



Melhoramento genético como ferramenta para o crescimento e o desenvolvimento da ovinocultura de corte¹

Animal breeding as a tool for upgrowth and development of meat sheep sector

Raimundo Nonato Braga Lôbo^{2,4}, Ana Maria Bezerra Oliveira Lôbo^{3,4}

²Pesquisador, Embrapa Caprinos, Fazenda Três Lagoas, Estrada Sobral Groaíras km 4, Caixa Postal D10, CEP 62011-970, Sobral/CE .

³Mestranda em Zootecnia, Universidade Federal do Ceará, Bolsista CNPq.

⁴Correspondência: lobo@cnpq.embrapa.br; oliveiraana@yahoo.com.br

Resumo

Dentre as ações relacionadas à promoção do crescimento e do desenvolvimento de uma atividade pecuária, o melhoramento genético é uma das que mais merece atenção. Para que a ovinocultura de corte no Brasil possa se desenvolver, são necessárias a seleção e a multiplicação de genótipos apropriados aos diversos ecossistemas encontrados no país. Com a finalidade de aperfeiçoar a capacidade de produção dos animais, as ferramentas básicas do melhoramento genético são a seleção e os métodos de acasalamento. Neste trabalho são apresentadas algumas definições fundamentais do melhoramento genético e discutidas formas de sua contribuição para o crescimento da ovinocultura de corte.

Palavras-chave: genética quantitativa, marcadores moleculares, produtividade, seleção, ovinos de corte.

Abstract

Among the actions to promote the growing and the development of an animal breeding activity, the genetic improvement is one of that more attention deserve. Selection and multiplication of genotypes appropriated to several ecosystems found in the country are necessary to the development of meat sheep sector in Brazil. To optimize the production ability of the animals, the basic tools of animal breeding are the selection and the mating methods. In this paper fundamental definitions of animal breeding are presented and forms of its contribution for the upgrowth of meat sheep sector are discussed.

Keywords: meat sheep, molecular markers, productivity, quantitative genetics, selection.

Introdução

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

Dentre as ações relacionadas à promoção do crescimento e do desenvolvimento de uma atividade pecuária, o melhoramento genético é uma das que mais merece atenção. Apesar de serem fundamentais, as ações referentes à sanidade, à alimentação-nutrição, à reprodução e ao manejo apresentam limites relacionados aos genótipos existentes. Uma vez satisfeitas todas as necessidades biológicas e produtivas desses genótipos, ações nestas áreas não permitirão avanços no setor. Por outro lado, esforços concentrados no melhoramento genético promovem a mudança nos genótipos existentes de forma a permitir avanços produtivos e assim requerer novas pesquisas nas demais áreas do conhecimento. Pode-se assim dizer que o melhoramento genético é a mola propulsora do desenvolvimento de uma exploração pecuária.

Já existem diversas tecnologias desenvolvidas no Brasil nas áreas de reprodução, alimentação, sanidade e manejo, disponíveis para a ovinocultura de corte. Entretanto, apesar de não estarem sendo usadas de forma massiva, essas tecnologias até o momento não promoveram maiores impactos na produtividade da atividade. Um dos principais motivos dessa ineficiência está nos grupos genéticos para os quais estas ferramentas estão sendo direcionadas. Para que a ovinocultura de corte no Brasil possa se desenvolver, são necessárias a seleção e a multiplicação de genótipos apropriados aos diversos ecossistemas encontrados no país.

¹Palestra apresentada no XVII Congresso Brasileiro de Reprodução Animal, 31 de maio a 02 de junho de 2007, Curitiba, PR.

O que é melhoramento genético?

A genética quantitativa e a genética molecular constituem alicerces de fundamental importância para o melhoramento dos animais domésticos. A genética quantitativa estuda a herança das diferenças entre os indivíduos, as quais são os recursos da seleção natural e artificial (Falconer e Mackay, 1996). Desta forma, o melhoramento genético animal pode ser entendido como um conjunto de processos seletivos e de direcionamento dos acasalamentos, cujo objetivo é aumentar a frequência dos genes de efeitos desejáveis ou das combinações genéticas boas em uma população, com a finalidade de aperfeiçoar a capacidade de produção dos animais que apresentam interesse econômico para o homem em um dado ambiente. Para atingir tal finalidade, o homem dispõe de duas ferramentas básicas: a seleção de progenitores e os métodos de acasalamento (Facó e Villela, 2005).

Sendo assim, o avanço genético somente pode ser alcançado a partir do momento que existe variabilidade genética, que o efeito ambiental não mascare por completo esta variabilidade, e que a seleção e a combinação de genótipos superiores possam ser realizadas para o estabelecimento da próxima geração.

Entende-se por seleção tudo aquilo que possa favorecer ou prejudicar, determinados indivíduos, sob o ponto de vista da transmissão de seus genes às futuras gerações. É a escolha de indivíduos para a reprodução. Em uma população, essa escolha pode ser feita sem direcionamento dado pelo homem, o que se chama seleção natural ou por meio da ação do homem, determinando quais indivíduos serão usados na reprodução, isto é, seleção artificial.

A seleção natural atua “concentrando” na população o patrimônio genético dos indivíduos que, por qualquer motivo, mostram maior valor adaptativo, reproduzindo-se mais intensamente e originando um grande número de progênes viáveis. A cada nova geração, seus genes predominam sobre os dos outros componentes do grupo e os genótipos da população se concentram no sentido da vantagem adaptativa. A seleção artificial é aquela em que os indivíduos são escolhidos pelo homem, com base nas características que ele considera importantes. Por ser orientada racionalmente, a seleção artificial imprime na população maior progresso genético por unidade de tempo que a seleção natural. Na seleção artificial, os animais podem ser escolhidos pelo seu fenótipo, isto é, seleção fenotípica, em que o animal é selecionado pelo que representa ou pelo que desempenha ou, pelo seu genótipo, isto é, seleção genotípica, em que o animal é selecionado por meio da medida de seu potencial genético. Este potencial pode ser mensurado matematicamente pelas técnicas de genética quantitativa, utilizando informações suas, de seus ancestrais, descendentes e parentes colaterais ou pela identificação de genes favoráveis, através das técnicas de genética molecular.

Os métodos de acasalamento que produzem melhoramento são: cruzamento e endogamia. Não se devem confundir estes métodos com as biotécnicas reprodutivas. É comum haver confusão por parte de técnicos e produtores a respeito do papel da reprodução animal para o melhoramento genético. Acredita-se que o fato de utilizar algumas biotécnicas, como a inseminação artificial e a transferência de embriões, é suficiente para promover o melhoramento genético dos rebanhos. O simples uso destas técnicas não oferece garantias de ganhos genéticos. De fato, o uso de animais que não sejam comprovadamente superiores poderá inclusive reduzir o potencial genético dos rebanhos. Isto é verdade em função do poder de multiplicação do material genético pelas biotécnicas reprodutivas. Assim, esta multiplicação pode contribuir no sentido favorável ou desfavorável. Assim, atrelado a um programa de avaliação genética eficiente, o uso das ferramentas de reprodução animal contribui bastante para o melhoramento genético das populações animais. A inseminação artificial (IA) tanto contribui para a melhoria no processo de avaliação genética dos animais como também para a disseminação de material genético comprovadamente superior, permitindo aumentar a taxa de ganho genético. A IA auxilia nos testes de progênie e aumenta a conectabilidade dos rebanhos, aumentando a eficiência das análises (Lôbo e Villela, 2005).

Ressalta-se que o uso exagerado de poucos animais por meio das técnicas reprodutivas pode comprometer a base genética dos rebanhos e reduzir a variabilidade genética, de extrema importância para o melhoramento animal. A transferência de embriões aumenta este risco mais ainda, em virtude da multiplicação em bloco de uma mesma combinação, tanto paterna quanto materna. Por outro lado, o modismo por parte dos produtores ao usarem sêmen de determinados reprodutores, por longos períodos, aumenta a probabilidade de ocorrência deste fato (Lôbo e Villela, 2005).

Seleção

Para que seja possível selecionar animais superiores com eficiência é imprescindível a existência de grande número de animais para os quais sejam disponíveis dados de avaliação do fenótipo. Ou seja, bancos de dados produtivos confiáveis e seguros. A ausência destes bancos, além de impossibilitar a execução de programas de melhoramento genético, também entrava a realização de pesquisas para o setor. Lôbo (2002c), reportou-se sobre a carência de informações produtivas e pesquisas na ovinocultura brasileira. Desta forma, é necessário que a ovinocultura de corte brasileira passe a adotar uma escrituração zootécnica rigorosa e bem estabelecida. A escrituração zootécnica compreende as anotações de controle do rebanho, com fichas individuais para cada animal, contendo sua genealogia, ocorrências e desempenho. Estas anotações devem englobar o



máximo de informações possíveis, datas, condição e extensão do nascimento, coberturas, partos, enfermidades, mortes, descartes, registros de desempenho produtivo, como pesagens e controle leiteiro, medidas morfométricas, como altura, comprimento e circunferência escrotal, condição corporal e medidas de tipo e conformação. Quanto mais detalhadas forem estas anotações, maiores serão os benefícios que delas poderão ser extraídos (Lôbo, 2002a).

Com a formação de bancos de dados a partir da escrituração, é possível realizar avaliações genéticas, de maneira que os valores genéticos dos animais possam ser expressos na forma de Diferença Esperada na Progenie (DEP) para cada característica a ser considerada (Lôbo, 2002b). A DEP é usada em todo mundo para comparar o mérito genético dos animais para várias características e prediz a habilidade de transmissão genética de um animal avaliado como progenitor. Ela é expressa na unidade da característica, exemplo: kg de peso ou dia para idade ao primeiro parto (IPP), com sinal positivo ou negativo.

A DEP deve ser usada para comparar a futura progênie de um animal com a progênie de outros animais, da mesma raça. A DEP não deve ser usada para prever o desempenho de uma ou duas progênies de um animal, mas deve ser usada para comparar animais com base na estimativa de desempenho de suas progênies. DEP prediz diferença e não valor absoluto.

A DEP é derivada de qualquer combinação de informações de desempenho individual, pedigree e progênie. O seu uso é mais confiável do que qualquer outro tipo de informação disponível, pois utiliza fatores como: valor genético das fêmeas com que um reprodutor é acasalado; diferenças ambientais afetando os grupos contemporâneos; qualidade de outros reprodutores no grupo de contemporâneos; e, tendência genética. A identificação dos grupos contemporâneos que serão incluídos nas análises é o fator mais importante para a confiabilidade da avaliação. Os fatores determinantes de um grupo são: animais do mesmo sexo; animais com idades similares, isto é, não mais que 90 dias entre datas de nascimento; animais manejados juntos e recebendo as mesmas oportunidades de desempenho etc.

As avaliações genéticas são realizadas utilizando as técnicas estatísticas de modelo misto e modelo animal, utilizando a metodologia conhecida por Melhor Predição Linear Não-Viesada (BLUP) do mérito genético. Os Procedimentos BLUP incorporam toda informação disponível na predição de uma DEP individual (Lôbo, 2004). As informações que devem estar disponíveis para um indivíduo são: progênie; parentes no pedigree, particularmente pai e mãe; desempenho próprio; e, netos, se possível.

Com as informações sobre a progênie, a superioridade ou a inferioridade dos acasalamentos individuais deve ser ajustada nos procedimentos de análises. Isto elimina ou, pelo menos, reduz o problema de acasalamentos preferenciais. As DEP's são comparadas entre rebanhos e/ou gerações. Reprodutores com maior número de progênies serão avaliados com maior confiança. Entretanto, DEP's para reprodutores jovens, que ainda não tiveram progênie, são mais confiáveis para a tomada de decisão na seleção do que pesos ajustados, taxas ou outras medidas fenotípicas.

As características que poderiam ser consideradas na avaliação de ovinos de corte: DEP's para pesos ao nascimento, ao desmame, ao ano de idade, para peso adulto; DEP para habilidade materna expressa em kg de crias desmamadas por fêmea; DEP para habilidade materna total, que pode ser considerada como DEP para habilidade materna mais metade da DEP para peso ao desmame; DEP para idade ao primeiro parto; DEP para intervalo de partos ou dias para o parto; DEP para período de gestação) e, DEP para perímetro escrotal ao ano de idade, dentre outras.

No entanto, trabalhos relacionados à seleção de ovinos baseados no mérito genético dos indivíduos ainda são escassos na literatura. Diferentemente, em diversas outras espécies, a seleção de animais com base no seu valor genético, tem sido praticada com sucesso. Exemplo marcante tem sido observado em bovinos de corte, em que os animais são selecionados para características de importância econômica e são usados como reprodutores na geração seguinte, alterando-se a constituição genética do rebanho, obtendo-se assim um incremento na produtividade. Entretanto, a avaliação e a seleção de indivíduos são realizadas, há muito tempo, com base em seus fenótipos, onde os caracteres de interesse, na sua grande maioria, controlados por muitos genes, apresentam baixa herdabilidade e são passíveis de alta influência ambiental. Diante disso, muitas das complicações da análise fenotípica podem ser mitigadas através da identificação direta de genótipos, baseado em marcadores moleculares que segregam conjuntamente com os genes de interesse.

Desta forma, os marcadores moleculares têm despontado como uma potente ferramenta, que pode auxiliar a genética quantitativa e, evidentemente, o melhoramento animal, destacando a seleção assistida por marcador molecular (SAM) para características quantitativas, verificação de parentesco e diagnóstico de anomalias hereditárias.

Seleção Assistida por Marcadores Moleculares (SAM)

Marcadores moleculares são segmentos de ácido desoxirribonucleotídeo (DNA) que estão fisicamente ligados a locos que determinam características de interesse econômico (QTLs). Ou seja, variantes na estrutura do DNA, numa determinada região do genoma, que podem ser usados como um marcador para alelos de genes que podem possuir efeitos positivos ou negativos para a característica de interesse.

A observação individual de genes (major genes) pode levar a aplicações úteis em várias áreas, tal como a identificação de genes relacionados com aumento da eficiência de seleção no melhoramento animal, especialmente em características de baixa herdabilidade ou naquelas que só podem ser medidas após o abate dos indivíduos ou em apenas um sexo.

Avanços significativos podem ser obtidos em programas de melhoramento de ovinos com o aumento da acurácia na predição dos valores genéticos, aumento da intensidade de seleção, para características limitadas pelo sexo, e com a redução do intervalo de gerações, em características de carcaça. Diante disso os marcadores moleculares tornam-se bastante atraentes para utilização em programas de melhoramento. Com a identificação de marcadores ligados a características de interesse econômico, os animais podem ser selecionados logo após o nascimento, para características que se expressarão tardiamente na vida, reduzindo os custos de manutenção do animal no rebanho por vários anos. É uma ferramenta interessante para características em que a mensuração do fenótipo a ser selecionado ocorre após a época da seleção, tais como características reprodutivas, para características de difícil avaliação, como qualidade da carne e resistência a doenças.

Entretanto, o mapeamento de QTLs, ou seja, a detecção, a localização e a estimativa do efeito de regiões do genoma associadas a uma característica quantitativa, requer um grande número de animais com dados disponíveis para a avaliação do fenótipo de interesse. O número de indivíduos necessários depende da magnitude do efeito que se deseja identificar, da herdabilidade do caráter, da distância entre o marcador e o QTL, do delineamento genético, entre outros (Regitano, 2005).

Os principais entraves quanto ao uso da SAM estão relacionados com o alto custo, inconsistência dos efeitos dos marcadores e possíveis perdas em outras características (Webb, 2000). Alguns autores afirmam que, com o uso da SAM, maiores ganhos genéticos seriam obtidos no melhoramento, quando comparados aos ganhos obtidos pelos métodos tradicionais (Visscher *et al.*, 2000). Entretanto, a seleção tradicional baseada no método BLUP para características fenotípicas pode ser realizada simultaneamente, visando maximizar o ganho genético e evitando a perda de animais de alto mérito genético que possam ter sido eliminados por uma possível associação não-consistente de um marcador com um QTL.

Em bovinos, foram identificados QTL's para produção e composição do leite no cromossomo 14 (Coppieters *et al.*, 1998) e no cromossomo 6 (Zhang *et al.*, 1998), para taxa de ovulação nos cromossomos 7, 10 e 19 (Arias e Kirkpatrick, 2004), para características de crescimento e musculosidade no cromossomo 5 (Machado *et al.*, 2003; Casas *et al.*, 2000), para marmoreio nos cromossomos 17, 23 e 27, e para maciez da carne no cromossomo 29 (Casas *et al.*, 2000; Casas *et al.*, 2003).

Em ovinos, trabalhos desta natureza são escassos. Até o momento esforços de mapeamento de QTL vêm sendo conduzidos e alguns genes principais já foram descritos, como o FecB, associado à taxa de ovulação (Davis *et al.*, 1982), e o gene callipyge (CLPG), associado à musculosidade (Cockett *et al.*, 1994). QTL's associados com composição de ácidos graxos na carcaça de ovinos foram descritos (Karamichou *et al.*, 2006). Genes principais também têm sido associados à resistência a nematóides (Stear *et al.*, 2006). De fato, resistência às enfermidades é uma importante área de estudos na produção animal, em que a genética molecular muito pode contribuir (Raadsma e Fullard, 2006).

De acordo com Regitano (2005), tentativas de utilização de informações de QTLs em seleção assistida por marcadores são escassas em ruminantes. As raras citações referem-se ao uso da SAM para genes principais. Um exemplo foi o trabalho de um grupo de pesquisadores da Organização de Pesquisa em Agricultura de Israel (ARO), liderados por Gootwine, que obteve uma linhagem altamente prolífica da raça leiteira Awassi fat-tail pela introgressão de alelos B do gene FecB.

Endogamia e Cruzamentos

Os métodos de acasalamento também alteram as frequências gênicas e se bem planejados podem promover o melhoramento genético dos rebanhos. Endogamia ou consangüinidade é o método de acasalamento que consiste na união entre indivíduos parentes, que são geneticamente semelhantes. Quando os pais de um animal possuem um ou mais ancestrais comuns, isto é, são parentes, diz-se que o animal é consangüíneo. O resultado deste acasalamento entre indivíduos consangüíneos é o aumento da homozigose. Devido ao aumento da homozigose, a consangüinidade permite "apurar" geneticamente os animais, sendo importante para a fixação e refinamento do tipo desejado. O aumento da homozigose ocorre tanto para genes dominantes quanto para genes recessivos. Quando a homozigose ocorre para genes dominantes, os indivíduos assim obtidos, quando acasalados com outros não consangüíneos, tendem a imprimir, com maior intensidade, suas características e isto é chamado de prepotência.

A endogamia permite que a seleção para separação da população em famílias diferentes, facilitando a eliminação das piores, seja mais eficiente. Isto pode contribuir para a formação de linhagens consangüíneas distintas, que, quando acasaladas, contribuem para aumentar a heterose em características econômicas. Esta técnica é muito usada para a formação de linhagens comerciais compostas. Por outro lado, a endogamia ou consangüinidade apura tanto as qualidades quanto os defeitos. Os efeitos desfavoráveis da consangüinidade são caracterizados pela redução da fertilidade, da sobrevivência e do vigor dos animais.



Cruzamento é o método de acasalamento de indivíduos de raças ou grupamentos genéticos diferentes. Os produtos dos cruzamentos são conhecidos como mestiços. Realiza-se o cruzamento quando se deseja obter vigor híbrido ou heterose, que é a superioridade da progênie em relação à média dos pais, e ou reunir em um animal as características de duas ou mais raças, utilizando a complementaridade e os efeitos da diversidade genética.

Heterose é definida como sendo a diferença entre a média da característica avaliada, ou seja, fenótipo, nos indivíduos oriundos do cruzamento, os mestiços, e a média desta mesma característica medida nos pais, e é calculada segundo a seguinte fórmula: $Ht = (m\acute{e}dia\ dos\ mesti\c{c}os - m\acute{e}dia\ dos\ pais) / (m\acute{e}dia\ dos\ pais) \times 100$.

Ressalta-se que somente ocorrerá heterose quando houver diferença em freqüência gênica entre as raças ou grupos envolvidos no cruzamento e, o efeito de dominância entre alelos não for zero. Se qualquer uma destas situações deixar de existir, a heterose será nula. Isto pode ser mais bem entendido se considerarmos que as raças, durante seu processo de formação, permaneceram geneticamente isoladas e foram submetidas a pressões de seleção variáveis, tanto artificial, quanto natural. Este processo resultou em alguma consangüinidade, que, juntamente com a flutuação aleatória na freqüência gênica, contribuiu para a fixação de alguns homozigotos. Estes homozigotos produzidos tanto podem ser de genes com efeitos indesejáveis, quanto de genes cuja combinação heterozigótica produz resultados favoráveis.

É pouco provável que as diferentes raças tenham tido os mesmos alelos indesejáveis fixados na forma homozigótica, principalmente quanto mais distantes na origem e mais separadas espacialmente forem as raças. Desta forma, ao se cruzar raças diferentes, as progênies terão os efeitos deletérios dos genes recessivos encobertos pelos genes dominantes e maior taxa de heterozigose.

Em relação à complementariedade entre as raças, deve ser destacada a importância da exploração dos potenciais entre as raças exóticas e as nativas. Em clima tropical, e nas condições de exploração brasileira, em geral, as raças exóticas não produzem de forma econômica. Apesar dos animais naturalizados não sofrerem os rigores do clima, não apresentam índices produtivos satisfatórios. O cruzamento entre estas raças origina uma população cuja média geral de produção-rusticidade supera a média dos pais. Por outro lado, deve ser lembrado que geralmente estes mestiços se tornam mais exigentes quanto às condições ambientais, isto é, por apresentarem maior potencial genético produtivo requerem condições necessárias para manifestarem este potencial. Esta é uma causa dos insucessos verificados na prática com a realização de alguns cruzamentos: os produtores tendem a explorar os mestiços nas mesmas condições da raça mais rústica, de maneira que estes animais tendem, muitas vezes, a apresentar índices mais baixos que o esperado.

Existem vários tipos de cruzamentos, dependendo do produto que se quer alcançar. Quando se deseja substituir uma raça ou grupo de animais por outra (o) faz-se o **cruzamento contínuo ou absorvente**. Neste tipo de cruzamento, duas raças diferentes são acasaladas e os mestiços provenientes deste acasalamento são acasalados, nas gerações sucessivas, por indivíduos de uma das raças iniciais. Com a repetição do acasalamento dos mestiços com a raça pura escolhida, estes vão “absorvendo” o patrimônio genético da raça inicial. Quando se deseja explorar apenas os animais da primeira geração, realiza-se o **cruzamento industrial ou simples**, ou seja, acasalam-se duas raças, reunindo as características das duas no mestiço, produto chamado meio sangue, que é comercializado. Quando se deseja reunir características de várias raças em um animal, realiza-se o **cruzamento rotativo ou alternado**, que consiste em ir alternando no acasalamento, uma raça e outra, sucessivamente. Não existe um tipo de cruzamento absolutamente mais indicado, isto dependerá da situação e do objetivo que se quer alcançar.

Para a realização do cruzamento, é muito importante selecionar as raças paternas, que fornecerão os reprodutores, e as raças maternas, que fornecerão as matrizes e que servirão de base para o cruzamento, uma vez que existem raças com maiores velocidades de crescimento, mais indicadas para serem paternas, e outras que apresentam melhor fertilidade, boa habilidade materna e menor peso adulto, mais indicado para serem maternas. Assim, antes de decidir qual cruzamento utilizar, é preciso pensar nos objetivos de mercado e exercitar muito bem os custos de produção, o que ainda não tem sido muito explorado nas pesquisas no Brasil.

Considerações finais

A produtividade da ovinocultura de corte brasileira ainda é baixa, apesar das mudanças nos últimos anos. Os principais gargalos observados são: sistemas de alimentação deficientes, especialmente nos períodos críticos; baixa qualidade genética dos rebanhos; problemas sanitários, especialmente verminose; e, manejo reprodutivo deficiente (Câmara Setorial da Cadeia Produtiva de Caprinos e Ovinos, 2006).

Como conseqüência dos gargalos tecnológicos, bem como da própria organização da cadeia produtiva, a oferta de carne no mercado é precária, verificando-se a irregularidade ao longo do ano. Os abates são tardios, comprometendo a qualidade das carcaças, limitando o acesso aos principais canais de comercialização, os frigoríficos e os supermercados. Com isso, grande parte do mercado é suprida pela carne importada de países do Mercosul e da Nova Zelândia.

A grande chave para a solução dos problemas se encontra no melhoramento genético. De que adianta tecnologias como a inseminação artificial, a bipartição e a transferência de embriões, a clonagem etc., se



previamente não foram identificados corretamente os indivíduos em que estas técnicas devam ser aplicadas? De que adianta modelos alimentares eficientes, se os indivíduos explorados não respondem produtivamente aos esforços aplicados? Não que todas estas tecnologias não sejam necessárias ou importantes. Com certeza são e devem ser estimuladas, mas é necessária uma atenção maior às ferramentas de melhoramento genético para que a ovinocultura de corte brasileira passe a ser um setor competitivo e atraente.

Algumas ações destacam-se na tentativa de mudar a situação do melhoramento de ovinos no Brasil, como o Programa de Melhoramento Genético de Ovinos da Raça Santa Inês (PROMOSI) da EMEPA, inserido dentro do projeto Melhoramento Genético da Raça Santa Inês para Produção de Carne da Embrapa Caprinos; o Programa de Melhoramento Genético da Raça Santa Inês desenvolvido em parceria entre a Associação Sergipana de Criadores de Caprinos e Ovinos e o Grupo de Melhoramento Animal da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP; e o Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC) da Embrapa Caprinos (Lôbo, 2006). Aliado à identificação de QTLs e posterior uso na seleção dos indivíduos, espera-se mudanças promissoras para o setor da ovinocultura brasileira.

Referências

- Arias J, Kirkpatrick B.** Mapping of bovine ovulation rate QTL; an analytical approach for three generation pedigrees. *Anim Gen*, v.35, p.7-13, 2004.
- Câmara Setorial da Cadeia Produtiva de Caprinos e Ovinos.** In: Vilela D, Araújo PMM. (Org.). *Contribuições das câmaras setoriais e temáticas à formulação de políticas públicas e privadas para o agronegócio.* Brasília: MAPA/SE/CGAC, 2006. p.248-263.
- Casas E, Shackelford SD, Keele JW, Koohmaraie M, Smith TPL, Stone RT.** Detection of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. *J Anim Sci*, v.81, p.2976-2983, 2003.
- Casas E, Shackelford SD, Keele JW, Stone RT, Kappes SM, Koohmaraie M.** Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternate forms of myostatin. *J Anim Sci*, v. 78, p. 560-569, 2000.
- Cockett NE, Jackson SP, Shay TL, Nielsen DM, Moore SS, Steele MR, Barendse W, Green RD, Georges M.** chromosomal localization of the callipyge gene in sheep (*Ovis aries*) using bovine DNA markers. *Proc Natl Acad Sci*, v.91, p.3019-3023, 1994.
- Coppieters W, Riquet J, Arranz JJ, Berzi P, Cambisano N, Grisart B, Karim L, Marcq F, Moreau L, Nezer C, Simon P, Vanmanshoven P, Wagenaar D, Georges M.** A QTL with major effect on milk yield and composition maps to bovine Chromosome 14. *Mamm Genome*, v.9, p.540-544, 1998.
- Davis GH, Montgomery GW, Allison AJ, Kelly RW, Bray AR.** Segregation of a major gene influencing fecundity in progeny of Booroola sheep. *N Z J Agric Res*, v.25, p.525-529, 1982.
- Facó O, Vilella LCV.** Conceitos fundamentais do melhoramento genético animal. In: Campos ACN. (Org.). *Do campus para o campo: tecnologias para produção de ovinos e caprinos.* Fortaleza: [s.n.], 2005. p.197-204.
- Falconer DS, Mackay TFC.** *Introduction to quantitative genetics.* Essex: Longman, 1996. 464p.
- Karamichou E, Richardson RI, Nute GR, Bishop SC.** Identification of quantitative trait loci affecting fatty acid composition in sheep. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. CD-ROM.
- Lôbo RNB, Vilella LCV.** Ferramentas para o melhoramento genético. In: Campos ACN. (Org.). *Do campus para o campo: tecnologias para produção de ovinos e caprinos.* Fortaleza, 2005. p.205-214.
- Lôbo RNB.** A importância da escrituração zootécnica na caprino-ovinicultura. *Boletim Pecuário*, Belo Horizonte, 19 ago. 2002a. Disponível em: www.boletimpecuario.com.br.
- Lôbo RNB.** As avaliações genéticas e o melhoramento de caprinos e ovinos. *Boletim Pecuário*, Belo Horizonte, set. 2002b. Disponível em: www.boletimpecuario.com.br.
- Lôbo RNB.** *Melhoramento genético de caprinos e ovinos: desafios para o mercado.* Sobral: Embrapa Caprinos. 2002c. 36p. (Série Documentos, 39).
- Lôbo RNB.** Metodologias aplicadas na estimativa de parâmetros genéticos e avaliações genéticas de caprinos e ovinos. In: Semana da Caprinocultura e Ovinocultura Brasileiras, 4, 2004, Sobral. *Anais...* Sobral: Embrapa Caprinos, 2004. p.1-13.
- Lôbo RNB.** Programa de Melhoramento de Pequenos Ruminantes no Brasil In: Semana da Caprinocultura e Ovinocultura Brasileiras, 5, 2006, Campo Grande. *Anais...* Sobral: Embrapa, 2006. p.1-13.
- Machado MBB, Alencar MM, Pereira AP, Oliveira HN, Casas E, Coutinho LL, Regitano LCA.** QTL affecting body weight in a candidate region of cattle chromosome 5. *Genet Mol Biol*, v.26, p.259-265, 2003.
- Raadsma HW, Fullard KJ.** QTL mapping and gene markers for resistance to infectious diseases in sheep and cattle. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. CD-ROM.
- Regitano LCA.** Genética molecular aplicada ao melhoramento. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 42, 2005, Goiânia. *Anais...* Goiânia: SBZ, 2005. p.241-244.



Stear MJ, Abuargob O, Ben Othman M, Bishop SC. Major genes and resistance to nematode infection in naturally infected Scottish Blackface lambs. *In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. Proceedings...* Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. CD-ROM.

Visscher P, Pong-Wong R, Whittemore C, Haley C. Impact of biotechnology on (cross) breeding programs in pigs. *Liv. Prod Sci*, v.65, p.57-70, 2000.

Webb J. New opportunities for genetic change in pigs. *Adv Pork Prod*, v.11, p.83, 2000.

Zhang Q, Boichard D, Hoeschele I, Ernst C, Eggen A, Murkve B, Pfister-Genskow M, Witte LA, Grignola FE, Uimari P, Thaller G, Bishop MD. Mapping Quantitative Trait Loci for milk production and health of dairy cattle in a large outbred pedigree. *Genetics*, v.149, p.1959-1973, 1998.
