

# Marcadores moleculares e lócus quantitativos: uma contribuição para a caprino-ovinocultura de corte no Nordeste do Brasil<sup>1</sup>

João Luís Rocha<sup>2</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>3</sup>, Alexandre Rodrigues Caetano<sup>4</sup>  
e Wandrick Hauss de Sousa<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Trabalho apresentado no 3º Simpósio Internacional sobre Caprinos e Ovinos de Corte - 3º SINCORTE, em João Pessoa, Paraíba, Brasil, Novembro 2007

<sup>2</sup> Genearch Aquacultura Ltda, Praia de Pititinga, RN. E-mail: johnrocha@genearch.com.br

<sup>3</sup> Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, USP-Pirassununga, SP. E-mail: jbferraz@usp.br

<sup>4</sup> Centro Nacional de Recursos Genéticos, EMBRAPA, Brasília, DF. E-mail: acaetano@cenargen.embrapa.br

<sup>5</sup> Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária (EMEPA), João Pessoa, PB. E-mail: wandrick@emepa.org.br

**Resumo** - Este artigo debate a temática da utilização de marcadores para a identificação de lócus quantitativos (QTLs), e suas possíveis contribuições para a caprino-ovinocultura de corte no Nordeste do Brasil, com incidência em dois sistemas de cruzamento terminais: Dorper x Santa Inês, em ovinos, e Boer x cruza Anglo-Nubiana x SRD, em caprinos. São propostos delineamentos experimentais para a identificação de QTLs nas duas situações: um esquema familiar com base em meios-irmãos na raça Santa Inês, e um esquema F<sub>2</sub> visando à formação de um possível sintético Anglo-Nubiano x SRD. São discutidas as características-alvo, como qualidade e rendimento de carcaça e carne, reprodução e resistência a parasitos; possíveis tamanhos de amostras; a utilização dos QTLs identificados em esquemas de melhoramento; e a viabilidade e utilidade de um projeto de pesquisa desta natureza no Nordeste do Brasil.

## INTRODUÇÃO

Preende-se com este trabalho estimular uma discussão sobre a viabilidade e utilidade de projetos para mapeamento de QTLs no contexto da caprino-ovinocultura de corte do Nordeste do Brasil. Como van der Werf (2007) bem assinala: "...em programas de melhoramento menos sofisticados, investimentos em sistemas de coleção de dados de pedigree e desempenho são provavelmente mais rentáveis do que investimentos em tecnologias gênicas. A aplicação de MAS ou MAI (seleção ou absorção assistida por marcadores) não é geralmente uma prioridade nos países em desenvolvimento, mas oportunidades existem desde que hajam características-alvo bem identificadas, e um programa de melhoramento com objetivos bem definidos e metodologias de seleção baseadas em critérios de desempenho".

A primeira questão será indagar se a caprino-ovinocultura de corte do Nordeste, e seu melhoramento genético, se encontram num estágio de desenvolvimento que justifique este tipo de pesquisas de natureza gênica. Se os sistemas de coleção de dados de

pedigree e de desempenho, e os programas de melhoramento genético em geral, já evidenciam uma maturidade e uma solidez que permitam encarar com naturalidade e propriedade este tipo de objetivos que requerem uma maior sofisticação tecnológica enquanto oferecendo retornos com um maior grau de risco e menos garantias. Por outro lado, mesmo a resposta à questão anterior não sendo inteiramente positiva, outra questão de interesse e relevante é a que se prende com a existência de oportunidades que possam ser claras e bem identificadas.

Vários autores têm-se referido aos marcadores moleculares e à identificação de QTLs como áreas promissoras para a caprino-ovinocultura e seu melhoramento genético (Lôbo & Lôbo, 2007; McManus et al., 2007). Infelizmente, porém, e numa perspectiva histórica, as promessas associadas a estas tecnologias contêm aspectos ilusórios e são difíceis de converter em realidades (Rocha et al., 1995). A perspectiva apresentada por van der Werf (2007) é equilibrada e realista. Concentremos então nosso foco na avaliação de oportunidades que possam existir no

âmbito da caprino-ovinocultura de corte do Nordeste, lembrando que aquelas características que mais se justifica serem alvo de ações de melhoramento desta natureza são aquelas mais difíceis de melhorar por métodos clássicos (Rocha et al., 2002), por razões várias como dificuldade de mensuração nos candidatos à seleção e baixa herdabilidade: nomeadamente características de carcaça e qualidade da carne, características de eficiência reprodutiva, índices de conversão alimentar, resistência a doenças e parasitoses (van der Werf, 2007).

No caso dos ovinos, o potencial da raça Santa Inês tem sido destacado por inúmeros autores e trabalhos (Sousa & Morais, 2000; Gonzaga Neto et al., 2006; Gonzalez, 2006; Morais & Albuquerque, 2006), mesmo quando cumprindo funções de linhagem paterna e linhagem completa (Lôbo & Sousa, 2006), e sua utilização como linhagem materna em sistemas de cruzamento terminal com raças como a Dorper recomendada (Gonzaga Neto et al., 2006; Sousa et al., 2006). Limitações que se reconhecem na raça Santa Inês têm incidido na necessidade de melhorar suas características de carcaça (Sousa, 1998; Sousa & Morais, 2000; Gonzaga Neto et al., 2006;

Morais & Albuquerque, 2006; Lôbo & Sousa, 2006), sua conversão alimentar (Lôbo & Sousa, 2006; Moraes & Albuquerque, 2006), e sua habilidade materna, prolificidade e características de eficiência reprodutiva em geral (Gonzalez, 2006; Lôbo & Sousa, 2006; Moraes & Albuquerque, 2006). Apesar de considerada uma raça com elevado grau de resistência às endoparasitoses gastrintestinais (Sousa, 1987; Moraes & Albuquerque, 2006), a grande importância econômica que estas verminoses representam para a produção de pequenos ruminantes no Nordeste (Vieira, 2006) sempre justifica a sua inclusão num projeto de pesquisa desta natureza.

O potencial da raça Santa Inês, suas alternativas de utilização como linhagem paterna, materna ou completa (Lôbo & Sousa, 2006; Gonzaga Neto et al., 2006; Sousa et al., 2006), suas necessidades de melhoramento já identificadas no contexto destas diferentes funções, e os múltiplos estudos já realizados (Gonzaga Neto et al., 2006; Sousa et al., 2006) comunicando uma clareza de objetivos e uma abundância de critérios de desempenho para fundamentar metodologias de seleção, parecem configurar uma oportunidade para a aplicação de tecnologias gênicas (MAS, marcadores moleculares e identificação de QTLs) como definido e citado acima de van der Werf (2007).

Da mesma forma, vários estudos conduzidos em caprinos (Sousa et al., 2006) conduziram à recomendação de um sistema de cruzamento terminal tendo como linhagem paterna a raça Boer, e como linhagem materna uma cruzada Anglo-Nubiana x SRD (Sousa et al., 2006). Neste contexto, a formação de uma população sintética Anglo-Nubiana x SRD, com necessidades de melhoramento similares às descritas acima para a raça Santa Inês, configuraria um objetivo possivelmente desejável e merecedor de consideração. Esta constituiria, pelas mesmas razões, outra oportunidade para a aplicação de tecnologias gênicas no contexto da caprino-ovinocultura do Nordeste do Brasil.

## DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS PARA A IDENTIFICAÇÃO DE QTLs

Uma revisão cabal das metodologias estatísticas e delineamento experimentais para a identificação de QTLs pode ser encontrada em Rocha et al. (2002). Ilustram-se abaixo aqueles delineamentos experimentais mais pertinentes para as duas oportunidades identificadas acima: um esquema familiar com base em meios-irmãos (Figura 1), que poderia ser aplicável no caso da Santa Inês, e um esquema  $F_2$  com base num cruzamento de duas raças (Figura 2), que poderia ser aplicável no caso do possível sintético Anglo-Nubiano x SRD que referimos.

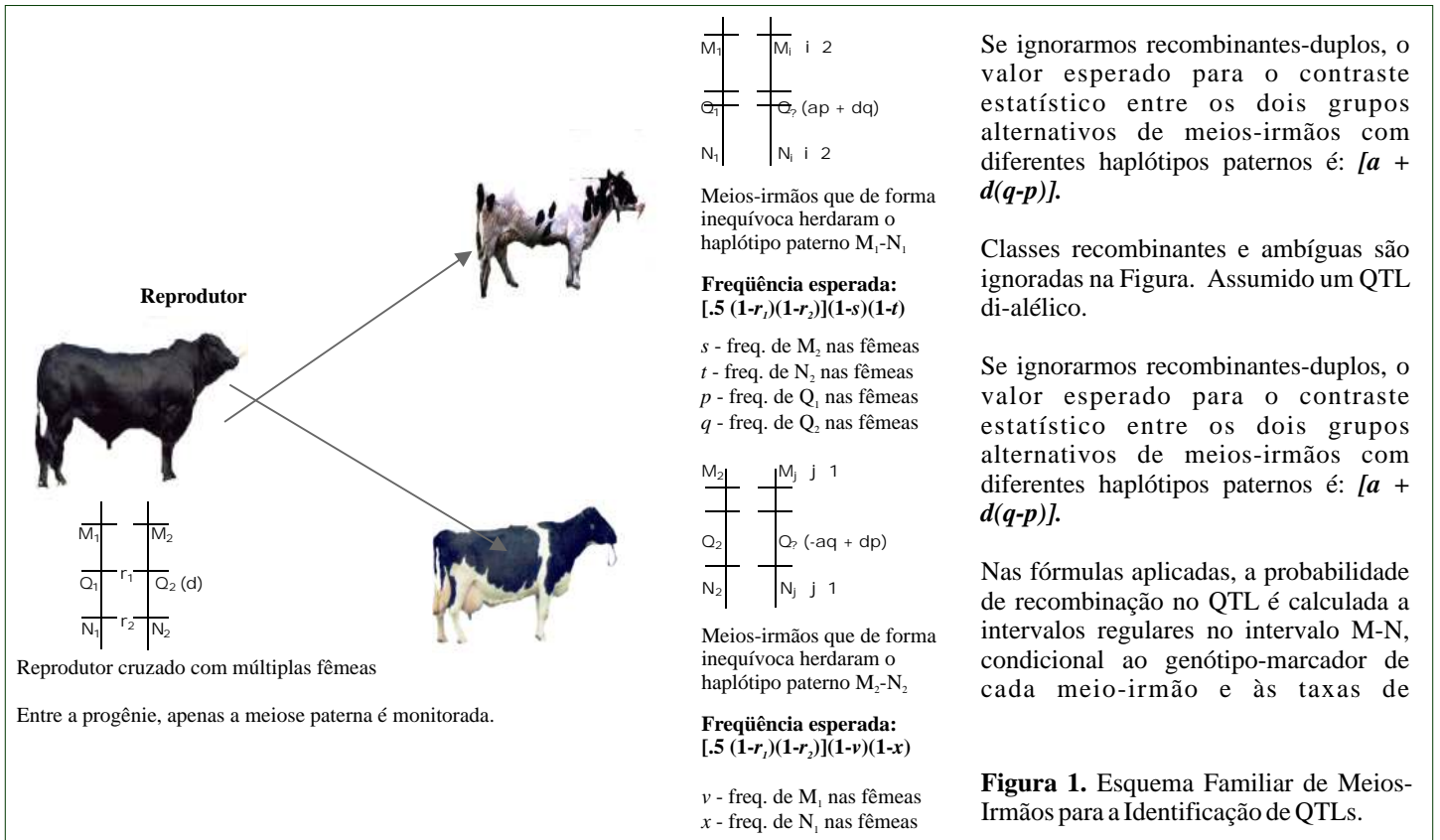
Como é ilustrado nestas figuras, o ponto de partida para a identificação de QTLs é sempre um animal de referência que terá necessariamente de ser pelo menos duplo heterozigótico, para um marcador genético, e para o hipotético QTL que se busca, na vizinhança do marcador. No caso das Figuras, ilustra-se o conceito de "interval mapping" (mapeamento flanqueado por dois marcadores), então o animal de referência do delineamento terá de ser triplo heterozigótico, para os dois marcadores ( $M$  e  $N$ ) e para o QTL ( $Q$ ) no intervalo. No caso da Figura 1, que se aplicaria no caso da Santa Inês, o animal de referência do delineamento é um reprodutor que é cruzado com múltiplas fêmeas. No caso da Figura 2, que se aplicaria no caso da cruzada  $F_2$  Anglo-Nubiano x SRD, os animais de referência do delineamento são os  $F_1$ 's da cruzada referida.

Num caso e noutro, a essência do delineamento experimental é a existência hipotética de um QTL num intervalo flanqueado por dois marcadores genéticos. O QTL é um gene que determina um impacto quantitativo numa qualquer característica, e que nestas figuras é assumido como tendo dois alelos,  $Q_1$  e  $Q_2$ . O alelo  $Q_1$ , em ambas as figuras, é assumido como tendo um efeito quantitativo  $+a$ , enquanto o alelo  $Q_2$  é

assumido com um efeito quantitativo  $-a$ . Estes efeitos alélicos implicam que a diferença quantitativa entre os genótipos  $Q_1Q_1$  e  $Q_2Q_2$  tem um valor mensurável de  $2a$ , sendo  $d$  o valor genotípico do heterozigótico  $Q_1Q_2$ . Este QTL e seus alelos não são monitorados diretamente, pois nada os assinala. Eles podem apenas ser monitorados através de uma diferença estatisticamente significativa entre os genótipos alternativos dos marcadores genéticos que flanqueiam o QTL (os marcadores, sim, são detectáveis e seus genótipos monitorados).

Não havendo QTL no intervalo entre os marcadores, a diferença esperada entre os genótipos-marcadores  $M_1M_1-N_1N_1$  e  $M_2M_2-N_2N_2$  na descendência dos animais de referência é  $0$ , pois estes marcadores não determinam qualquer efeito quantitativo *per se*. Havendo um QTL no intervalo, e este QTL sendo heterozigótico como ilustrado nas Figuras 1 e 2, a diferença quantitativa entre os referidos genótipos-marcadores na descendência dos animais de referência será agora estatisticamente diferente de  $0$ . O valor quantitativo desta diferença depende do delineamento experimental que se considere, e também da distância (frequência de recombinação  $-r$ ) entre os marcadores e o QTL. O tamanho da amostra que se utilize no delineamento experimental vai impactar o poder estatístico dos testes para detecção de QTLs (Rocha et al., 2002). Quanto maior a amostra menor o efeito do QTL que será detectável estatisticamente.

Esta é a essência estatística e genética dos delineamentos experimentais para a detecção de QTLs, que se baseiam na existência de um gene (QTL) que determina um impacto quantitativo numa qualquer característica, e na possibilidade de se detectar estatisticamente esse efeito quantitativo quando se contrastam estatisticamente, na descendência, as médias de genótipos alternativos para marcadores que se encontram suficientemente próximos do QTL para segregarem em conjunto com frequências de recombinação ( $r$ ) inferiores a .5.



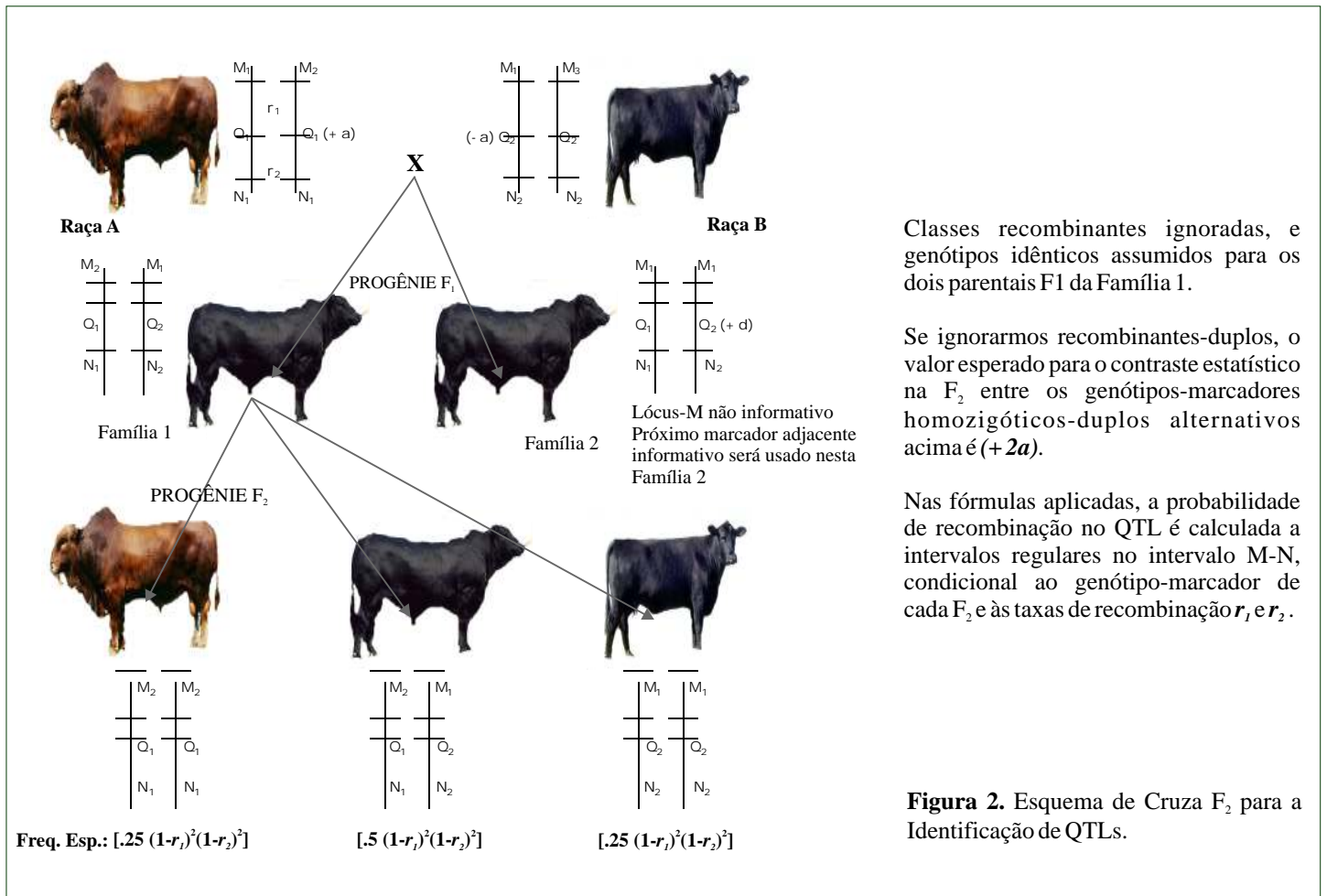
Se ignorarmos recombinantes-duplos, o valor esperado para o contraste estatístico entre os dois grupos alternativos de meios-irmãos com diferentes haplótipos paternos é:  $[a + d(q-p)]$ .

Classes recombinantes e ambíguas são ignoradas na Figura. Assumido um QTL di-alélico.

Se ignorarmos recombinantes-duplos, o valor esperado para o contraste estatístico entre os dois grupos alternativos de meios-irmãos com diferentes haplótipos paternos é:  $[a + d(q-p)]$ .

Nas fórmulas aplicadas, a probabilidade de recombinação no QTL é calculada a intervalos regulares no intervalo M-N, condicional ao genótipo-marcador de cada meio-irmão e às taxas de

**Figura 1.** Esquema Familiar de Meios-Irmãos para a Identificação de QTLs.



Classes recombinantes ignoradas, e genótipos idênticos assumidos para os dois parentais F1 da Família 1.

Se ignorarmos recombinantes-duplos, o valor esperado para o contraste estatístico na F<sub>2</sub> entre os genótipos-marcadores homocigóticos-duplos alternativos acima é  $(+2a)$ .

Nas fórmulas aplicadas, a probabilidade de recombinação no QTL é calculada a intervalos regulares no intervalo M-N, condicional ao genótipo-marcador de cada F<sub>2</sub> e às taxas de recombinação  $r_1$  e  $r_2$ .

**Figura 2.** Esquema de Cruza F<sub>2</sub> para a Identificação de QTLs.

## POSSÍVEL ESQUEMA PARA A IDENTIFICAÇÃO DE QTLs NA RAÇA SANTA INÊS

Como referido, a utilização da raça Santa Inês tem sido recomendada ou como linhagem completa, sob pureza racial (Lôbo & Sousa, 2006), ou em sistemas de cruzamento terminal, quer como linhagem paterna (Lôbo & Sousa, 2006) quer como linhagem materna, mas, sobretudo nesta última função (Gonzaga Neto et al., 2006; Sousa et al., 2006). Nestas circunstâncias a utilização de um esquema  $F_2$  para a identificação de QTLs (Figura 2) não seria apropriado. Sistemas de cruzamentos terminais com a raça Dorper têm sido recomendados (Gonzaga Neto et al., 2006; Sousa et al., 2006), mas também não se justificariam esforços relativos a esta raça exótica e já melhorada para qualidade e características de carcaça. A utilização da raça Santa Inês ou como linhagem materna ou paterna (Lôbo & Sousa, 2006), conduz a objetivos de melhoramento e características-alvo diferentes consoante a função. De qualquer forma, um esquema a adotar para detectar e identificar QTLs nesta raça seria sempre um esquema de natureza familiar, com base em meios-irmãos, como aquele ilustrado na Figura 1. A utilização de tecnologias sofisticadas de MOET possibilitaria um esquema baseado em irmãos-completos, mas não nos parece nem necessário nem ideal, dados os objetivos pretendidos.

Dez a vinte reprodutores machos, representando várias tendências da raça, seriam escolhidos, e de cada um deles se obteriam entre 50 a 100 descendentes, para um tamanho total de amostra de 500 a 1.000 animais. A composição de machos e fêmeas nesta amostra teria de ser estudada e decidida em função dos objetivos do Experimento: um número de fêmeas seria destinado para abate e determinação de características de carcaça e qualidade da carne, conjuntamente com os machos, enquanto as restantes fêmeas seriam destinadas para coleção de dados

relativos a características de eficiência reprodutiva. Um tamanho mínimo de amostra poderiam ser 300 animais (10 x 30 ou 15 x 20), mas aqui o poder estatístico de nosso Experimento apenas nos permitiria detectar QTLs de efeito já relativamente grande (Rocha et al., 2004).

Estes animais teriam de ser organizados em grupos contemporâneos, de acordo com as possibilidades experimentais, mas quanto menos grupos contemporâneos melhor. Os nascimentos perfazendo cada grupo contemporâneo deviam ser sincronizados para intervalos de tempo tão curtos quanto possível, e refletir um número igual de descendentes para cada um dos reprodutores-referência, num delineamento experimental tão balanceado e simétrico quanto possível. A variabilidade nas fêmeas a serem cruzadas com os reprodutores-referência deveria ser estudada e estrategicamente controlada de acordo com as realidades da raça e os objetivos do experimento. Os sistemas de manejo e nutricionais a adotar no Experimento deverão ser cuidadosamente considerados atendendo a questões de Interações Genótipo x Ambiente que se saibam ser importantes no contexto da raça, e refletindo os objetivos do experimento.

Todas as características de desempenho que sejam facilmente obtidas e rotineiras nos programas de melhoramento da região deverão ser coletadas, mas as características-alvo do experimento seriam:

### 1. Características de carcaça e qualidade da carne, especialmente:

- ◆ Precocidade de acabamento
- ◆ Área do olho do lombo (medida por ultra-sonografia ou na carcaça)
- ◆ Marmoreio
- ◆ Cobertura de gordura (medida por ultra-sonografia ou na carcaça)
- ◆ Rendimento de carcaça
- ◆ Maciez da carne
- ◆ Perdas por exsudação e cocção
- ◆ Cor da carne

### 2. Características de Eficiência Reprodutiva, especialmente:

- ◆ Prolificidade
- ◆ Longevidade
- ◆ Precocidade sexual
- ◆ Produtividade acumulada

### 3. Características de crescimento:

- ◆ Peso ao nascimento
- ◆ Peso à desmama
- ◆ Peso ao abate
- ◆ Ganho de peso pós-desmama
- ◆ Índices de conversão alimentar e conversão alimentar residual
- ◆ Escores de avaliação visual de conformação e coxa
- ◆ Escore de pelo (indicativo de adaptabilidade)

## ÍNDICES DE RESISTÊNCIA ÀS PARASITÓSES GASTRINTESTINAIS E A ECTOPARASITOS

A coleção de dados relativos a características de eficiência reprodutiva, um objetivo de extrema importância dada às funções maternas recomendadas para a raça, determinaria a necessidade de criar e manter uma percentagem significativa das fêmeas descendentes dos reprodutores-referência por pelo menos uma geração adicional (até ao desmame de suas progênes). O grupo de machos a cruzar com estas fêmeas teria de ser estudado e sua variabilidade controlada estrategicamente, de acordo com as realidades da raça e os objetivos do experimento.

A obtenção de genótipos-marcadores para um grande número de loci certamente necessitaria parcerias com a Embrapa ou outras instituições, eventualmente estrangeiras. A disponibilidade de um grande número de marcadores genéticos para ovinos, no âmbito de uma parceria deste tipo, teria de ser estudado antecipadamente e certamente constituir um dos pontos de partida essenciais para um projeto desta natureza.

A utilização dos QTL detectados num projeto deste tipo em concretos esquemas de melhoramento da raça Santa Inês dependeria essencialmente de pelo menos quatro fatores: a consistência da fase de ligação

marcador-QTL nas diferentes famílias incluindo o experimento; a distância estimada entre os QTL identificados e os marcadores mais próximos; a magnitude de efeito do QTL; quem teria o direito de utilizar e tentar comercializar a informação e os resultados gerados no âmbito das parcerias de pesquisa estabelecidas para a execução do projeto. QTLs de efeitos quantitativos consideráveis que fossem detectados com uma fase de ligação consistente em todas as famílias testadas no experimento, e relativamente próximos dos mais próximos marcadores (< 5 cM), sua utilização em esquemas concretos de melhoramento da raça Santa Inês poderia ocorrer de forma rápida. Nos demais casos se estariam apenas no princípio de processos que necessitariam de ações e pesquisas adicionais antes que aplicações concretas pudessem ser obtidas ou geradas.

#### **ESQUEMA PARA A IDENTIFICAÇÃO DE QTLs NUM POSSÍVEL SINTÉTICO ANGLO-NUBIANO x SRD**

Um esquema de cruzamentos que tem sido preconizado para a caprinocultura do Nordeste Brasileiro é o sistema terminal Boer x cruza Anglo-Nubiano x SRD (Sousa et al., 2006). A raça Boer participaria como linhagem paterna num sistema terminal, e sendo uma raça já melhorada, exótica, não se justificaria que concentrasse esforços para a detecção de QTLs. A utilização da cruza Anglo-Nubiano x SRD como linhagem materna poderia justificar a formação de uma população sintética a partir destas duas raças, o que talvez já esteja de certa forma acontecendo de forma menos planejada. Neste contexto, a formação de um possível sintético poderia ser direcionada e auxiliada pela detecção e identificação de QTLs dentro de um esquema de cruza  $F_2$  como aquele ilustrado na Figura 2.

O tamanho de amostra recomendado para um esquema deste tipo seria de cerca de 600  $F_2$ , incluindo

uma fração de machos e fêmeas para avaliação de características de carcaça, e uma fração de fêmeas para avaliação de características de eficiência reprodutiva e que teriam, pois, de ser criadas e mantidas por pelo menos uma geração adicional (até ao desmame de suas progênes  $F_3$ ). Um tamanho mínimo de amostra seriam talvez 300  $F_2$ , mas neste caso uma vez mais o poder estatístico de nossos testes nos limitaria a detectar apenas QTLs de grande efeito (Rocha et al., 2004). Como produzir 600  $F_2$ , em quantos grupos contemporâneos, como produzir pelo menos 100-200  $F_2$  num curto espaço de tempo e a partir de um número de famílias  $F_1$  que não fosse muito grande (20-40), como produzir os animais  $F_1$  e a partir de quantos reprodutores  $F_0$  Anglo-Nubianos e SRD, machos e fêmeas (entre 10-20 de cada uma das raças e representando tendências diferentes das duas raças), são questões que necessitariam ser consideradas de acordo com as possibilidades experimentais e as realidades das duas raças, e certamente requerem a utilização de estratégias de MOET.

Este esquema baseado numa cruza  $F_2$  requer, para sua execução, um ano adicional quando comparado com o esquema familiar preconizado para a raça Santa Inês. Mas, além desta diferença, a grande maioria das demais considerações feitas para o esquema anterior se repete também para este esquema de cruza  $F_2$ . As características-alvo permanecem basicamente as mesmas. A questão da utilização dos QTL detectados, em esquemas concretos de melhoramento, auxiliando e acelerando a formação do referido sintético, vai neste caso, e para além dos outros fatores já referidos antes, depender muito das diferenças de frequências alélicas entre as duas raças originais, Anglo-Nubiana e SRD. Se as frequências alélicas das duas raças exibirem diferenças pronunciadas, quer para os QTL quer para os genes marcadores, aí a utilização dos QTL detectados, em esquemas concretos de melhoramento, seria muito facilitada e certamente poderia ser tornada mais rápida.

## **CONSIDERAÇÕES FINAIS**

É propósito deste trabalho simplesmente estimular um início de discussão e consideração das seguintes questões:

- ♦ A caprino-ovinocultura do Nordeste Brasileiro e seu melhoramento genético atingiram estádios de maturidade e desenvolvimento que justifiquem o empreendimento de projetos de pesquisa gênica desta natureza, para a identificação de QTLs?
- ♦ Haverá oportunidades a explorar caracterizadas por clareza de objetivos de melhoramento e solidez de metodologias de seleção baseadas em critérios de desempenho?
- ♦ Os sistemas de cruzamento que foram eleitos como focos deste trabalho, e as características-alvo definidas, serão os mais apropriados para se constituírem como pontos de partida para este tipo de projetos no Nordeste?
- ♦ Os formatos sugeridos, para os dois esquemas propostos, seriam os mais apropriados? Que formatos e esquemas alternativos poderiam ser considerados?
- ♦ Estes projetos assim definidos, com estes tamanhos de amostra sugeridos, são viáveis de serem executados na região? Ou seus tamanhos de amostra teriam de ser reduzidos consideravelmente para se tornarem viáveis na região?

## **REFERÊNCIAS**

GONZAGA NETO, S.; LEITE, M. L.; SOUSA, W. H.; SOUZA, Jr., E. L.; PEREIRA, F. J. M. Características de desempenho e de carcaça de cordeiros Santa Inês: potencialidades e limitações. In: Encontro Nacional de Produção de Caprinos e Ovinos, 1., 2006, Campina Grande. **Anais...** Campina Grande: SEDAP/SEBRAE/INSA/ARCO, 2006. p. 394.

GONZALEZ, C.I. Potencialidades reprodutivas da raça Santa Inês no

- Brasil. In: Encontro Nacional de Produção de Caprinos e Ovinos, 1., 2006, Campina Grande. **Anais...** Campina Grande: SEDAP/SEBRAE/INSA/ARCO, 2006. p. 437.
- LÔBO, R. N.; LÔBO, A. M. Melhoramento genético como ferramenta para o crescimento e o desenvolvimento da ovinocultura de corte. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v. 31, n. 2, p. 247-253. 2007.
- LÔBO, R. N.; SOUSA, W. H. Objetivos e critérios de seleção para a raça Santa Inês no Brasil. In: Encontro Nacional de Produção de Caprinos e Ovinos, 1., 2006, Campina Grande. **Anais...** Campina Grande: SEDAP/SEBRAE, 2006. p. 417.
- MCMANUS, C.; PAIVA, S. R.; LANDIM, A.; LOUVANDINI, H. **Melhoramento de ovinos**. 2007.
- MORAIS, O. R.; ALBUQUERQUE, F. H. Novas tendências e perspectivas da raça Santa Inês no Brasil. In: Encontro Nacional de Produção de Caprinos e Ovinos, 1., 2006, Campina Grande. **Anais...** Campina Grande: SEDAP/SEBRAE, 2006. p. 429.
- ROCHA, J. L.; EISEN, E. J.; VAN VLECK, L. D.; POMP, D. A large-sample QTL study in mice: I. Growth. **Mammalian Genome**, v.15, n. 2, p. 83-99. 2004.
- ROCHA, J. L.; POMP, D.; VAN VLECK, L. D. QTL analysis in livestock. In: CAMP, N. J.; COX, A. (Eds.). **Quantitative Trait Loci: Methods and Protocols**. Totowa, New Jersey, USA: Humana Press, Inc., 2002. Chapter 12, p. 311-346. (Methods in Molecular Biology, 195).
- ROCHA, J. L.; TAYLOR, J. F.; SANDERS, J. O.; OPENSHAW, S. J.; FINCHER, R. Genetic markers to manipulate QTL: the additive illusion. In: Annual National Breeders Roundtable, 44., 1995, St. Louis, Missouri. **Proceedings...** St. Louis, Missouri, 1995.
- SOUSA, W. H. **Genetic and environmental factors affecting growth and reproductive performance of Santa Inês sheep in the semi-arid region of Brazil**. 1987. Tese de Mestrado, Texas A & M University, College Station, Texas, USA. 1987.
- SOUSA, W. H. Ovinos Santa Inês: potencialidades e limitações. In: **Simpósio Nacional de Melhoramento Animal**, 2., 1998, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 1998. p. 233-237.
- SOUSA, W. H.; MORAIS, O. R. Programa de melhoramento genético para os ovinos deslançados do Brasil: ovinos da raça Santa Inês. In: Simpósio Internacional sobre Caprinos e Ovinos de Corte, 1., 2000, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: Emepa, 2000. p. 223-229.
- SOUSA, W. H.; CEZAR, M. F.; CUNHA, M. G.; LÔBO, R. N. Estratégias de cruzamentos para produção de caprinos e ovinos de corte: uma experiência da EMEPA. In: I Encontro Nacional de Produção de Caprinos e Ovinos, 1., 2006, Campina Grande. **Anais...** Campina Grande: SEDAP/SEBRAE/INSA/ARCO, 2006. p. 338.
- van der WERF, J. H. Marker-assisted selection in sheep and goats. In: GUIMARÃES, E.; RUANE, J.; SCHERF, B.; SONNINO, A.; DARGIE, J. (Eds.). **Marker-Assisted Selection – Current Status and Future Perspectives in Crops, Livestock, Forestry and Fish**. Roma, Italia: FAO, 2007. Chapter 13, p. 230-247.
- VIEIRA, L. S. Endoparasitoses gastrintestinais de caprinos e ovinos: alternativas de controle. In: Encontro Nacional de Produção de Caprinos e Ovinos, 1., 2006, Campina Grande. **Anais...** Campina Grande: SEDAP/SEBRAE/INSA/ARCO, 2006. p. 137.

---

Apresentado no 3º Simpósio Internacional sobre Caprinos e Ovinos de Corte, em João Pessoa, Paraíba, Brasil, Novembro 2007.