy traz 6 touros e 2 vacas, para criadores de Uberaba.
1904	17	Teófilo de Godoy desembarca em Santos com um lote de 15 animais, para a sua criação, em Araguari. Um casal de Nelore chega de Madras, por iniciativa de J. C. Travassos, para um criador de Passos.
1905	2	Outro casal, Cacique e Araci, de mesma origem, é importado para a Usina Capimirim, do Com. Manoel S. Machado, na Bahia.

1900 - 05	(?)	Pequenos lotes são importados pelas Casas Crashley, Arens e Hopkins para criadores fluminenses.
1906	150	Ângelo Costa traz da Índia 48 cabeças para José Caetano Borges. Aquisições da Casa Arens; da firma Borges & Irmãos e de outras firmas importadoras.
1907	98	Ângelo Costa e Antonio Gonçalves da Costa importam 64 cabeças, enquanto Alberto Parton traz 34, tendo perdido em viagem outros 36 animais.
1908 - 09	200	Compras estimuladas pelo governo mineiro, por intermédio de casas importadoras. Alaôr Prata traz reprodutores para sua criação e para os Borges, Prata e Rodrigues da Cunha.
1910	620	Grandes levas desembarcaram em Santos e no Rio de Janeiro. Do total, 242 exemplares foram importados com auxílio do Ministério da Agricultura, para criadores de Uberaba, Araxá, Sacramento e Cachoeira, no Pará. Compras de Felipe Ache para o governo e para a firma Alexandre, Campos e Cia., de Uberaba.
1911	93	Restante das compras do ano anterior, em parte devida ao Ministério.
1912	12	Destes animais importados, 6 se destinam a Minas Gerais e 3 a criadores baianos
1913	264	Partida adquirida por Armel de Miranda e Georges de Chirée
1914	350	Importação dos criadores mineiros Armel de Miranda (300) e João Martins Borges (50).
1915 - 16	205	Chegam ao Brasil os reprodutores comprados por Celso Rosa (91) e Adelino de Paula Leite (114).
1917 - 18	248	Armel de Miranda e seus companheiros, Josias Ferreira de Moraes e Quirino Pucci, trazem gado do Oriente.
1919	944	Compras de Militino Pinto de Carvalho (72); Josias de Almeida e Antonio Costa; Pedro Santerre Guimarães e Manoel Alves Caldeira Jr. Regressaram da Índia, Virmondes Martins Borges e

		Otaviano Borges, que em diversas viagens trazem 460 reprodutores.
1920	1.904	Desembarcam em Santos 1.006 animais e 989 animais no Rio de Janeiro. Compras de Gabriel Bernardes, Pedro Santerre Guimarães e Manoel A. Caldeira, Manoel de Oliveira Prata e Adroaldo Cunha Campos; Ranulfo Borges do Nascimento, Ismael Machado, Luiz de Oliveira Valle, Godofredo do Nascimento, Armando Veloso, Luitprant Prata, Isídio Pereira e Álvaro Rocha.
1921	171	Chegam os três últimos lotes das compras do ano anterior, inclusive os de Moacir Azevedo e Manoel A. Caldeira Jr.
		Aparecimento da peste bovina, sendo proibida pelo governo federal a importação de gado da Índia.
1930	192	Manoel de Oliveira Prata e Ravísio Lemos conseguem licença para trazer gado da Índia. Desembarque e três meses de quarentena na Ilha do Governador.
		Renova-se a proibição de entrada de gado indiano.
1939	4	Chegam a Santos dois casais de bovinos Africânder, importados por Orlando de Almeida Prado e adquiridos pelo conde Francisco Matarazzo.
1940	1	Reprodutor Zebu americano, proveniente do Texas, é recebido pelo criador Sérgio da Rocha Miranda, de Itaí, SP.
1952	2	Vindos dos EUA, chegam a São Paulo, para a Faculdade de Medicina Veterinária, dois garrotes mestiços Sindi.
1952	31	Vencendo grandes dificuldades, o agrônomo Felisberto de Camargo, diretor do Instituto Agrônomo do Norte, traz do Paquistão um lote Sindi. Desembarque e quarentena na Ilha de Fernando de Noronha.
1955	114	Paulo Roberto Rodrigues da Cunha, a serviço de Joaquim Martins Borges, traz um lote de gado Gir da Índia. Impedido de entrar no país, desembarca o gado na Bolívia que, aos poucos,

		vai atravessando a fronteira.
1960	102	Desembarque em Paranaguá, Paraná, onde passa por severa quarentena, um lote de zebuínos das raças Gir (70), Nelore (20) e Guzerá (12), trazidos da Índia pelo criador Celso Garcia Cid, liberado mediante autorização especial do Governo Federal.
1961		O Governo brasileiro suspende a proibição de importações de gado da Índia, mas com a obrigatoriedade de quarentena na Ilha de Fernando de Noronha.
1962	318	Vão à Índia os criadores Celso Garcia Cid, Veríssimo Costa Jr., Jacintho Honório da Silva, José Deutch, Francisco José de Carvalho Neto, José da Silva (Dico), Vicente Rodrigues da Cunha, Joaquim Vicente Prata Cunha e D. Olinda Arantes Cunha, tendo trazido gado Gir (153), Guzerá (46), Nelore (84), Kangayam (10) e búfalos das raças Murrah e Jafarabadi.
1964		Renova-se a proibição de importação de animais da Ásia e da África.

Adaptado do Livro "O Nelore" de Alberto Alves Santiago de 1983.

A raça Nelore, formada a partir do gado Ongole (Figura 1), raça que apresenta uma mistura de pelo menos 14 outras, e também pelos zebras de Misore, representa a grande maioria dos bovinos nacionais na região acima dos trópicos; isso se deve à fertilidade, rusticidade e adaptação ao ambiente, permitindo um sistema de produção extensivo (SANTIAGO, 1960).

Figura 1 – Exemplos de Touros Ongole

Um dos pioneiros da introdução do Nelore no Brasil foi Manoel Ubelhart Lemgruber (Figura 2), proprietário de terras em Sapucaia - Rio de Janeiro, que visitando o Jardim Zoológico de Hamburgo, pode conhecer reprodutores de algumas raças indianas. Em outubro de 1878, Lemgruber trouxe ao Brasil um lote de animais Ongole, capitaneado pelo Touro Hanomet.

Figura 2 - Manoel Ubelhart Lemgruber e o Touro Piron.

Estes animais tiveram um desempenho satisfatório, estimulando assim, uma nova importação de animais no ano de 1880, com a ressalva que estes novos animais deveriam ser de regiões diferentes dos trazidos anteriormente. O touro que chefiava este lote recebeu o nome de Nero. No ano de 1883, Lemgruber realiza mais uma importação, cujo reprodutor Castor, se tornaria famoso em virtude de suas qualidades e pela notável descendência (SANTIAGO, 1983). Com estas três importações tem-se a formação da linhagem Lemgruber, que apresenta as seguintes características: couro abundante e pigmentado, ossatura forte, temperamento dócil, fêmeas com precocidade sexual e habilidade materna, machos com altos índices de ganho de peso a pasto, tudo sem prejuízo ao padrão da raça Nelore (SANTOS, 1998). Além da família Lemgruber, outros criatórios da Linhagem se formaram como o de Geraldo Soares de Paula, que em 1942, adquiriu 30

fêmeas e os touros Retaco e Carinho, levando-os para a Fazenda Papagaio, em Curvelo (MG). Posteriormente, em 1962, fizeram-se numerosas aquisições.

Um dos principais criatórios de animais oriundos desta linhagem, nos dias atuais, é a Fazenda Mundo Novo, pertencente ao Condomínio Agropecuário Irmãos Penteado Cardoso; este rebanho adquirido da Manah Agropastorial Ltda., que comprou seu primeiro reprodutor Lemgruber, o Touro Mistério, de Geraldo Soares da Costa, em 1962. Deve-se destacar que este animal, tem em sua genealogia dois outros importantes touros Lemgruber, Mistério Velho e Cacique.

A partir de 1974 a Fazenda Mundo Novo, localizada em Brotas – SP, de propriedade do grupo Manah, passou a utilizar apenas touros Lemgruber em sua vacada Nelore, com bons resultados (SANTIAGO, 1985). Os quatro touros que alicerçaram o atual Nelore Lemgruber foram “Mistério”, “Tango” (velho), “Barranco” e “Bangüê” (OLIVEIRA, 2005).

Na década de 80, o grupo Manah Agropastorial Ltda., adquiriu em quase sua totalidade o rebanho de Geraldo Soares, mas contribuiu também para a formação deste rebanho animais de propriedade de Paulo Lutterbach Lemgruber.

Desde então, a Manah Agropastoril Ltda., fez da linhagem Lemgruber selecionada exclusivamente a pasto, um dos mais importantes e conceituados rebanhos da raça Nelore no Brasil (OLIVEIRA, 2005).

2.2.DNA MITOCONDRIAL (MTDNA)

Estudos evolutivos, principalmente relacionados ao esclarecimento da origem dos bovinos domésticos têm sido apoiados na análise do DNA mitocondrial (LOFTUS et al., 1994a e b; BRADLEY et al., 1996; MEIRELLES et al., 1999).

A mitocôndria, organela presente no citoplasma das células eucariotas e cuja principal função é a fosforilação oxidativa, é portadora de seu próprio genoma, composto por inúmeras cópias de DNA circular. O DNA mitocondrial (mtDNA), localizado na membrana interna da organela, possui aproximadamente 16.500 nucleotídeos nos mamíferos, sendo que nos bovinos apresenta 16.338 nucleotídeos (ANDERSON et al., 1982; ALBERTS et al., 1994; LEWIN, 2001). Esta molécula

codifica 13 enzimas participantes da fosforilação oxidativa, 22 tRNAs e 2 rRNAs (ANDERSON et al., 1982), como apresentado na Figura 3.

Figura 3 – Mitocôndria (A) e DNA Mitocondrial (B).

Comparando-se as seqüências de DNA em diversos organismos, pode-se notar que a taxa de mutação no curso da evolução é de 5 a 10 vezes maior no genoma mitocondrial do que no genoma nuclear (BROWN et al., 1979; ALBERTS et al., 1994), provavelmente devido a erros na replicação e baixa taxa de reparo do DNA mitocondrial.

Sabe-se que o DNA mitocondrial é herdado exclusivamente pela linha materna. No entanto, o exato mecanismo capaz de explicar este fato não foi ainda elucidado (CUMMINS, 1998; CHINNERY e TURNBULL, 2000). Estudos moleculares relatam que as mitocôndrias presentes nos espermatozoides são degradadas após a penetração no oócito, ou durante as primeiras clivagens embrionárias (HIRAOKA e HIRAO, 1998), confirmando a teoria de que o mtDNA materno predomina nos mamíferos (GILES et al., 1980; SHITARA et al., 1998).

Polimorfismos na seqüência do mtDNA, entre raças *B. taurus* e *B. indicus*, foram verificados Meirelles et al (1999), e também por Pegoraro et al., 1995 em regiões menos variáveis como tRNAs e a origem da replicação da cadeia leve.

Loftus et al. (1994a), com base no genoma mitocondrial bovino, sugerem que a domesticação dos animais *Bos indicus* tenha ocorrido independentemente dos *Bos taurus* a partir de um ancestral comum há pelo menos 200.000 anos (CORRENS, 1909; HUTCHINSON et al., 1974; GILES et al., 1980).

Gibson, et al. (1997), relatam argumentos a favor da contribuição mitocondrial para a variação genética, são elas:

1. A mitocôndria é a central para as funções celulares;
2. Há provavelmente vários milhares de cópias do DNA mitocondrial em média na célula e somente duas cópias de DNA nuclear;
3. O DNA mitocondrial (mtDNA) pode codificar 10% ou mais do produto de genes expressos na mitocôndria, embora ele possa ser muito pouco determinado pela falta de conhecimento, sobre o número de produtos enzimáticos e estruturais envolvidos na função mitocondrial;
4. O mtDNA apresenta 10 vezes mais mutações que o DNA nuclear.

Kirkpatrick e Dentine (1988), relatam que enzimas relacionadas com a síntese de ATP, codificadas pelo mtDNA, também estão envolvidas na produção de leite e a variação das características de lactação ocasionadas por esses genes deve ser discutida.

Partindo de uma população em que a expressão dos efeitos genéticos citoplasmáticos implicou na variação de produção (SCHUTZ e FREEMAN, 1988), Brown et al. (1989) separaram um grande número de linhagens maternas holandesas para uma verificação da variação genética citoplasmática molecular através de análise de restrição endonuclease do DNA. Os resultados deste estudo confirmam que a variação genética citoplasmática existe entre as linhagens holandesas e que poderão implicar nas análises genética quantitativa para expressão dos efeitos citoplasmáticos nas características produtivas.

Albuquerque et al. (1998) utilizando grandes amostras, quantificaram a contribuição do efeito de linha citoplasmática sobre variâncias fenotípicas da produção de leite, produção de gordura e porcentagem de gordura. Os resultados obtidos foram de 3,4% para produção de leite, 2,4% para produção de gordura e 2,3% para porcentagem de gordura, e não trouxeram contribuição importante na

variação fenotípica. A exclusão da linhagem citoplasmática do modelo aumenta a relação variância genética aditiva direta e variância fenotípica em menos de 2%.

Outro papel chave reservado aos efeitos citoplasmáticos é a verificação da real origem de uma raça. Como é amplamente discutido, o rebanho Nelore do Brasil e o Brahman dos Estados Unidos foram formados a partir de cruzamento absorvente entre os touros zebuínos importados da Índia com as vacas de origem européia já existente no continente americano (OLIVEIRA, 2005).

2.3.EFEITO DAS LINHAGENS CITOPLASMÁTICAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA ANIMAL

O efeito materno sobre a progênie é exercido por seus efeitos aditivo direto, aditivo materno e citoplasmático. Segundo Reed & Van Velck (1987), nos efeitos citoplasmáticos são considerados os efeitos uterinos e de DNA mitocondrial entre outros. Hohenboken (1985), dividiu os efeitos maternos em 5 tipos:

1. Efeitos citoplasmáticos não envolvendo DNA extranuclear;
2. Efeitos citoplasmáticos envolvendo DNA extranuclear (especificamente as mitocôndrias);
3. Efeitos pré-natais (que compreendem gestação e meio uterino);
4. Transferência de anticorpos maternos para a progênie (principalmente pelo do colostro);
5. Efeitos pós-natais, que parece ser o de maior importância, pois compreende a produção de leite, quantidade e qualidade, meio que a mãe provê à cria.

Há uma ampla discussão sobre este efeito e sua influência em características de produtivas dos animais domésticos. Segundo Gunski (2001), a maioria dos trabalhos enfoca os estudos de linha citoplasmática com a definição de linhagem baseada na identificação da genealogia dos animais até as fêmeas fundadoras do rebanho. Quanto às estimativas de seus efeitos, verifica-se a utilização de métodos como, quadrado mínimos e modelo animal, incluindo a informação de linhagem como efeito fixo ou aleatório no modelo.

Os relatos de literatura demonstram uma grande variação de resultados, Bell et al. (1985); Huizing et al. (1986); Schutz et al. (1992); Ron et al. (1992), Pelicioni &

Queiroz (2000) relatam um efeito significativo da inclusão de linha citoplasmática no modelo de análise. Em contra partida Kennedy (1986); Tess & MacNEIL (1994) e Alencar et al. (1998) não verificaram este mesmo efeito.

2.4.DNA SATÉLITE (stDNA)

Os DNA Satélites são seqüências repetitivas complexas de DNA que podem variar de dois a algumas centenas de pares de bases arranjadas em tandem (ALBERTS et al., 1994).

Estas seqüências, geralmente localizadas na heterocromatina dos cromossomos, estão associadas com as regiões próximas aos centrômeros, telômeros ou no cromossomo Y (CHARLESWORTH et al., 1994). A fração do genoma composta por DNA satélite é muito variável, de 0 a 66% tanto entre as espécies quanto entre as famílias evolutivamente aparentadas (BERIDZE, 1986).

Os primeiros estudos a respeito dos DNAs satélites tiveram início em meados dos anos de 1960. Os cientistas, observando o padrão de reassociação da dupla fita de DNA de organismos superiores, verificaram que algumas seqüências de nucleotídeos eram freqüentemente repetidas. Esta suposição foi confirmada pela observação de que 10% do DNA de camundongos se reassocia rapidamente (WARING e BRITTEN, 1966).

O stDNA recebe este nome por que os primeiros DNAs desse tipo que foram descobertos tinham uma proporção incomum de nucleotídeos, o que tornou possível separá-los do restante do DNA celular, como um componente menor, ou satélite, por ultracentrifugação em gradiente de densidade de Cloreto de Césio (CsCl) (ALBERTS et al., 1994).

O genoma bovino contém pelo menos oito tipos de DNA satélite, dois dos quais tem a densidade de 1711 g/cm^3 quando centrifugados em CsCl, sendo então denominados de satélites 1711a e 1711b (MACAYA et al., 1978).

O satélite 1711a representa 1,7% do DNA total e tem uma unidade de repetição de 1413 pares de bases já seqüenciadas. O satélite 1711b representa 7,1% do genoma bovino (MACAYA et al., 1978), e parte das unidades repetidas deste satélite podem ser descritas como uma inserção de unidades repetidas

provenientes do satélite 1715 (1715 g/cm³ em CsCl) (TAPAROWSKY e Gerbi, 1982), ou também conhecido como Satélite I, isolados do timo de bezerros (PŁUCIENNICKZACK et al., 1982). Experimentos de mapeamento e hibridização demonstraram que parte da sequência inserida no satélite 1711b é homóloga ao satélite 1711a, e o restante da sequência tem origem desconhecida (STREECK, 1981).

Embora existam muitos trabalhos envolvendo a estrutura, localização e a variabilidade dos DNA's satélites, várias hipóteses que foram formuladas a respeito da função do DNA satélite, não foram definitivamente demonstradas até o presente momento.

Analisando os DNA satélites III e 1711b de taurinos (*Bos taurus*), zebuínos (*Bos indicus*) e seus híbridos, Nijman et al. (1999) verificaram que espécies intimamente aparentadas podem possuir seqüências variáveis destes satélites, o que pode ser utilizado como marcador para estudar a introgressão de genes de zebuínos em animais *Bos taurus*.

Nijman e Lenstra (2001) comparando regiões satélites de algumas espécies de *Bos* e *Bison*, verificaram que existe uma ampla variação em alguns dos principais satélites estudados, e que o padrão de restrição gerado pela digestão dos fragmentos sugere que possa ter ocorrido recombinação das seqüências variáveis.

Ripamonte (2002) relata a identificação de um marcador satélite *Bos indicus* específico que auxiliou na estimativa da contribuição *Bos taurus* na população zebuína.

2.5.CARACTERÍSTICAS DE DESENVOLVIMENTO PONDERAL

As características de desenvolvimento ponderal são critérios de seleção amplamente utilizados pelos programas de melhoramento genético, dentre estas se destacam: Peso ao nascer; Peso aos 120 dias de idade; Peso à desmama; Peso aos 12 meses de idade; Peso ao sobreano e Perímetro Escrotal ao sobreano.

A herdabilidade é um parâmetro indispensável na predição do mérito genético dos animais e na predição da resposta à seleção. É um parâmetro característico da população e pode sofrer alterações ao longo do tempo, em

consequência da seleção, do modelo matemático utilizado e das decisões de manejo. Na Tabela 2 apresentam-se as herdabilidades relatadas em literatura para as características de desenvolvimento ponderal acima citadas.

Tabela 2 – Número de observações (N), herdabilidade direta (h_a^2) e herdabilidade materna (h_m^2) das características de desenvolvimento ponderal.

Característica	N	h_a^2	h_m^2	Autor e ano
Peso ao nascer	60.470	0,24	0,11	MARCONDES et al. (2000)
	53.451	0,41	0,09	VAN MELIS et al. (2001)
Peso aos 4 meses	21.799	0,23	0,08	MARCONDES et al. (2002)
	12.662	0,29	0,08	SIQUEIRA et al. (2003)
Peso à desmama	24.217	0,29	0,08	ELER et al. (1996)
	68.222	0,34	0,05	SILVA et al. (2001)
Peso aos 12 meses	Revisão	0,37		LÔBO et al. (2000)
	22.306	0,27	0,05	BITTENCOURT et al. (2002)
Peso aos 18 meses	20.124	0,30		ELER et al. (1996)
	135 a 47.249	32 a 0,43		PEREIRA (2001)
Perímetro escrotal as 18 meses	9.355	35 a 0,42		DIAS et al. (2003)
	15.010	0,51		ELER et al. (1995)

Nota-se uma grande amplitude entre os coeficientes de herdabilidade encontrados na literatura para as características de: Peso ao nascer; Peso aos 120 dias de idade; Peso à desmama; Peso aos 12 meses de idade; Peso ao sobreano; Perímetro Escrotal ao sobreano.

2.6. CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS

Owens et al. (1993) ressaltam que as características reprodutivas têm sido utilizadas como indicadoras do desenvolvimento e maturação de novilhas e tourinhos. Para Foster e Nagatani (1999), o tempo necessário à maturação sexual está mais intimamente associado com o crescimento corporal do que com a idade cronológica e a seleção de animais para uma elevada taxa de crescimento ou redução do conteúdo de gordura corporal é desejável.

A puberdade, por exemplo, só será manifestada quando um peso corporal mínimo for atingido. Para Dunn e Moss (1992), a condição corporal ou o grau de

gordura pode ser considerado o indicador mais confiável do bem-estar de um animal e quando associados com o peso corporal, podem ser usados para acessar o potencial reprodutivo do mesmo. Vários relatos disponíveis na literatura (BERGFELD et al., 1994; SERENO et al., 1991) confirmaram que a ingestão de nutrientes influencia o peso corporal e a idade crítica para a manifestação da puberdade em novilhas de corte e que a composição corporal, estritamente relacionada com a idade e o peso, exercerá importante influência nesta resposta.

Em humanos, Frisch (1980) relatou que a maturação lenta do eixo hipotalâmico-hipofisário, necessária à liberação dos hormônios responsáveis ao desencadeamento da primeira menstruação, é acompanhada por uma maturação lenta do corpo, que muda, não somente com o tamanho corporal, mas também com a proporção relativa de ossos, músculos e gordura. De acordo com esse autor, evidências mostram que uma certa porcentagem de gordura é necessária ao desencadeamento da puberdade e à manutenção da habilidade reprodutiva em humanos e ratos. Os sinais responsáveis por essa interação poderão ser metabólicos, relacionados à ingestão de alimentos e à deposição de gordura.

Dentre as características associadas à eficiência reprodutiva, a idade ao primeiro parto é uma das de mais fácil mensuração. Ela é o reflexo da idade à puberdade, que por sua vez está ligada à velocidade de crescimento da fêmea (PEREIRA et al., 1991). Pesquisas demonstraram que a antecipação da idade ao primeiro parto é positivamente correlacionada com medidas de fertilidade e de produtividade (BRINKS et al., 1978). A estimação do mérito genético aditivo (DEPs) dos touros para idade ao primeiro parto das filhas seria importante para o aumento da precocidade sexual dos rebanhos (PEREIRA, 2001).

Também existem evidências de que certas raças (particularmente de *Bos taurus*) tendem a ter seu primeiro parto muito mais cedo do que *Bos indicus*, e que o cruzamento entre os dois tipos biológicos geralmente melhora o desempenho das raças de *Bos indicus* (PEREIRA, 2001). Algumas médias de idade ao primeiro parto e suas respectivas herdabilidades são apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3 - Médias ($\bar{X}_{IPP}$) das idades ao primeiro parto, coeficientes de herdabilidade (h^2) e número de observações (N) encontrados em estudos de idade ao primeiro parto realizados no Brasil, envolvendo a raça Nelore.

Autor	$\bar{X}_{IPP}$ (meses)	h^2	N
PIMENTA FILHO & LEITE (1989)	47,0	0,21	1.102
PEREIRA et al. (1991)	35,8	0,46	749
ABREU et al. (1991)	36,7	0,23	372
MARTINS FILHO et al. (1991)	35,8	0,19	703
MERCADANTE (1995)	38,3	0,28	1.213
GRESSLER et al. (1998)	-	0,01	1.582
BIFFANI et al. (2000)	47,0	0,07	30.114
DIAS et al. (2000)	34,0	0,17	6.290
PEREIRA et al. (2000a)	37,2	0,10	2.796
PEREIRA et al. (2000b)	35,5	0,05	83.819
BERTAZZO et al. (2004)	38,7	0,37	38.658
DIAS et al. (2004)	33,9	0,16	6.290
SILVEIRA et al. (2004)	41,9	0,05	1.080

Adaptado de PEREIRA, 2001.

A idade ao primeiro parto é uma característica extremamente dependente da idade à primeira exposição ao touro. Com a utilização de estação de monta curta, fêmeas que atingem a puberdade mais cedo não têm oportunidade de parir mais cedo porque só são cobertas junto com as que atingiram a puberdade mais tarde. Esta dependência pode diminuir a eficácia desta característica no melhoramento para precocidade sexual. Nenhum dos trabalhos consultados mencionou o ajuste da idade ao primeiro parto para a idade da fêmea no início da estação de monta ou à cobertura.

2.7. CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA

Muitos são os estudos que se utilizaram de equipamentos de ultra-som para avaliação de carcaças de bovinos. Baley et al. (1986), estudando 260 bovinos cruzados separados em 3 categorias de peso (340, 470 e 600 kg) encontraram correlações significativas entre medidas de ultra-som e algumas características de composição de carcaça. No citado estudo, foi descrita pequena diferença nos coeficientes de correlação múltipla e erros-padrão de estimativas, com ou sem a inclusão de medidas de ultra-som, em relação às outras medidas “*in vivo*”. As máximas correlações múltiplas para porcentagem de gordura na carcaça, carne magra e cortes nobres, usando todas as medidas “*in vivo*”, foram de 60 a 70%.

Smith et al. (1989) estudando 96 animais a um ano de idade, divididos em três classes de peso inicial (300, 365, 395 kg), de vários tipos raciais e abatidos em duas etapas (animais com 365 e 395 kg de peso inicial formaram o grupo 1 de abatidos e os animais com 300 kg, o grupo 2), anotaram medidas subjetivas (condição, musculosidade) e medidas de ultra-som (espessura de gordura subcutânea - EGS - e área de olho de lombo - AOL) para estimar ganho médio diário, área de olho de lombo, espessura de gordura, marmorização e classe de rendimento de carcaça. A maior parte da variação é explicada pela combinação de raça, peso inicial e dados de ultra-som, quando comparada à avaliação subjetiva, sugerindo que as medições de ultra-sonografia de EGS e AOL iniciais podem ser úteis como ferramentas para melhorar a capacidade de predição de uma série de parâmetros de carcaça. E as medições de ultra-som da EGS podem ser úteis na identificação de animais com potencial ganho compensatório ou potencial para aumentar o tamanho corporal e o crescimento.

Shepard et al. (1996) estimaram os parâmetros genéticos para as medidas de área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) feitas por ultra-som em 805 touros e 877 novilha da raça Angus incluindo nas análises informações adicionais de peso à desmama (PESDES), peso pós-desmama (PPDES) e circunferência escrotal (PE) e verificaram que a seleção para a EGS e AOL é possível. Resultados semelhantes foram descritos em animais da raça Nelore, por Figueiredo (2001).

Para Moser et al. (1998) e Reveter et al. (2000) as medidas de carcaça realizadas por ultra-sonografia são boas preditoras para o melhoramento genético de características de carcaças de bovinos.

Segundo CREWS et al., (2002), a ultra-sonografia possibilitou decréscimos nos custos e no tempo despendido para obtenção das informações, em relação aos testes de progênie, permitindo ainda aumentos nos números de informações nas populações interessadas em seleção de características de carcaça.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. CARACTERIZAÇÃO DO REBANHO E FORMAÇÃO DO BANCO DE DADOS

O conjunto de dados analisado foi coletado na Fazenda Mundo Novo de Uberaba, pertencente ao Condomínio Agropecuário Irmãos Penteado Cardoso, situada no município de Uberaba, região do Triângulo Mineiro, Estado de Minas Gerais. Esta fazenda tem tradição na coleta de dados para seu programa de melhoramento genético realizado por nossa equipe no Laboratório de Genética e Melhoramento Animal “Gordon Dickerson”, do Grupo de Melhoramento Animal (GMA), Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo.

Este Condomínio é detentor de uma das grandes linhagens da raça Nelore, linhagem Lemgruber, que se originou a partir das importações realizadas por Manoel Ubelhart Lemgruber. As primeiras importações ocorreram em 1878 e, dentre os animais trazidos por ele, destaca-se o Touro Castor, cujo descendente, Mistério, teve grande importância na formação deste rebanho.

A fazenda Mundo Novo caracteriza-se por não ter a inclusão de animais de outros rebanhos como reprodutores e por apresentar números expressivos de animais endogâmicos, com valores de até 0,312. Os números de observações, médias, desvios-padrão, mínimos e máximos dos coeficientes de endogamia para este rebanho, são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4 – Número de observações (N), Média, Desvio padrão (DP), Mínimo (Min) e Máximo (Max) dos valores de endogamia da Fazenda Mundo Novo.

Tipo da Endogamia	N	Média	DP	Min	Max
Fa	11.608	0,05	0,04	0,001	0,331
Fm	6.885	0,04	0,04	0,001	0,258
Fp	7.215	0,04	0,04	0,002	0,250

Fa – endogamia do animal; Fm – endogamia materna e Fp – endogamia paterna

Adicionalmente, foram obtidas as informações de desempenho ponderal e reprodutivo dos animais, representadas pelas seguintes características:

- Peso ao nascer (Pn)
- Peso aos 120 dias de idade (P120)
- Peso à desmama (Pd)
- Peso aos 12 meses de idade (P12)
- Peso aos 18 meses (P18)
- Perímetro Escrotal aos 18 meses (PE18)
- Idade ao Primeiro Parto (IPP)
- Área de Olho de Lombo (AOL)
- Espessura de Gordura Subcutânea (EGS)

Para as características de desenvolvimento ponderal foram analisados 14.432 registros de produção, relacionados com cerca de 16.561 animais no pedigree. E para características reprodutiva e de carcaça foram analisados 4.621 registros de IPP e 951 registros de AOL e EGS, relacionando 7.135 registros de pedigree (Tabela 5).

Tabela 5 - Número de observações (N), Média, Desvio padrão (DP), Mínimo (Min) e Máximo (Max) das características de produção da Fazenda Mundo Novo.

Características		N	Média	DP	Min	Max
Peso ao nascer	(kg)	10.788	30,75	3,09	23,0	39,0
Peso aos 120 dias	(kg)	8.232	125,12	22,03	65,0	185,0
Peso à desmama	(kg)	18.377	174,53	31,74	86,0	262,0
Peso aos 12 meses	(kg)	10.890	217,52	37,04	112,0	327,0
Peso aos 18 meses	(kg)	11.771	291,13	45,04	166,0	417,0
Perímetro escrotal aos 18 meses	(kg)	4.159	24,40	3,10	15,30	33,60
Idade ao primeiro parto	(cm)	3.502	1218,05	208,64	750	1825
Área de olho de lombo	(cm ²)	951	49,23	20,15	25,7	85,7
Espessura de gordura subcutânea	(mm)	951	0,81	1,08	0,0	4,0

3.2. MODELOS

Os modelos de análises consideraram como efeitos fixos os diferentes fatores ambientais, os quais são apresentados a seguir, de acordo com a característica:

1. **PN** – grupo de contemporâneo ao nascimento (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo nascimento) e classe de idade da vaca ao parto;
2. **P120** – grupo de contemporâneo ao peso ao 120 dias de idade (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo os 120 dias), classe de idade da vaca ao parto e idade do animal a medição (covariável);
3. **PD** – grupo de contemporâneo à desmama (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo à desmama), classe de idade da vaca ao parto e idade do animal a medição (covariável);
4. **P12** – grupo de contemporâneo aos 12 meses (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo à desmama, grupo de manejo aos 12 meses), classe de idade da vaca ao parto e idade do animal a medição (covariável);
5. **P18** – grupo de contemporâneos aos 18 meses (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo à desmama, grupo de manejo aos 18 meses) e idade do animal a medição (covariável);
6. **PE18** – grupo de contemporâneos aos 18 meses (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo à desmama, grupo de manejo aos 18 meses) e idade do animal a medição (covariável);
7. **IPP** – grupo de contemporâneos para a idade ao primeiro parto (ano de nascimento e estação de nascimento);
8. **AOL** – grupo de contemporâneos para área de olho de lombo (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo ao 18 meses) e idade do animal a medição (covariável);
9. **EGS** – grupo de contemporâneos para área de olho de lombo (ano de nascimento, sexo, grupo de manejo ao 18 meses) e idade do animal a medição (covariável);

3.2.1. ESTIMAÇÃO DO EFEITO DA INCLUSÃO DE LINHA MATERNA E DNA MITOCONDRIAL

Modelo 1: $Y = X\beta + Z_1a + e$

Modelo 2: $Y = X\beta + Z_1 + Z_2lc + e$

Modelo 3: $Y = X\beta + Z_1 + Z_2mt + e$

Modelo 4: $Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ep + e$

Modelo 5: $Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ep + Z_4lc + e$

Modelo 6: $Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ep + Z_4mt + e$

Onde:

Y = Vetor das variáveis dependentes (observações)

X= matriz de incidência associando elementos de β a Y

β = Vetor dos efeitos fixos

Z = matriz de incidência associando elementos de a, m, ep, lc, mt a Y

a = Vetor dos efeitos genéticos diretos

m = Vetor dos efeitos genéticos maternos

ep = Vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca

lc = Vetor dos efeitos aleatórios de linha materna

mt = Vetor dos efeitos aleatórios de DNA mitocondrial

e = Vetor de efeitos aleatórios residuais

Os efeitos de inclusão da linha materna e do DNA mitocondrial como efeitos aleatórios não correlacionados em relação à não inclusão destes efeitos foi avaliado pela comparação dos valores das funções de verossimilhança, por meio do Teste da Razão de Verossimilhança, relatado por Rao, (1973).

3.2.2. ESTIMAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE ULTRA-SOM E IDADE AO PRIMEIRO PARTO

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que,

y_1 = vetor dos registros de medidas da característica 1

y_2 = vetor das observações para a característica 2

b_1 = vetor de efeitos fixos para a característica 1 (idade do animal na data da medição como covariável, além de grupo de contemporâneos). No caso das análises que considerarem a proporção de DNA *taurus/indicus*, essa será considerada como covariável

b_2 = vetor de efeitos fixos para característica 2 (idade do animal na data da medição como covariável, além de grupo de contemporâneos)

u_1 = vetor de efeitos aleatórios de valor genético para a característica 1

u_2 = vetor de efeitos aleatórios de valor genético para a característica 2

$X_1(X_2)$ = matriz de incidência associando elementos de $b_1(b_2)$ a $y_1(y_2)$

$Z_1(Z_2)$ = matriz de incidência associando elementos de $u_1(u_2)$ a $y_1(y_2)$

3.3. PROGRAMAS

3.3.1. MTDFREML

Os programas utilizados foram o MTDFREML - *Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood* (BOLDMAN et al., 1995), Este programa usa técnicas de matrizes esparsas pela incorporação do SPARSPACK (GEORGE et al., 1980) e fatoração de Choleski para obter o log do determinante da matriz dos

coeficientes e a soma de quadrados generalizada dos resíduos. Os componentes de variância e covariância foram estimados por máxima verossimilhança restrita, usando um algoritmo não derivativo (SMITH e GRASER, 1986). O critério de convergência foi atingido quando essa variância era igual ou menor que 10^{-9} . Para se evitar a obtenção de máximos locais ao invés do máximo global (PRES et al., 1986), várias reinicializações foram executadas no sentido de se assegurar a convergência no máximo global da função de verossimilhança.

3.3.2. LinMat

Como ferramenta auxiliar na amostragem de animais para a coleta de sangue, foi utilizado o programa LinMat (MOURÃO, 2004) para a identificação prévia das linhagens maternas. A partir das informações disponíveis no arquivo de pedigree, o sistema LinMat relacionou as linhagens maternas, definidas como sendo a vaca utilizada no primeiro acasalamento da linha materna do pedigree completo de cada animal, visto que o DNA mitocondrial é herdado essencialmente via linha materna (TESS e ROBISON, 1990).

3.4. EXTRAÇÃO DO DNA

Para a realização dos estudos, 5ml de sangue periférico foram coletados em tubos a vácuo, contendo 54 μ l de EDTA e mantidos sob refrigeração até serem processados. A extração do DNA foi realizada a partir de 1ml sangue como descrito por Sambrook e Russel (2001). De forma resumida a técnica foi a seguinte: as hemácias foram lisadas com uma solução de Lise de Hemácias (12mM Tris-HCl pH 8.2; 0,32M Sacarose; 5mM EDTA e 1% de Triton 100X) e os glóbulos brancos peletizados foram digeridos com proteinase K por 3 horas. As proteínas foram então precipitadas com solução de NaCl 5M e o sobrenadante transferido para outro tubo. O DNA total foi precipitado com adição de 3 volumes de etanol absoluto, desidratado e rediluído em 50 μ l de H₂O ultrafiltrada.

3.6.PCR RFLP DO SATÉLITE 1711b

As condições da PCR estão descritas na Tabela 6 para amplificação do fragmento de 875 pb utilizando os primers 1711b F2 5'-ccc act acc tct ctc tga aaa-3' e 1711b R1 5'-tga tcc agg gta ttc gaa gga-3'. O resultado da amplificação foi digerido à 37°C por 3 horas com as enzimas de restrição *Msp* I (ou *Hpa* II), que cliva parte dos satélites de origem *B. indicus* (Tabela 7).

Após a digestão dos produtos de amplificação, os fragmentos do DNA satélite foram corados com Brometo de Etídeo (10mg/ml) e separados em gel de agarose 2%. O DNA foi visualizado após excitação com laser utilizando o scanner laser Fuji FLA 3000G.

Tabela 6 – Programa utilizado na amplificação do Satélite 1711b.

Etapa	Temperatura	Tempo	Nº de ciclos
Pré-desnaturação	94°C	4 minutos	1
Desnaturação	94°C	15 segundos	
Anelamento	62°C	45 segundos	35
Extensão	72°C	45 segundos	
Extensão final	72°C	10 minutos	1
Resfriamento	4°C	Indeterminado	1

Tabela 7 – Possíveis fragmentos após digestão do DNA satélite 1711b.

Enzima	mtDNA	Fragmentos (pb)		Total (pb)
<i>Msp</i> I (<i>Hpa</i> II)		754	121	875
	<i>B. indicus</i>	402	352	875

3.7.ANÁLISES ESTATÍSTICAS

As frequências dos marcadores de origem *taurus/indicus* específicos foram estimadas para cada sub-população previamente definida e, em seguida, utilizadas para estimar-se a contribuição do *Bos taurus* no rebanho analisado.

A comparação das sub-populações quanto à proporção de DNA de origem *taurus* ou *indicus* foi feita com a utilização do teste de Qui-quadrado (SNEDECOR e COCHRAN, 1978).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. ANÁLISES GENÉTICO-MOLECULARES

4.1.1. DNA MITOCONDRIAL

O programa LinMat relacionou 1.928 linhas maternas, sendo que a mais representativa apresentou 200 descendentes no banco de dados utilizado e, a menos representativa, deixou apenas um descendente.

Foram amostrados descendentes oriundos de 305 linhas do total relacionado, o que corresponde a 16% das linhas maternas. As linhagens analisadas genomicamente deram origem a 16.078 animais, o que equivale a 58% dos animais cadastrados no rebanho.

Dentre os animais analisados, identificaram-se 448 animais como portadores de DNA mitocondrial (mtDNA) de origem *Bos taurus* e nove animais como portadores mtDNA de origem *Bos indicus*, resultados estes significativos ($P < 0.01$) pelo teste de Qui-quadrado (Figura 5). Quando esta informação foi relacionada com as de linhagens maternas, verificou-se que existem nove linhas de origem *Bos indicus* que deram origem a 526 animais cadastrados no rebanho, bem como as 296 linha *Bos taurus* geraram 15.552 animais cadastrados.

Figura 5 – Resultado da digestão com enzima de restrição *Hind* III na análise do DNA mitocondrial de bovinos da raça Nelore. Animais com mtDNA *Bos indicus* (i) e animais com mtDNA *Bos taurus* (t). ϕX : marcador de peso molecular.

4.1.2. DNA SATÉLITE

DNA satélites são encontrados no genoma dos eucariotos em quantidades variáveis de seqüências repetitivas, por volta de 10% em mamíferos. Sendo assim, o fragmento amplificado do satélite 1711b bovino, é oriundo de várias cópias de uma repetição de 1023pb presentes no genoma e que pode apresentar variações em parte de suas repetições decorrentes de mutação ou recombinações (LEWIN, 2000; STEPHAN, 1986). Segundo Ripamonte (2002) o padrão B de digestão, é específico para animais de raças européias e a raça Nelore no Brasil apresentou todos os padrões de digestão. No presente trabalho, em parte da amostra coletada (264 animais analisados), 36 animais apresentaram o padrão de restrição A homogeneamente distribuído, 48 apresentaram o padrão de restrição B homogeneamente distribuído B e 180 apresentaram o padrão de restrição AB heterogeneamente distribuído (Figura 6).

Figura 6 – Genótipos encontrados para o DNA Satélite 1711b após digestão com a enzima *MspI*.

Os resultados encontrados refletem a realidade da origem do rebanho nacional, pois a expansão da raça Nelore ocorreu a partir de animais oriundos da Índia utilizados em cruzamentos absorventes sobre fêmeas européias adaptadas. A comprovação deste processo está fundamentada no fato de que oficialmente foram importados aproximadamente 7.000 reprodutores entre machos e fêmeas desta raça até meados dos anos 60, que deram origem a mais de 5 milhões de animais com registro genealógico de nascimento (ABCZ, 2005). Outro fator que suporta a utilização ampla do cruzamento absorvente é que 80% do rebanho nacional apresenta alguma composição genética zebuína, dentre os quais o Nelore, que se destaca com 64% do sêmen comercializado no Brasil no ano de 2003 (Associação Brasileira de Inseminação Artificial, 2004) e com 76% dos registros genealógicos definitivos da ABCZ (Josahkian, 2000).

Os resultados das análises moleculares encontrados neste estudo reforçam a idéia de maciça utilização de cruzamento absorvente para formação do rebanho Nelore estudado.

4.2. ANÁLISES DO EFEITO DE LINHA MATERNA E DO DNA MITOCONDRIAL

4.2.1. TESTE DE MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA

Diferenças significativas entre os modelos (Tabelas 8, 9, 10, 11, 12 e 13) quando se inclui o efeito de linha materna ou de mtDNA para as características estudadas não foram detectadas pelo teste de máxima verossimilhança ($\chi^2_{0,05}$). Raaber e Essl (1996), estudando um rebanho experimental da raça Simental, avaliaram 36 características pela metodologia de quadrados mínimos. Dentre essas características, oito relacionadas à produção de leite, seis reprodutivas e 22 características de crescimento e carcaça. A variação da linhagem citoplasmática em relação à fenotípica foi de 0 a 8%, não apresentando efeito significativo nas características de produção de leite e reprodutivas. Os efeitos citoplasmáticos foram significativos para porcentagem de carne magra na carcaça, porcentagem de cortes nobres e profundidade torácica.

Alencar et al. (1998), relatam, que também não encontraram efeitos importantes da linhagem materna ou citoplasmática para as seguintes características: peso ao nascer, peso à desmama e peso aos 12 meses em um rebanho da raça Canchim, pertencente ao Centro de Pesquisa de Pecuária Sudeste.

Tess e Robison (1990) propuseram avaliar a importância dos efeitos genéticos citoplasmáticos em características de bovinos de corte usando o modelo animal, os autores não encontraram influência significativa destes efeitos, para nenhuma das características de performance em bovinos de corte.

Tess e MacNeil (1994), utilizaram técnicas de modelos mistos, para avaliar a importância do efeito genético citoplasmático em características de crescimento em uma linha fechada de bovinos da raça Hereford e verificaram que os efeitos genéticos citoplasmáticos não são importantes como fonte de variação para características de crescimento em bovinos de corte.

Tabela 8 - Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeitos direto e materno em sua modelagem tradicional.

Característica	Modelos			Razão de Verossimilhança	
	4	5	6	5-4	6-4
Peso ao nascer	26976,0413	26976,0371	26976,0313	-0,0042	-0,01
Peso aos 4 meses	42708,8464	42708,8464	42708,8464	0	0
Peso à desmama	89640,0169	89640,0197	89640,0197	0,0028	0,0028
Peso aos 12 meses	52897,83924	52897,8393	52897,8393	0,00006	0,00006

4 – modelo sem efeito de linha materna ou mtDNA; 5- modelo com efeito de linha materna; 6 – modelo com efeito de mtDNA; 5-4 – razão de verossimilhança entre os modelos 4 e 5; 6-4 – razão de verossimilhança entre os modelos 4 e 6.

Tabela 9 - Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam apenas efeito direto em sua modelagem tradicional.

Característica	Modelos			Razão de Verossimilhança	
	1	2	3	2-1	3-1
Peso aos 18 meses	63357,2607	63356,0935	63357,2607	-1,1672	0
Perímetro escrotal aos 18 meses	8475,5746	8469,4141	8469,4141	-6,1605	-6,1605

1 – modelo sem efeito de linha materna ou mtDNA; 2- modelo com efeito de linha materna; 3 – modelo com efeito de mtDNA; 2-1 – razão de verossimilhança entre os modelos 1 e 2; 3-1 – razão de verossimilhança entre os modelos 1 e 3.

Tabela 10 - Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam apenas efeito direto em sua modelagem tradicional, com a inclusão de efeito materno, além dos efeitos aleatórios não correlacionados de linha materna e mtDNA.

Característica	Modelos			Razão de Verossimilhança	
	4	5	6	5-4	6-4
Peso aos 18 meses	63309,8581	63309,8581	63309,8582	0,0000	0,0001
Perímetro escrotal aos 18 meses	8454,1833	8451,1414	8451,1414	-3,0419	-3,0419

4 – modelo com efeito materno e sem efeito de linha materna ou mtDNA; 5- modelo com efeito materno e efeito de linha materna; 6 – modelo com efeito materno e efeito de mtDNA; 5-4 – razão de verossimilhança entre os modelos 4 e 5; 6-4 – razão de verossimilhança entre os modelos 4 e 5.

Tabela 11 - Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeito direto com os incluem além de efeito direto, o efeito materno e os efeitos aleatórios de linha materna e mtDNA, para as características de peso aos 18 meses e perímetro escrotal ao 18 meses (Modelo 1).

Característica	Modelos				Razão de Verossimilhança		
	1	4	5	6	4-1	5-1	6-1
Peso aos 18 meses	63357,2607	63309,8581	63309,8581	63309,8582	-47,4026	-47,4026	-47,4025
Perímetro escrotal aos 18 meses	8475,5746	8454,1833	8451,1414	8451,1414	-21,3913	-24,4332	-24,4332

1 – modelo tradicional, com apenas efeito direto; 4 – modelo com efeito materno e sem efeito de linha materna ou mtDNA; 5- modelo com efeito materno e efeito de linha materna; 6 – modelo com efeito materno e efeito de mtDNA; 4-1 – razão de verossimilhança entre os modelos 1 e 4; 5-1 – razão de verossimilhança entre os modelos 1 e 5; 6-1 - razão de verossimilhança entre os modelos 1 e 6.

Tabela 12 - Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeito direto e efeito aleatório de linha materna com os incluem além de efeito direto, o efeito materno e os efeitos aleatórios de linha materna e mtDNA, para as características de peso aos 18 meses e perímetro escrotal ao 18 meses (Modelo 2).

Característica	Modelos				Razão de Verossimilhança		
	2	4	5	6	4-2	5-2	6-2
Peso aos 18 meses	63356,0935	63309,8581	63309,8581	63309,8582	-46,2354	-46,2354	-46,2353
Perímetro escrotal aos 18 meses	8469,4141	8454,1833	8451,1414	8451,1414	-15,2308	-18,2727	-18,2727

2 – modelo com efeito direto e efeito aleatório de linha materna; 4 – modelo com efeito materno e sem efeito de linha materna ou mtDNA; 5- modelo com efeito materno e efeito de linha materna; 6 – modelo com efeito materno e efeito de mtDNA; 4-2 – razão de verossimilhança entre os modelos 2 e 4; 5-2 – razão de verossimilhança entre os modelos 2 e 5; 6-2 - razão de verossimilhança entre os modelos 2 e 6.

Tabela 13 - Comparação dos logaritmos das funções de verossimilhança entre os modelos que apresentam efeito direto e efeito aleatório de mtDNA com os incluem além de efeito direto, o efeito materno e os efeitos aleatórios de linha materna e mtDNA, para as características de peso aos 18 meses e perímetro escrotal ao 18 meses. (Modelo 3).

Característica	Modelos				Razão de Verossimilhança		
	3	4	5	6	4-3	5-3	6-3
Peso aos 18 meses	63357,2607	63309,8581	63309,8581	63309,8582	-47,4026	-47,4026	-47,4025
Perímetro escrotal aos 18 meses	8469,4141	8454,1833	8451,1414	8451,1414	-15,2308	-18,2727	-18,2727

3 – modelo com efeito direto e efeito aleatório de mtDNA; 4 – modelo com efeito materno e sem efeito de linha materna ou mtDNA; 5- modelo com efeito materno e efeito de linha materna; 6 – modelo com efeito materno e efeito de mtDNA; 4-3 – razão de verossimilhança entre os modelos 3 e 4; 5-3 – razão de verossimilhança entre os modelos 3 e 5; 6-3 - razão de verossimilhança entre os modelos 3 e 6.

4.2.2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

4.2.2.1. CARACTERÍSTICAS DE DESENVOLVIMENTO PONDERAL

As estimativas dos componentes de (co)variância são apresentadas nas Tabelas 14 e 15. Verifica-se que não ocorreram grandes alterações quando se incluíram os efeitos genéticos de linha materna ou de mtDNA, nota-se também que estes efeitos independem do efeito aleatório de ambiente permanente da mãe, pois todas as covariâncias apresentadas são nulas.

O coeficiente de herdabilidade estimado para peso ao nascer de 0,20 encontra-se entre os valores relatados em literatura que variam de 0,16 (LÔBO et al., 2000) a 0,46 (ELER, 1989). Oliveira (2005) trabalhando com o mesmo rebanho apresentou um valor de herdabilidade igual a 0,22.

As herdabilidades estimadas para peso aos 120 dias foram de 0,24 são iguais às encontradas por Oliveira, 2005 estudando o mesmo rebanho, Cyrillo et al. (2004) apresenta uma variação 0,04 a 0,48 para estimativas de herdabilidade de um rebanho nelore, Siqueira et al., (2003) apresentam um valor de 0,29.

Para o peso à desmama o valor da estimativa de herdabilidade de 0,46 é superior ao relatado por Lôbo et al. (2000), que apresentam um valor médio de 0,23. Figueiredo (2001) e Oliveira, (2005) apresentam valores inferiores aos encontrados neste estudo, 0,27 e 0,35, respectivamente, trabalhando com o mesmo rebanho, este fato é devido a diferente estrutura de dados utilizada nas estimativas de parâmetros genéticos. Eler et al. (1995) encontraram 0,13 para animais Nelore e Pereira (2000) observou valores entre 0,11 e 0,29.

Marcondes et al. (2002) relatam uma herdabilidade para peso aos 12 meses que varia de 0,24 a 0,39 em animais da raça Nelore, Lôbo et al. (2000) relatam uma média 0,33 com uma variação de 0,20 a 0,53, valores próximos aos estimados para peso aos 12 meses (0,37) nos diferentes modelos de estudo

Para peso ao sobreano, os valores estimados variam de 0,32 a 0,37 nos diversos modelos utilizados foram superiores aos valores obtidos para a raça Nelore de 0,30 (ELER; FERRAZ; SILVA, 1996) e 0,29 (FIGUEIREDO, 2001). Neste caso os modelos que apresentam as maiores herdabilidades foram aqueles que tiveram o efeito genético

aditivo materno incluído além do efeito genético aditivo direto e por consequência suas variâncias de erro reduzidas.

Tabela 14 – Parâmetros Genéticos das características de desenvolvimento ponderal analisados através dos diversos modelos estudados.

Característica	Modelo	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{ep}^2$	$\hat{\sigma}_{eplc}$	$\hat{\sigma}_{lc}^2$	$\hat{\sigma}_{epmt}$	$\hat{\sigma}_{mt}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$
Peso ao nascer	Modelo 4	1,81	-0,04	0,21	0,41					6,76	9,16
	Modelo 5	1,81	-0,04	0,21	0,41	0,00	0,003			6,76	9,15
	Modelo 6	1,81	-0,04	0,21	0,41			0,00	0,004	6,76	9,16
Peso aos 120 dias	Modelo 4	68,53	-15,97	21,81	34,31					177,76	286,43
	Modelo 5	68,51	-16,01	21,82	34,32	0,00	0,00002			177,78	286,42
	Modelo 6	68,52	-16,01	21,84	34,31			0,00	0,00007	177,77	286,44
Peso à desmama	Modelo 4	269,45	-79,64	57,64	61,87					275,23	583,94
	Modelo 5	269,64	-79,7	57,09	61,83	0,00	0,00007			275,12	583,99
	Modelo 6	269,42	-79,6	56,99	61,87			0,00	0,0001	275,2	583,9
Peso aos 12 meses	Modelo 4	170,08	-34,17	23,52	28,51					271,65	459,6
	Modelo 5	170,04	-34,11	23,45	28,54	0,00	0,0012			271,68	459,61
	Modelo 6	170,13	-34,12	23,46	28,54			0,00	0,00025	271,63	459,63
Peso aos 18 meses	Modelo 1	251,75								509,01	760,76
	Modelo 2	243,01					3,76			512,37	759,14
	Modelo 3	251,70							0,0001	509,03	760,74
	Modelo 4	284,92	-52,23	47,72	11,65					470,96	763,03
	Modelo 5	284,92	-52,22	47,75	11,63	0,00	0,0002			471,01	763,11
	Modelo 6	284,73	-52,14	47,72	11,56			0,00	0,0002	471,11	763,01
Perímetro escrotal aos 18 meses	Modelo 1	3,58								2,74	6,33
	Modelo 2	3,08					0,16			2,97	6,21
	Modelo 3	3,58							0,000001	2,75	6,33
	Modelo 4	2,50	-0,35	0,79	0,037					3,11	6,09
	Modelo 5	2,49	-0,44	0,68	0,096	0,00	0,12			3,11	6,06
	Modelo 6	2,50	-0,34	0,78	0,036			0,00	0,00004	3,11	6,09

$\hat{\sigma}_a^2$ - variância genética aditiva direta; $\hat{\sigma}_m^2$ - variância genética materna; $\hat{\sigma}_{am}$ - covariância entre genética aditiva e materna; $\hat{\sigma}_{ep}^2$ - variância do efeito do ambiente permanente da vaca; $\hat{\sigma}_{epmt}$ - covariância entre o ambiente permanente da vaca e linha materna; $\hat{\sigma}_{lc}^2$ - variância do efeito da linha materna; $\hat{\sigma}_{epmt}$ - covariância entre o ambiente permanente da vaca e mtDNA; $\hat{\sigma}_{mt}^2$ - variância do efeito do DNA mitocondrial; $\hat{\sigma}_e^2$ - variância do resíduo; $\hat{\sigma}_p^2$ - variância fenotípica.

Tabela 15 – Herdabilidades, correlações, contribuições do ambiente permanente, da linha materna, do mtDNA e residual.

Característica	Modelo	h_a^2	r_{am}	h_m^2	c_{ep}^2	r_{eplc}	c_{lc}^2	r_{epmt}	c_{mt}^2	e^2
Peso ao nascer	Modelo 4	0,20	-0,06	0,02	0,04					0,74
	Modelo 5	0,20	-0,06	0,02	0,04	0,00	0,00			0,74
	Modelo 6	0,20	-0,06	0,02	0,04			0,00	0,00	0,74
Peso aos 120 dias	Modelo 4	0,24	-0,41	0,08	0,12					0,62
	Modelo 5	0,24	-0,41	0,08	0,12	0,00	0,00			0,62
	Modelo 6	0,24	-0,41	0,08	0,12			0,00	0,00	0,62
Peso à desmama	Modelo 4	0,46	-0,64	0,10	0,11					0,47
	Modelo 5	0,46	-0,64	0,10	0,11	0,00	0,00			0,47
	Modelo 6	0,46	-0,64	0,10	0,11			0,00	0,00	0,47
Peso aos 12 meses	Modelo 4	0,37	-0,54	0,05	0,06					0,59
	Modelo 5	0,37	-0,54	0,05	0,06	0,00	0,00			0,59
	Modelo 6	0,37	-0,54	0,05	0,06			0,00	0,00	0,59
Peso aos 18 meses	Modelo 1	0,33								0,67
	Modelo 2	0,32					0,00			0,67
	Modelo 3	0,33							0,00	0,67
	Modelo 4	0,37	-0,45	0,06	0,02					0,62
	Modelo 5	0,37	-0,45	0,06	0,02	0,00	0,00			0,62
	Modelo 6	0,37	-0,45	0,06	0,02			0,00	0,00	0,62
Perímetro escrotal aos 18 meses	Modelo 1	0,57								0,43
	Modelo 2	0,50					0,03			0,48
	Modelo 3	0,57							0,00	0,43
	Modelo 4	0,41	-0,25	0,13	0,01					0,51
	Modelo 5	0,41	-0,34	0,11	0,02	0,00	0,02			0,51
	Modelo 6	0,41	-0,24	0,13	0,01			0,00	0,00	0,51

h_a^2 - herdabilidade direta; r_{am} - correlação entre efeito aditivo direto e materno; h_m^2 - herdabilidade materna; c_{ep}^2 - proporção da variância total devido aos efeitos de ambiente permanente; r_{eplc} - correlação entre o ambiente permanente e a linha materna; c_{lc}^2 - proporção da variância total devido aos efeitos de linha materna; r_{epmt} - correlação entre o ambiente permanente e o mtDNA; c_{mt}^2 - proporção da variância total devido aos efeitos do DNA mitocondrial; e^2 - proporção da variância total devido aos efeitos residuais.

Os coeficientes de herdabilidade encontrados para perímetro escrotal variaram de 0,41 a 0,57 para os diversos modelos estudados. Esses valores se encontram dentro da amplitude dos valores obtidos de 0,34 por Figueiredo (2001) até 0,77 por Quirino e Bergmann (1998) para bovinos da raça Nelore. Os maiores efeitos para linha materna foram encontrados nesta característica como demonstra a figura 7. Oliveira (2005) encontrou valores superiores (0,07) para o efeito de linha materna para a mesma característica.

Figura 7 - Proporções da variância total devida aos efeitos genéticos diretos (h_a^2), efeitos genéticos maternos (h_m^2), efeitos de ambiente permanente (c_{ep}^2), efeitos de linhagem materna (c_{lc}^2), efeito do DNA mitocondrial (c_{mt}^2), e efeitos residuais (e^2) para perímetro escrotal aos 18 meses.

4.2.2.2. CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE E CARÇA

Para as características reprodutivas e de carcaça não foi possível a utilização de linha materna ou DNA mitocondrial, pois elas apresentam um pequeno número de registros no banco de dados, o que poderia causar viés nas análises.

Quanto à herdabilidade desta característica, os valores encontrados são geralmente de baixa magnitude (BOURDON & BRINKS, 1982; TOELLE & ROBISON, 1985; SMITH et al., 1989; HAILE-MARIAM & KASSA-MERSHA, 1994; SILVA et al. 1998; BALIEIRO et al., 1999; FRAZIER et al., 1999). Em revisão feita por Koots et al. (1994), o coeficiente médio encontrado foi de 0,06. Lôbo et al. (2000), revisando trabalhos de regiões tropicais, encontraram média de 0,31, embora o resultado encontrado com maior frequência tenha sido 0,15, por ser uma característica altamente dependente da idade da primeira exposição ao touro.

Os resultados encontrados para este rebanho são apresentados na Tabela 16, onde se verifica um herdabilidade superior (0,59) as relatadas por Bertazzo et al. (2004), Dias et al (2004) e Silveira et al (2004). Isto pode ser devida à estrutura populacional deste rebanho.

A herdabilidade estimada para AOL foi de 0,41, sendo que Reverter et al. (2000) obtiveram estimativa igual a 0,37 para machos da raça Angus e 0,41 para machos da raça Hereford portanto, semelhante ao obtido no rebanho 2. Por outro lado Shepard et al. (1996), encontraram uma estimativa de coeficiente de herdabilidade de 0,11 em animais da raça Angus e Moser et al. (1998) obtiveram uma estimativa de $0,29 \pm 0,04$ em animais da raça Brangus. E para EGS estimou-se uma herdabilidade de 0,19 que se encontra na amplitude relatada na literatura de 0,04 (TURNER et al., 1990) e 0,56 (SHEPARD et al., 1996).

Quando foram analisadas em conjunto características de carcaça (AOL e EGS) e reprodutivas (IPP), não foi possível detectar qualquer relação entre elas. Este fato pode ter ocorrido pela falta de informação de medidas de carcaça realizadas diretamente na fêmea, foram utilizadas nestas análises dados de medidas de carcaça de machos e as ligações genéticas foram feitas através do pedigree dos animais.

Tabela 16 – Coeficientes de herdabilidade (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal) obtidos em análises bi-característica

Característica 1	Característica 2		
	IPP	AOL	EGS
IPP	0,59		
AOL	-0,01	0,41	
EGS	-0,01	0,35	0,19

4.2.3. AVALIAÇÃO GENÉTICA

Os dados descritivos dos valores genéticos estimados pelos modelos são apresentados nas Tabelas 17, 18 e 19.

Tabela 17 – Descrição dos valores genéticos diretos estimados para os modelos 4, 5 e 6, com número de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo dos valores genéticos das características.

Características	N	Modelo 6				Modelo 5				Modelo 4			
		Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
PN (kg)	16561	-0.03	0.69	-2.62	2.73	-0.03	0.69	-2.62	2.73	-0.03	0.69	-2.62	2.73
P120 (kg)	16561	-3.76	3.53	-19.35	13.47	-3.76	3.53	-19.35	13.47	-3.76	3.53	-19.36	13.47
PD (kg)	16561	6.41	10.33	-44.10	46.27	6.41	10.34	-44.11	46.28	6.41	10.33	-44.10	46.27
P12 (kg)	16561	0.47	7.04	-31.84	33.03	0.47	7.04	-31.83	33.01	0.47	7.04	-31.83	33.01
P18 (kg)	16561	2.46	9.66	-37.30	39.83	2.46	9.66	-37.32	39.85	2.46	9.66	-37.32	39.85
PE18 (cm)	16561	-0.18	0.65	-3.18	2.66	-0.18	0.65	-3.17	2.65	-0.18	0.65	-3.18	2.66

Tabela 18 – Descrição dos valores genéticos diretos estimados para os modelos 1, 2 e 3, com número de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo dos valores genéticos das características.

Características	N	Modelo 3				Modelo 2				Modelo 3			
		Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
P18 (kg)	16561	0.63	9.54	-37.56	38.76	0.63	9.54	-37.57	38.76	0.63	9.54	-37.57	38.76
PE18 (cm)	16561	-0.33	0.91	-4.70	3.68	-0.33	0.91	-4.70	3.67	-0.33	0.91	-4.70	3.67

Tabela 19 – Descrição dos valores genéticos maternos estimados para os modelos 4, 5 e 6, com número de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo dos valores genéticos das características.

Características	N	Modelo 6				Modelo 5				Modelo 4			
		Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
PN (kg)	16561	-0.06	0.17	-0.79	0.53	-0.06	0.17	-0.79	0.52	-0.06	0.17	-0.80	0.53
P120 (kg)	16561	0.54	1.83	-5.79	7.83	0.54	1.83	-5.79	7.83	0.54	1.83	-5.78	7.82
PD (kg)	16561	-2.73	3.64	-15.69	14.39	-2.74	3.64	-15.71	14.40	-2.74	3.64	-15.70	14.39
P12 (kg)	16561	-0.80	2.00	-8.50	5.83	-0.80	2.00	-8.50	5.83	-0.80	2.01	-8.51	5.84
P18 (kg)	16561	-3.50	3.22	-15.42	6.90	-3.50	3.22	-15.42	6.90	-3.50	3.22	-15.42	6.91
PE18 (cm)	16561	-0.32	0.34	-1.66	0.97	-0.30	0.32	-1.43	0.80	-0.32	0.34	-1.66	0.97

Na Tabela 20 são apresentados os dados descritivos de valores genéticos estimados pelos modelos propostos subdivididos em populações de mitocôndria de origem *taurus* e *indicus*.

Tabela 20 - Dados descritivos de valores genéticos estimados pelo Modelo 1 para P18 e PE18 e pelo modelo 4 para PN, P120, PD e P12

Características				Efeito Aditivo	mtDNA – <i>Bos indicus</i>				mtDNA – <i>Bos taurus</i>				
					N	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	N	Média	Desvio Padrão	Mínimo
Modelo 4	PN (kg)	*	Direto	521	0.00	0.70	-1.93	2.21	15299	-0.03	0.69	-2.62	2.73
			Materno	521	-0.03	0.16	-0.46	0.35	15299	-0.06	0.17	-0.65	0.53
	P120 (kg)	*	Direto	521	-3.61	3.41	-17.70	9.14	15299	-3.88	3.52	-19.36	13.47
			Materno	521	0.71	2.00	-4.77	7.12	15299	0.55	1.85	-5.78	7.70
	PD (kg)		Direto	521	6.22	10.78	-34.82	35.93	15299	6.67	10.37	-44.10	44.70
			Materno	521	-2.32	3.76	-11.57	8.95	15299	-2.85	3.64	-15.70	14.39
	P12 (kg)		Direto	521	0.10	7.17	-21.74	21.81	15299	0.52	7.12	-31.83	33.01
			Materno	521	-0.68	1.97	-7.18	4.85	15299	-0.85	2.02	-8.51	5.84
Modelo 1	P18 (kg)	*	Direto	521	0.14	9.05	-24.57	30.64	15299	0.68	9.68	-37.57	38.76
	PE18 (cm)		Direto	521	-0.38	0.88	-3.29	2.54	15299	-0.34	0.92	-4.70	3.67

* diferença significativa entre as médias a 0,05

Para as características de PN materno e P120 materno, os animais com mtDNA *indicus* apresentam uma pequena vantagem sobre os com mtDNA *taurus*, mas para P18, este quadro se inverte. Estas diferenças podem ter ocorrido devido ao número reduzido de animais que apresentavam mtDNA *indicus* causando um viés na amostra. Nota-se que há uma pequena superioridade para as características diretas para animais com mtDNA *taurus*, isto se deve provavelmente ao maior número de genes introgridos de origem *Bos taurus*.

Na Tabela 21 são apresentadas as médias de valor genético para cada padrão de DNA satélite, nota-se que animais com o padrão A têm menor média de valor genético do que animais portadores do padrão AB ou B, com exceção da média de valor genético direto para peso aos 12 meses. Isto deve ocorrer devida a maior taxa de introgressão nos padrões B e AB. Não foram detectadas diferenças significativas entre as médias dos padrões.

Tabela 21 – Média e Número de observações (N) por padrão de DNA satélite para as características P18 e PE18 (modelo1) e PN, P120, PD e P12 (modelo4).

Características	Efeito Aditivo	DNA Satélite					
		A		AB		B	
		N	Média	N	Média	N	Média
PN (kg)	Direto	36	0,06	180	0,22	48	-0,17
	Materno	36	-0,06	180	-0,02	48	-0,04
P120 (kg)	Direto	36	-4,34	180	-3,37	48	-3,86
	Materno	36	0,80	180	0,92	48	0,93
PD (kg)	Direto	36	9,90	180	12,95	48	11,54
	Materno	36	-3,61	180	-4,32	48	-3,66
P12 (kg)	Direto	36	3,60	180	5,05	48	3,30
	Materno	36	-1,16	180	-1,93	48	-0,83
P18 (kg)	Direto	36	5,08	180	6,29	48	7,72
PE18 (cm)	Direto	36	-0,01	180	-0,26	48	-0,19

5. CONCLUSÕES E IMPLICAÇÕES

1. O DNA mitocondrial é eficiente na identificação da real origem de uma população.
2. A Linha materna e o DNA mitocondrial não apresentaram efeitos significativos sobre as características estudadas neste rebanho.
3. Apesar da ausência de diferenças significativas entre as médias de valores genéticos para os diferentes padrões de DNA satélite, nota-se que animais com maior introgressão de genes *Bos taurus* apresentam maior valor genético, resultado este confirmado pelo DNA mitocondrial.
4. Mais estudos devem ser conduzidos avaliando os efeitos de linha materna e DNA mitocondrial em outros rebanhos para uma melhor compreensão da verdadeira contribuição destes efeitos nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte.
5. O efeito da precocidade de acabamento sobre a precocidade sexual deve ser estudado em uma estrutura de dados mais adequada.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCZ. Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. Uberaba. Disponível em: <<http://www.abcz.com.br>>. Acesso em: 20 jun 2005.

ABREU, U.G.P.; OLIVEIRA FILHO, E.B.; BIANCHINI SOBRINHO, E. Herança da precocidade sexual em novilhas Nelore, variedade pele rosa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 28., João Pessoa, 1991. **Anais**. João Pessoa: SBZ, 1991. p. 551.

ALBERTS, B.; BRAY, D.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WATSON, J. D. *Molecular biology of the cell*. 3 ed. New York: Garland Pub., c1994. 1294 p.

ALBUQUERQUE, L.G.; KEOWN, J.F.; VAN VLECK, L.D. Variances of direct genetic effects, maternal genetic effects and cytoplasmic inheritance effects for milk yield, fat yield and fat percentage. **Journal Dairy Science**. v. 81, p. 544 – 549, 1998.

ALENCAR, M.M.; TREMATORE, R.L.; BARBOSA, P.F.; FREITAS, A.R. Efeitos da linhagem citoplasmática sobre características de crescimento em bovinos da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.27, n.2, p.272-276, 1998.

ANDERSON, S. ; BANKER, A.T.; BARREL, B. G.; DE BRUIJIN, M. H. L.; COULSON, A. R.; DROUIN, J.; EPERON, L. C.; NIERLICH, D. P.; ROE, B. A.; SANGER, F.; SCHREIER, P. H.; SMITH, A. J. H.; STADENM, R.; YONG, L. G. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. **Nature**, v. 290, p. 457-465, 1981.

ANUALPEC. Anuário da Pecuária Brasileira. FNP Consultoria e Comércio. São Paulo: Editora Argos, 2004. p. 63 e 180.

ASBIA. Associação Brasileira de Inseminação Artificial. Uberaba Disponível em: <<http://www.asbia.org.br>>. Acesso em: 20 jun 2005.

BAILEY, C.M.; JESEN, J.; ANDERSEN, B.B. Ultrasonic scanning and body measurements for predicting composition and muscle distribution in young Holstein x Friesian bulls. **J. Anim. Sci.**, v.63, p. 1337 - 1346, 1986.

BALIEIRO, E.S.; PEREIRA, J.C.C.; VERNEQUE, R.S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de tendência fenotípica, genética e de ambiente de algumas características reprodutivas na raça Gir. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v. 51, p. 371-376, 1999.

BELL, B.R.; McDANIEL, B.T.; ROBISON, O.W. Effects of cytoplasmic inheritance on production traits of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**. v. 68, n. 8, p. 2038 – 2051, 1985.

BERGFELD, E. G. M., KOJIMA, F. N., CUPP, A. S., et al. Ovarian follicular development in prepubertal heifers is influenced by level of dietary energy intake. **Biol. Reprod.**, v.51, n.5, p.1051-1057, 1994.

BERIDZE. Satellite DNA. Berlin/Heidelberg Germany: Springer-Verlag, 1986.

BERTAZZO, R. P.; FREITAS, R. T. F.; GONÇALVES, T. M.; PEREIRA, I. G.; ELER, J. P.; FERRAZ, J.B.S.; OLIVEIRA, A. I. G., ANDRADE, I. F. Parâmetros Genéticos de Longevidade e Produtividade de Fêmeas da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.5, p.1118-1127,2004

BEUZEN, N. D.; STEAR, M. J.; CHNAG, C. Molecular markers and their use in animal breeding. **Veterinary Journal**. V. 160 N.1, P. 42-52, 2000.

BIFFANI, S.; MARTINS FILHO, R.; LUCIFERO, M. et al. Características reprodutivas de fêmeas da raça Nelore criadas na região nordeste do Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., Viçosa, 2000. **Anais**. Viçosa: SBZ, 2000. p. 202.

BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LÔBO, R.B.; BEZERRA L.F. Estimação de componentes de (co)variâncias e predição de DEP's para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore, usando diferentes modelos estatísticos. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** v. 54, n.3, 2002.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; KACHMAN, S.D. A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA-ARS, 1995.

BOURDON, R.M.; BRINKS, J.S. Genetic, environmental and phenotypic relationships among gestation length, birth weight, growth traits and age at first calving in beef cattle. **J. Anim. Sci.**, v. 55, p. 542-553, 1982.

BRADLEY, D. G.; MACHUGH, D. E.; CUNNINGHAM, E. P; LOFTUS, R. T. Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proceedings of the National Academy of Science*, USA, v. 93, p. 5131-5135, 1996.

BRINKS, J.S.; McINERNEY, M.J.; CHENOWETH, P.J. Relationships of age at puberty in heifers to reproductive traits in young bulls. In: WESTERN SECTION OF THE AMERICAN SOCIETY OF ANIMAL PRODUCTION, USA, 1978. **Proceedings**. USA, v. 29, 1978. p. 28-30.

BROWN, W. M.; GEORGE, M.; WILSON, A. C. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Science*, USA, v. 76, p. 1967-1971, 1979.

BROWN, D.R. et al. Molecular analysis of cytoplasmic genetic variation in Holstein cows. **Journal of Animal Science**. v. 67, p. 1926 – 1932, 1989.

CHARLESWORTH, B.; SNLEGOWSKI, P.; STEPHAN, W. The evolutionary dynamics of repetitive DNA in eukaryotes. **Nature**, v. 371, p. 215-220, 1994.

CHINNERY, P. F.; TURNBULL, D. M. Mitochondrial DNA mutations in the pathogenesis of human disease. **Molecular Medicine Today**, v. 6, n. 11, p. 425-432, 2000.

CORRENS, C. Vererbungsversuche mit blass (gelb) grünen und buntblattrigen Sippen bei *Mirabilis*, *Urtica*, und *Lunaria*. *Zeit Vererbungs*, v.1, p. 291-329, 1909.

CUMMINS, J. **Mitochondrial DNA in mammalian reproduction**. *Reviews of reproduction*, v. 3, p. 172-182, 1998.

CYRILLO, J. N. S. G.; ALENCAR, M. M.; RAZOOK, A., MERCADANTE, M. E. Z.; FIGUEIREDO, L. A. Modelagem e Estimação de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos para Pesos do Nascimento à Seleção (378 dias) de Machos Nelore. **R. Bras. Zootec.**, v.33, n.6, p.1405-1415, 2004

DIAS, L.T.; FARO, L.E.; FRIES, L.A. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para perímetro escrotal e idade ao primeiro parto em animais da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., Viçosa, 2000. **Anais**. Viçosa: SBZ, 2000. p. 223.

DIAS, L. T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de Herdabilidade para Perímetro Escrotal de Animais da Raça Nelore. **R. Bras. Zootec.**, v.32, n.6, p.1878-1882, 2003 (Supl. 2)

DIAS, L. T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de Herdabilidade para Idade ao Primeiro Parto de Novilhas da Raça Nelore. **R. Bras. Zootec.**, v.33, n.1, p.97-102, 2004

DUNN, T. G., MOSS, G. E. Effects of nutrient deficiencies and excesses on reproductive efficiency of livestock. **J. Anim. Sci.**, v.70, n.5, p.1580-1593, 1992.

ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S.; LOBO, R.B. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal Animal Science**. v. 73, p. 3253 – 3258, 1995.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimado por modelo animal. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v. 48, n. 2, p. 203 – 213, 1996.

FERRAZ, V. F., FIGUEIREDO JUNIOR, G. A., Produção. [on line] < <http://www.sic.org.br/imprimir/producao.asp> >. Acesso em 20 jun 2005

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

FOSTER, D.L.; NAGATANI, S. Physiological perspectives on leptin as a regulator of reproduction: role in timing puberty. **Biol. Reprod.**, v.60, n.2, p.205-215, 1999.

FRAZIER, E.L.; SPROTT, L.R.; SANDERS, J.O. et al. Sire marbling score expected progeny difference and weaning weight maternal expected progeny difference associations with age at first calving and calving interval in Angus beef cattle. **J. Anim. Sci.**, v. 77, p. 1322-1328, 1999.

FRISCH, R.E. Pubertal adipose tissue: is it necessary for normal sexual maturation? Evidence from the rat and human female. **Fed. Proc.**, v.39, n.7, p. 2395-400, 1980.

GEORGE, A.; LIU, J.; NG, E. User guide for SPARSPACK: Waterloo sparse linear equations package. CS-78-30, Dept. Computer Sci., Univ. Waterloo, ON, Canada, 1980.

GIBSON, J.P.; FREEMAN, A.E.; BOETTCHER, P.J. Cytoplasmic and mitochondrial inheritance of economic traits in cattle. **Livestock Production Science**. v. 47, p. 115 – 124, 1997.

GILES, R. E. et al. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Science, USA*, v.77, p. 6715-6719, 1980.

GRESSLER, S.L.; BERGMANN, J.A.G.; PENNA, V.M. et al. Estudo das associações genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., Botucatu, 1998. **Anais**. Botucatu: SBZ, v.3, 1998. p. 368-370.

GUNSKI, R. J. **Efeito do DNA mitocondrial sobre características de crescimento na raça nelore**. 2001. 69f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2001.

HAILE-MARIAM, M.; KASSA-MERSHA, H. Genetic and environmental effects on age at first calving and calving interval of naturally bred Boran (zebu) cows in Ethiopia. **Anim. Prod.**, v. 58, p. 329-334, 1994.

HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: STATISTICAL GENETICS AND PLANT BREEDING. **NAS-NRC Publication 982**, 1963.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, p. 423-447, 1975.

HIRAOKA, J., HIRAO, Y. Fate of sperm tail components after incorporation into the hamster egg. *Gamete Research*, v. 19, p. 369-380, 1988.

HONENBOKEN, W.D. Maternal effects. In: CHAPMAN, A.B **General and quantitative genetics**. Amsterdam: Elsevier, 1985. p. 135 – 150.

HUIZINGA, H.A.; KORVER, S.; McDANIEL, B.T. e POLITIEK, R.D. Maternal effects due to cytoplasmic inheritance in dairy cattle. Influence on milk production and reproduction traits. **Livestock Production Science**. v. 15, p. 11-26, 1986.

HUTCHINSON, C. A. et al. Maternal inheritance of mammalian mitochondrial DNA. **Nature**. v. 251, p. 536-538, 1974.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Brasília. Disponível em: < <http://www.ibge.gov.br/> >. Acesso em: 20 jun 2005.

KENNEDY, B.W. A further look at evidence for cytoplasmic inheritance of production traits in dairy cattle. **Journal Dairy Science**. v. 69, n. 12, p. 3100 – 3105, 1986.

KIRKPATRICK, B.W.; DENTINE, M.R. An alternative model for additive and cytoplasmic genetic and maternal effects on lactation. **Journal Dairy Science**. v. 71, n. 9, p. 2502 – 2507, 1988.

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; WILTON, J.W. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits: 2. Phenotypic and genetic correlations. **Anim. Breeding Abstr.**, v. 62, p. 825-853, 1994.

LEWIN, B. *Genes VII*. Oxford: Oxford University Press, 2000. 989 p.

LÔBO, R.N.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Anim. Breeding Abstr.**, v.68, n.6 p.433-462, 2000.

LOFTUS, R. T. et al. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, v. 91, p. 2757-2761, 1994a.

LOFTUS, R. T. et al. Mitochondrial genetic variation in European, African, and Indian cattle populations. *Animal Genetics*, v. 25, p. 265-271, 1994b.

LUCHIARI FILHO, A. Nelore: sinônimo de carne bovina no Brasil. [on line] Disponível na internet via WWW. URL: <http://www.beefpoint.com.br/secoes/radar/detradar.asp?dicasid=117&secoesid=72000>. Arquivo recuperado em 03 de maio de 2001.

MACAYA, G.; CORTADAS, J.; BERNARDI, G. Analysis of bovine genome by density-gradient centrifugation – preparation of dg+dc-rich dna components *European Journal Biochemistry*, v. 84, n. 1, p. 179-188, 1978.

MARCONDES, C.R. **Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore**. 1999. 93f. Dissertação (Mestrado) – Escola de Veterinária. Universidade Federal de Minas Gerais, 1999.

MARCONDES, C.R., GAVIO, D., BITTENCOURT, T.C.C. *et al.* Estudo de modelo alternativo para estimação de componentes de (co)variância e predição de valores genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** vol.54, no.1, p.93-99, 2002.

MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.B. Estimates of genetic correlations between sire scrotal circumference and offspring age at first calving in Nellore cattle. **Rev. Bras. Genet.**, v. 14, p. 209-12, 1991.

MEIRELLES, F.V.; ROSA, A.J.M.; LOBO, R.B., GARCIA, J.M.; SMITH, L.C.; DUARTE, F.A.M. Is the american zebu really *Bos indicus*? **Genetics and Molecular Biology**. v. 22, n. 4, p.543 – 546, 1999.

MERCADANTE, M.E.Z. **Estudo das relações genético-quantitativas entre características de reprodução, crescimento e produção em fêmeas da raça Nelore**. Ribeirão Preto, 1995. 90 p. Dissertação (mestrado) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo.

MOSER, D.W.; BERTRAND, J.K.; MIZTAL, I.; KRIESE, L.A.; BENYSHEK, L.L.; Genetic parameter estimates for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. **J. Anim. Sci.** V.76, p.2542-2548, 1998.

MOURÃO, G.B. Programa LinMat, 2004, Comunicação pessoal.

NIJMAN, I. J. *et al.* Satellite DNA polymorphisms and AFLP correlate with *Bos indicus*-*taurus* hybridization. **Animals Genetics**, v. 30, p. 265-273, 1999.

NIJMAN, I. J.; LENSTRA, J. A. Mutation and recombination in cattle satellite DNA: a feedback model for the evolution of satellite DNA repeats. **Journal of Molecular Evolution**, v. 52, p. 361-371, 2001.

OLIVEIRA, H. P. Q. **Análise genética dos efeitos de linhagem materna em um rebanho Nelore**. 2005. 90f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

OWENS, F.N., DUBESKI, P., HANSON, C.F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **J. Anim. Sci.**, v.71, n.11, p.3138-50, 1993.

PEGORARO, L. *et al.* Sequence comparison of mitochondrial tRNA genes and origin of light strand replication in *Bos taurus* and Nellore (*Bos indicus*) breeds. **Animal Genetics**, v. 27, p. 91-94, 1996.

PELICIONI, L.C.; QUEIROZ, S.A. Efeito da linhagem citoplasmática sobre o peso ao nascer e o ganho médio diário na pré-desmama em bovinos da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 30, n. 1, p. 101 – 108, 2001.

PEREIRA, J.C.C.; AYALA, J.M.N.; OLIVEIRA, H.N. Efeitos genéticos e não-genéticos sobre a idade ao primeiro parto e o intervalo entre partos de duas populações da raça Nelore. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v. 42, p. 93-102, 1991.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. et al. Análise genética da correlação entre idade ao primeiro parto e perímetro escrotal em um rebanho Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., Viçosa, 2000. **Anais**. Viçosa: SBZ, 2000a. p. 193.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. et al. Análise genética da idade ao primeiro parto na raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., Belo Horizonte, 2000. **Anais**. Belo Horizonte: SBMA, 2000b. p. 430-432.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. et al. Análise genética do intervalo de partos e do primeiro intervalo de partos na raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., Belo Horizonte, 2000. **Anais**. Belo Horizonte: SBMA, 2000c. p. 433-434.

PEREIRA, E., ELER, J.P. e FERRAZ, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** vol.53, no.6, p.720-727, 2001.

PIMENTA FILHO, E.C.; LEITE, M.E.V.F. Idade à primeira cria e intervalo entre partos em vacas Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 26., Porto Alegre, 1989. **Anais**. Porto Alegre: SBZ, 1989. p. 252.

PRES, W.H.; FLANNERY, B.P.; TEUKOLSKY, S.A. et al. **Numerical recipes**. Cambridge University Press, Cambridge, MA, 1986.

QUIRINO, C.R.; BERGMANN, J.A.G. Heritability of scrotal circumference adjusted and unadjusted for body weight in Nelore bulls, using univariate and bivariate animal models. **Theriogenology**, v.49, p.1389-1396, 1998.

RAABER, S.; ESSL, A. Estimation of cytoplasmic effects for dairy, beef and reproduction traits in an experimental cattle herd. **Zuchtungskunde**. v. 68, n. 3, p. 178 -192, 1996.

RAO, C.R. **Linear statistical inference and its applications**. 2 ed. New York: J. Wiley and Sons. 1973. p. 417 – 420.

REED, P.D. e VAN VLECK, L.D. Lack of evidence of cytoplasmic inheritance in milk production traits of dairy cattle. **Journal Dairy Science**. v. 701, p. 837-841, 1987.

REVERTER, A.; JOHNSTON, D.J.; GRASER, H.U.; WOLCOTT, M.L.; UPTON, W.H. Genetic analyses of live-animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. **J. Anim. Sci.** V.78, p.1786-1795, 2000.

RIPAMONTE, P. **Estimativa da participação do genoma de *Bos taurus* no rebanho Nelore**, 2002. 57 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2002.

RON, M., GENIS, I.; EZRA, E.; YOFFE, O.; WELLER, J.I.; SHANI, M. Mitochondrial DNA polymorphism and determination of effects on economics traits in dairy cattle. **Anim Biotechnol.** V.3, p. 183-186, 1993.

SAMBROOK J., FRITSCH E. F.; MANIATIS T. 2001 Molecular cloning: A laboratory manual. Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York , NY, USA.

SANTIAGO, A.A. **O Nelore**. São Paulo: Editora dos Criadores, 1983. p. 44 – 50.

SANTIAGO, A.A. **O Zebu: na Índia, no Brasil e no mundo**. Campinas: Instituto Campineiro de Ensino Agrícola, 1985. p. 442 – 463.

SANTOS, R. **O Zebu: Edição comemorativa dos 60 anos do registro genealógico**. Uberaba: Editora Agropecuária Tropical, 1998.

SCHUTZ, M.M.; FREEMAN, A.E. Evidence for nonnuclear inheritance in a herd selected for high and average milk yield. **Journal Dairy Science.** v. 71, suppl. 1, p. 144, 1988.

SCHUTZ, M.M.; FREEMAN, A.E.; BEITZ, D.C.; MAYFIELD, J.E. The importance of maternal lineage on milk yield traits of dairy cattle. **Journal Dairy Science.** v. 75, n. 5, p. 1331 – 1341, 1992.

SERENO, J.R.B., SATURNINO, H.M., RUAS, J.R.M., et al. Efeito da suplementação alimentar no ganho de peso e desempenho reprodutivo de novilhas Nellores pós-desmama. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v.15, n.1-2, p.53-63, 1991.

SHEPARD, H.H.; GREEN, R.D.; GOLDEN, B.L.; HAMLIM, K.E.; PREKINS, T.L.; DILES, J.B. Genetic parameter estimates of live animal ultrasonic measures of retail yield indicators in yearling breeding cattle. **J. Anim. Sci.** V. 74, p.761-768, 1996.

SHITARA, H.; HAYASHI, J. I.; TAKAHAMA, S.; KANEDA, H.; YONEKAWA, H. Maternal inheritance of mouse mtDNA in interspecific hybrids: segregation of the leaked paternal mtDNA followed by the prevention of subsequent paternal leakage. **Genetics**, v. 148, p. 851-857, 1998.

SILVA, A.M.; ALENCAR, M.M.; OLIVEIRA, M.C. et al. Correlações genéticas entre peso de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., Porto Alegre, 1999. **Anais.** Porto Alegre: SBZ, 1999. p. 156.

SILVA, M.V.G.B.; BERGMANN, J.A.G.; MARTINEZ, M.L. et al. Associação genética, fenotípica e de ambiente entre medidas de eficiência reprodutiva e produção de leite na raça Holandesa. **Rev. Bras. Zootec.**, v. 27, p. 1115-1122, 1998.

SILVEIRA, J. .C.; McMANUS C.; MASCIOLI, A. S.; SILVA, L. O. C.; SIVEIRA, A., C.; GARCIA, J. A. S.; LOUVANDINI, H. Fatores Ambientais e Parâmetros Genéticos para Características Produtivas e Reprodutivas em um Rebanho Nelore no Estado do Mato Grosso do Sul. **R. Bras. Zootec.**, v.33, n.6, p.1432-1444, 2004.

SIMÃO, G. **O que estará faltando para o zebu conquistar o mundo?** Disponível em: <<http://www.abcz.com.br>>. Acesso em: 03 de março de 2005.

SIQUEIRA, R. L. P. G.; OLIVEIRA, J. A.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; TONHATI, H. Análise da Variabilidade Genética Aditiva de Características de Crescimento na Raça Nelore. **R. Bras. Zootec.**, v.32, n.1, p.99-105, 2003.

SMITH, B.A.; BRINKS, J.S.; RICHARDSON, G.V. Estimation of genetic parameters among reproductive and growth traits in yearling heifers. **J. Anim. Sci.**, v. 67, p. 2886-2891, 1989.

SMITH, S.P.; GRASER, H.U. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. **J. Dairy Sci.**, v. 69, p. 1156-1165, 1986.

SNEDECOR W.G. & COCHRAN W.G. Statistical methods, 6. ed. Ames : The Iowa State University Press, 1978. 593p.

STEPHAN, W. Recombination and evolution of satellite DNA. *Genetic Research*. v. 47, p. 167-174, 1986.

STREECK, E. R. Inserted sequences in bovine satellite DNA`s. *Science*, v. 213, p. 443 – 445, 1981.

TAPAROWSKY, E. J.; GERBI, S. A. Structure of 1711b gm/cm³ bovine satellite DNA: evolutionary relationship to satellite I. *Nucleic Acids Research*, v. 10, p. 5503-5515, 1982.

TESS, M.W.; ROBISON, O.W. Evaluation of cytoplasmic genetic effects in beef cattle using na animal model. **Journal Animal Science**. v. 65, p. 1899 – 1909, 1990.

TESS, M.W.; MacNEIL, M.D. Evaluation of cytoplasmic genetics effects in miles city line 1 Hereford cattle. **Journal Animal Science**. v. 72, p. 851 – 856, 1994.

TOELLE, V.D.; McDANIEL, B.T.; ROBISON, O.W. Cytoplasmic effects in swine. **Journal Animal Science**. v. 63, suppl. 1, p. 203, 1986.

TURNER, J.W., PELTON, L.S., CROSS, H.R. Using live animal ultrasound measures of ribeye area and fat thickness in yearling Hereford bulls. **J. Anim. Sci.**, v.68, n.11, p.3502-3506, 1990.

VAN MELIS, Marcelo Hessel, ELER, Joanir Pereira, SILVA, Josineudson Augusto II de Vasconcelos *et al.* **Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e Â.** *R. Bras. Zootec.* [online]. nov./dez. 2003, vol.32, no.6, supl.1.

VIACAVA, C.; CASTANHO FILHO, E. P.; PIRES, G.; JOSAHKIAN, L. A.; BARBOSA JÚNIOR, N. S.; PINEDA, N.; FELÍCIO, P. E.; LÔBO, R. B. L. *Nelore: o boi ecológico que está conquistando o mundo*. São Paulo: Peirópolis, 2000. 107 p.

WARING, M.; BRITTEN, R. J. Nucleotide sequence repetition - a rapidly reassociating fraction of mouse DNA. **Science**, v. 154, p. 791, 1966.