



**Uso de marcadores moleculares como ferramenta adicional para
conservação e melhoramento da raça Santa Inês.**

Samuel Rezende Paiva¹, Concepta McManus Pimentel²

¹Pesquisador, Laboratório Genética animal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, PqEB, Final Avenida W5 Norte, Brasília, DF, 70770-900.

²Professora, Faculdade Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Brasília-DF, 70910-900



1. Introdução e Justificativas

Levantamentos realizados sob a coordenação da FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) sobre a situação das sete principais espécies de animais domésticos, têm mostrado que existe uma grande quantidade de raças ameaçadas de extinção em todo o mundo (FAO, 2001). O Sistema de Informações sobre a Diversidade de Animais Domésticos (DAD-IS) da FAO estimou que há uma taxa de extinção, em nível mundial, de 48 raças ao ano, próximo à perda de uma raça a cada semana. Recentemente, estimativas da FAO (2001) indicaram que cerca de 30% das 3.882 raças de animais domésticos existentes estão em vias de extinção.

A Produção de animais para sistemas sustentáveis tem mostrado a necessidade de atentar para que problemas relacionados ao ambiente e a sociedade sejam levados em consideração e que aspectos como valores além da produção ao curto prazo e do mercado econômico são também necessárias. Para que o melhoramento animal contribua para sistemas sustentáveis de produção é necessário estabelecer um procedimento no qual sejam incluídas metas para, por exemplo, inclusão de valores apropriados para características de mercado e não mercado no genótipo agregado. Esta ênfase em valores além do lucro no curto prazo pode abaixar o valor de mercado neste período de tempo bem como aumentar o valor de não mercado de ganho genético ou ainda pode requerer esquemas de teste com características além da produção (Olesen et al., 2000). Estudos de produção animal realizado em algumas partes do mundo têm mostrado que haverá necessidade de se substituir raças e espécies em sistemas de produção nos próximos 30 anos (Seo & Mendelsohn, 2008; Wolfe et al., 2008; Yahdjian & Sala, 2008) principalmente em razão das mudanças climáticas e do mercado.

No período de 2002 até 2007, o rebanho de ovinos do Brasil cresceu 12,6%, passando de 14.300.000 para 16.100.000 indivíduos. A região Nordeste lidera em número de animais contando, aproximadamente com 60% do rebanho nacional (ANUALPEC, 2007). O Brasil possui diversas raças de animais domésticos que se desenvolveram a partir de raças trazidas pelos colonizadores portugueses e espanhóis logo após o descobrimento. Ao longo desses cinco séculos, estes animais ficaram sob a ação da seleção natural em determinados ambientes, a ponto de apresentarem características específicas de adaptação às novas condições (Mariante et al., 1999). Estes grupos altamente adaptados passaram a ser conhecidos como raças “crioulas”, “locais” ou “naturalizadas”, as quais podem apresentar vantagens em regimes de produção extensiva, quando comparadas com raças recém chegadas à determinada região ou ao País. Hoje, grande parte destes rebanhos encontra-se ameaçado de extinção, principalmente em razão de cruzamentos absorventes indiscriminados com animais de raças exóticas/ modernas que passaram a ser importadas a partir do final do século XIX e início do século XX (Morais, 2001).

Para que ocorra uma mudança desse cenário da ovinocultura nacional, é necessária uma profunda modificação logística de todas as classes envolvidas na produção de ovinos, ou seja, desde o pesquisador até o produtor. Tal atitude é válida, visto que os ovinos representam, principalmente nas regiões Sul e Nordeste, uma importante fonte de recursos, tanto do ponto de vista social, quanto econômico, cultural e histórico. Desta forma, a caracterização das raças naturalizadas existentes, a relação genética entre elas, bem como o conhecimento de suas origens em outras raças são o passo inicial para



obter subsídios para programas de melhoramento, manejo e conservação para as raças de ovinos naturalizados brasileiros.

As raças naturalizadas de ovinos brasileiras são, em geral, animais de menor porte, e até o momento, foram submetidas a baixas taxas de seleção artificial e melhoramento genético, sendo pouco especializadas na produção intensiva de leite e/ou carne. Adicionalmente, estudos apontam a existência de uma alta resistência a doenças e parasitas quando comparadas às raças especializadas ou comerciais (ex., Bricarello et al. 2004; Amarante et al. 2004).

A raça Santa Inês é atualmente um dos maiores expoentes da ovinocultura nacional nos últimos anos. De tal forma que é uma das únicas raças naturalizadas que não está ameaçada de extinção. Tal crescimento é importante, pois impulsiona o desenvolvimento da ovinocultura no país. Contudo algumas questões ainda se mantêm abertas em relação à raça, como sua origem e sua principal aplicação uso em programas de melhoramento e produção.

O uso da biologia molecular na Pecuária Brasileira é uma realidade em várias áreas de maneira que já existem várias equipes desenvolvendo pesquisas com praticamente todas as principais espécies de animais domésticos de produção. Contudo, de forma semelhante como nas outras áreas, pouco atualmente foi realizado no Brasil aplicado diretamente na ovinocultura. Este fato pode ser explicado tanto pela falta de identificação de aplicabilidade/ necessidade de tais técnicas na ovinocultura bem como pode sugerir a falta de organização do setor frente às tecnologias disponíveis.

O presente trabalho tem como objetivo mostrar alguns dos estudos iniciais já realizados com marcadores moleculares na raça Santa Inês e a partir destas informações discutir como as mesmas poderão auxiliar programas de melhoramento e conservação desta raça bem como de outras raças de ovinos do país.

2. Origem da raça Santa Inês

A origem da raça Santa Inês ainda é uma incógnita para criadores e pesquisadores. Segundo Figueiredo et al. (1990), estes animais são descendentes do cruzamento da raça Bergamácia (lanada) com a Morada Nova (deslanada) e animais crioulos do Nordeste, seguida posteriormente pela seleção para a ausência de lã. Entretanto, Miranda (1990), argumenta que a raça Bergamácia chegou ao Brasil apenas há cerca de 80 anos, o que aumenta a dúvida da origem da raça Santa Inês. Para tentar compreender melhor essa origem Paiva (2005) realizou uma série de estudos com DNA mitocondrial e cromossomo Y. Para tais estudos foram utilizadas amostras de várias raças de ovinos dentre naturalizadas, comerciais e recentemente introduzidas no país, bem como informações de raças de outros continentes.

O primeiro resultado observado foi que todos animais analisados apresentaram haplótipos de mtDNA relacionados ao haplogrupo europeu (Paiva et al., 2005a) à exceção de dois animais de origem africana da raça Dorper (classificação *sensu* Hiendleder et al., 1999). Os polimorfismos foram confirmados por seqüenciamento. A alta frequência do haplogrupo Europeu nos ovinos brasileiros corrobora os eventos históricos de colonização do Brasil, contudo o papel das raças africanas ainda precisa ser melhor investigado. Esse polimorfismo analisado tem o potencial de ser incluído em futuros programas de seleção assistida por marcadores moleculares, bem como em estudos de clonagem e expressão gênica, caso sejam descobertas características de



interesse econômico nestes diferentes haplogrupos. Atualmente já foram identificados pelo menos cinco grandes haplogrupos para a espécie ovina (Meadows et al., 2006b).

Paralelamente, com o objetivo de identificar as relações filogenéticas e filogeográficas entre onze raças naturalizadas brasileiras e comerciais de ovinos, foram seqüenciados 588 pares de bases (pb) da primeira metade e 524 pb da segunda metade da região controle (CR) do DNA mitocondrial (mtDNA). Considerando apenas a segunda metade, foi identificado um total de 38 haplótipos a partir de uma amostra de 49 indivíduos mais 57 seqüências do GenBank (Silvério et al., 2006). O valor de diversidade nucleotídica foi de 0,005, um valor considerado intermediário, levando em conta os valores de 0,00318, obtido por Meadows et al. (2005) e de 0,00881, obtido por Pedrosa et al. (2005). Os valores de AMOVA foram maiores do que os obtidos com os marcadores nucleares e as raças naturalizadas brasileiras apresentaram desvios no teste Neuto de FS ($p < 0,01$), sugerindo que está ocorrendo uma expansão demográfica das mesmas. Padrão este esperado em razão das mesmas terem sido formadas por eventos fundadores.

A partir de uma análise de network (Bandelt et al., 1999) foi estimada uma relação entre os haplótipos estudados (Figura 1). Nessa mesma figura podem ser visualizados dois eventos na formação das raças naturalizadas brasileiras, um provavelmente mais antigo (H27) ainda com raças européias e um mais recente (H28), apenas com raças brasileiras. Outro resultado importante foi à identificação de um haplótipo (H15) comum entre os animais crioulos do México, da raça Crioula Lanada Brasileira, da raça Corriedale e da raça Aragonesa da Espanha. Tal fato sugere uma ancestralidade comum entre os ovinos crioulos da América Latina e raças Européias da Península Ibérica.

Dois polimorfismos independentes foram tipados no cromossomo Y de dez raças brasileiras de ovinos (N=190): um SNP localizado na região promotora do gene SRY e um loco de microssatélite. Meadows et al. (2006) determinaram os haplótipos para estes polimorfismos a partir do estudo de várias espécies e raças de ovinos. Dos sete haplótipos existentes para a espécie domesticada *Ovis aries*, cinco foram observados nas raças brasileiras e, aparentemente, um novo alelo foi observado apenas nas raças brasileiras (Tabela 1). Estes resultados podem ser considerados uma evidência adicional (assim como observado nos microssatélites que será mostrado mais adiante) da influência recente da raça Bergamácia na formação da raça Santa Inês (haplótipos H8 e novo). Contudo alguns animais Santa Inês apresentam um haplótipo comum às demais raças brasileiras e as raças africanas deslanadas (H6).

Tabela 1. Frequência haplótipos identificados no cromossomo Y em dez raças de ovinos no Brasil.

Raça	Haplótipos (<i>sensu Meadows et al., 2006</i>)					
	H4	H5	H6	H7	H8	Novo
Santa Inês			03		42	01
Bergamácia Brasileira	01				16	02
Rabo Largo			19	01		
Morada Nova			03			
Somalis Brasileira			01			
Hampshire	05	07				
Ile de France		07			03	
Corriedale					02	
Damara			03			
Dorper			04			

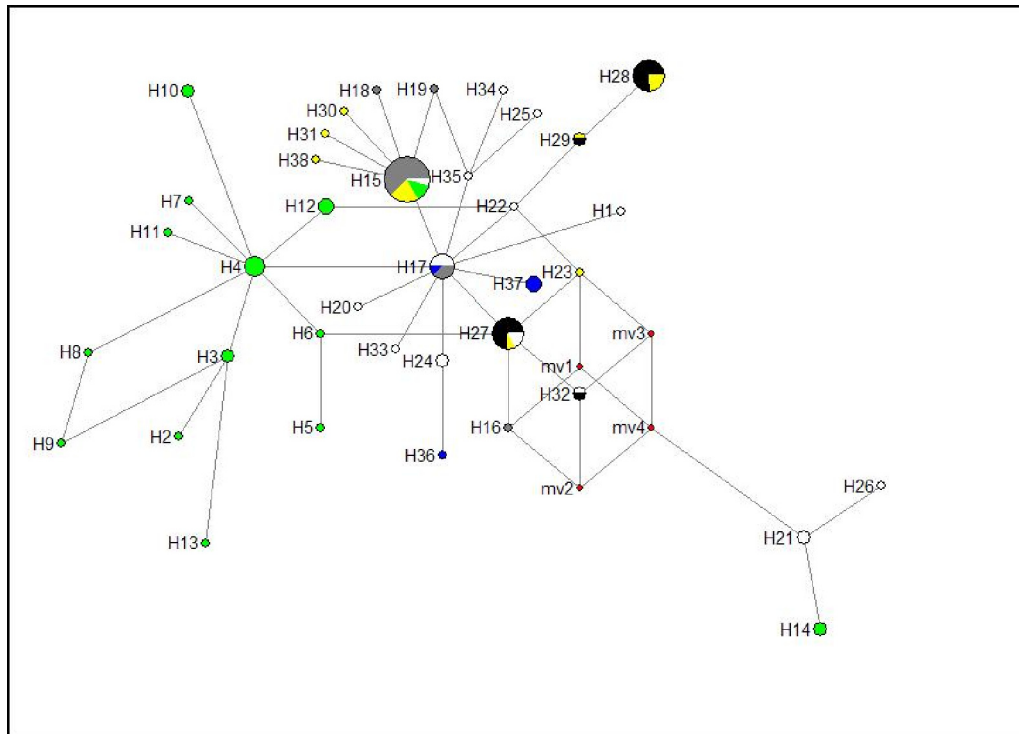


Figura 2. Análise de Network a partir de seqüências de DNA de ovinos da segunda metade da região controle do mtDNA. Cada círculo representa um haplótipo. *mv são os vetores médios que representam haplótipos hipotéticos não amostrados nesse estudo. ● Raças naturalizadas deslanadas brasileiras; ● Raças naturalizadas lanadas brasileiras; ○ Raças européias; ● Raças Oceania; ● Raça Crioula Mexicana; ● Raças africanas.

3. Manejo genético de rebanhos

Os marcadores microssatélites podem ser uma excelente ferramenta atual já disponível para manejo de rebanho de ovinos. Resultados obtidos por 19 locos de microssatélites (Paiva et al., 2006; FAO, 2004) mostraram que 11,76% da variação total ($p < 0,001$) foram em razão de diferenças inter-raciais. O dendrograma obtido pela distância de Nei e algoritmo Neighbor-joining separaram as raças em três grupos principais. O primeiro, formado por todas as raças naturalizadas brasileiras, o segundo grupo foi composto pelas raças lanadas exóticas, enquanto que o último grupo foi formado por duas raças africanas recém introduzidas no Brasil. A partir de uma análise Bayesiana pelo software Structure foi possível identificar uma sub-estruturação significativa dentro das raças Santa Inês (rebanhos de Santa Inês do “alto” Nordeste versus os rebanhos do “baixo” Nordeste e Centro-Oeste) e Morada Nova (variedade vermelha e branca) (Figura 2). Estes resultados, somados com os índices de variabilidade intra-racial, mostram que embora o grupo Santa Inês seja, definitivamente, uma raça definida, o mesmo teve muitos eventos de introgressão num passado recente, mostrando-se, por esta razão, altamente polimórfico e com grande plasticidade fenotípica (por exemplo, múltiplas pelagens). Analisando apenas as populações de Santa Inês foi comprovada a estruturação observada por meio de um dendrograma com alta consistência interna de seus nós (altos valores de bootstrap) (Souza et al., 2006).



Figura 2. Gráfico com os valores de probabilidade individuais obtidos (matriz Q , 100.000 interações) para as sete raças de ovinos analisadas. As raças estão separadas pelas linhas negras verticais. Amarelo=Santa Inês Centro-Oeste, Sergipe e Embrapa Tabuleiros Costeiros; Vermelho=Santa Inês Ceará e Maranhão; Azul=Morada Nova Vermelha; Rosa=Morada Nova Branca.

Tal padrão genético é de certa forma esperado por dois motivos: (1) o padrão racial dos animais Santa Inês colocado pela Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO) é amplo e com margem a várias interpretações e (2) a provável ocorrência de cruzamentos absorventes dentro dos animais registrados. Adicionalmente, como o livro de registros de machos Puros de Origem está fechado, pode-se sugerir que a raça Santa Inês é uma forte candidata a perder grande parte de suas características de rusticidade e adaptação em detrimento de ganhos de heterose obtidos por cruzamentos com várias raças exóticas comerciais. Deste modo, tal procedimento poderá acarretar, ao longo dos anos na formação de mais ecótipos (além dos dois observados) diferentes registrados ao longo do Brasil, de maneira que cada tipo será selecionado e definido, principalmente, em relação a aspectos sócio-econômicos e políticos ao invés de aspectos técnicos e científicos. Estes animais cruzados conhecidos como “Novo Santa Inês”, podem tanto perder características importantes já observadas na raça, como por exemplo, a resistência a parasitos gastrintestinais (Amarante et al., 2004), e a alta qualidade da pele (Souza et al., 2003), bem como herdar características não desejáveis das raças exóticas, como por exemplo, alelos susceptíveis ao *scrapie*. Isso pode ser uma hipótese não muito distante, visto que a raça Suffolk apresenta um razoável histórico de susceptibilidade a essa doença (Heggebø et al., 2002). De Lima et al. (2007) avaliaram alguns animais Santa Inês e verificaram que os mesmos já apresentaram perfis genotípicos compatíveis com suscetibilidade à doença.

Para certificar corretamente os pedigrees, e conseqüentemente diminuir o impacto dos erros em um programa de melhoramento pode ser estratégico e importante o uso de marcadores de DNA para identificar o parentesco dos animais progenitores. Em 20 de outubro de 2004 o Ministério da Agricultura aprovou normativa nº74 para credenciamento de laboratórios para realização de testes de identificação genética de animais pela análise do DNA. Neste ele sugere oito marcadores baseados em locos de microssatélites para os testes de paternidade em ovinos. Souza et al., (2006) testaram esse painel do MAPA bem como outro com marcadores diferentes dos propostos em cinco rebanhos da raça Santa Inês (Tabela 2). Os resultados sugerem que alguns marcadores propostos pelo MAPA podem ser substituídos por outros mais informativos para as raças brasileiras. Adicionalmente novos estudos serão realizados.

Tabela 2. Probabilidades de exclusão de paternidade para vários painéis com número diferente de marcadores microssatélites. PIC, valores conteúdo de informação polimórfica; PE1: probabilidade de exclusão conhecendo nenhum dos pais; PE2: probabilidade exclusão conhecendo pelo menos um dos pais.

Número de marcadores	Painel	PIC	PE1 (%)	PE2 (%)
23	Completo	0,712	99,999	99,999
15	Maiores valores PIC	0,783	99,992	99,999
13	Maiores valores PIC	0,798	99,981	99,999
10	Maiores valores PIC	0,811	99,907	99,999
08	Maiores valores PIC	0,821	99,708	99,990
08	MAPA	0,680	97,378	99,799

Em relação ao gerenciamento genético dos rebanhos, os marcadores moleculares podem ser usados para: 1) Análises de diversidade genética entre rebanhos para planejamento de cruzamentos (ex., Paiva et al., 2005b); 2) Quantificação da consangüinidade dentro de rebanhos (Pariset et al., 2003); 3) Controle de qualidade de sêmen; 4) Identificação de animais portadores de alelos relacionados a doenças ou relacionados à característica de interesse econômico e que tenham herança devida a um ou pouco genes; 5) Identificação de paternidade em sistemas com acasalamentos múltiplos e de monta natural.

Como exemplo da raça Santa Inês, um estudo piloto foi realizado com a mesma bateria de 19 locos de microssatélites em 191 animais do Núcleo de Conservação da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Sergipe (Paiva et al., 2005b). A partir de uma análise de componentes principais (Figura 3) foi possível verificar, dentre dos reprodutores usados, os que eram muito próximo geneticamente. Tal estratégia poderá ser usada tanto como ferramenta adicional para descarte de reprodutores, bem como para definição de famílias para realização de rodízio de acasalamentos com o objetivo de manter a variabilidade genética do rebanho. Este projeto continuará de forma que pelo menos duas gerações sejam acompanhadas pelos marcadores moleculares.

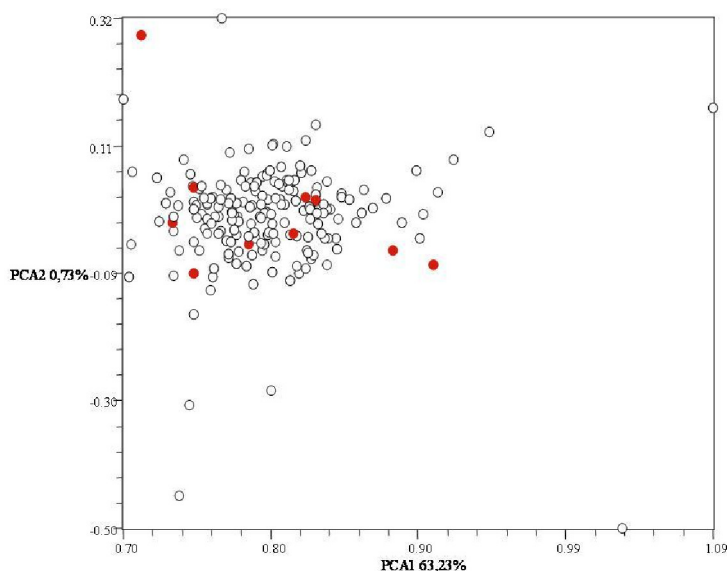


Figura 3. Análise de componentes principais no rebanho de Santa Inês da Embrapa Tabuleiros Costeiros (N=191) a partir de uma bateria de 19 marcadores microssatélites. Cada círculo representa um indivíduo analisado e os círculos vermelhos representam os reprodutores avaliados.

4. Interação entre melhoramento clássico e genética molecular

A aplicação de marcadores moleculares dentro do melhoramento animal pode focar duas vertentes principais: (1) características que são controladas por poucos genes de grande efeito, ou (2) características que são controladas por vários genes e de pouco efeito. Quando se trata de melhoramento animal clássico, grande parte das características desejáveis se encontra na segunda vertente e, por isso, o resultado final a ser encontrado com os marcadores moleculares poderá, em um primeiro momento, não serem muito expressivos ou para obtenção de um resultado com maior acurácia, é necessário a montagem de uma estrutura populacional mais complexa.

Como exemplo da primeira vertente é importante destacar, em ovinos, genes relacionados, basicamente, a prolificidade (fenótipo *booroola*), aumento de massa muscular (fenótipo *callipyge*) e a resistência ou susceptibilidade ao *scrapie*. Dentre os genes relacionados à prolificidade, Castro et al., (2006) identificaram uma mutação específica dentro da raça Santa Inês e, demais raças naturalizadas, que poderão estar relacionadas a prolificidade. Tal marcador poderá ser usado efetivamente em rebanhos que de ovinos de corte, visto que o aumento da prolificidade poderá acarretar em um incremento significativo para os produtores. A validação desta mutação, em sistemas de produção, será realizada em colaboração entre a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e a Embrapa Tabuleiros Costeiros. Um outro exemplo pode ser encontrado por Dodds et al., (2007), onde os autores mencionam que a maior parte das aplicações usando marcadores tem colocado ênfase na seleção para a variante favorável de um determinado gene candidato o u major gene e as metodologias de genética quantitativa são usadas para selecionar dentro do genótipo.

Em relação a segunda vertente, os marcadores moleculares somente serão efetivos no caso de rebanhos que tenham uma rotina de coleta de dados zootécnicos. Lôbo e Lôbo (2007) já apontaram que um dos grandes problemas atuais da ovinocultura nacional é a falta de uma escrituração zootécnica rigorosa e bem estabelecida. Desta forma, os marcadores moleculares teriam pouco a contribuir neste momento, a exceção da contribuição indireta a programas de melhoramento via identificação correta de pedigrees via testes de exclusão de paternidade. Segundo Van der Werf (2007), países em desenvolvimento que possuam programas de melhoramento menos sofisticados deveriam investir mais em sistemas de coleta de dados zootécnicos do que em tecnologias com base em marcadores moleculares. Contudo, Rocha et al. (2008) mencionaram que apesar dos problemas atuais eles acreditam que oportunidades/aplicações possam existir em alguns pontos do setor que apresentem características-alvo bem identificadas, e um programa de melhoramento com objetivos bem definidos e metodologias de seleção baseadas em critérios de desempenho. Desta forma, eles propuseram um desenho experimental para análise de características quantitativas para a raça Santa Inês.

A literatura menciona, em geral, que a raça Santa Inês possa ser utilizada como: (1) linhagem completa, sob pureza racial, ou (2) em sistemas de cruzamento terminal, quer como linhagem paterna ou materna (Lôbo & Sousa, 2006; Gonzaga Neto et al., 2006; Sousa et al., 2006). Desta forma o delineamento proposto por Rocha et al. (2008) para a



raça Santa Inês seria a avaliação de um esquema familiar com base em meios-irmãos onde seriam usados de dez a vinte reprodutores machos (que representariam várias tendências da raça), e de cada um deles se obteriam entre 50 a 100 descendentes, para um tamanho total de amostra de 500 a 1.000 animais. Os mesmos autores ainda recomendam que a composição de machos e fêmeas teria de ser estudada e decidida em função dos objetivos do Experimento, como por exemplo, parte das fêmeas seria destinado para abate (determinação de características de carcaça e qualidade da carne), enquanto o restante das fêmeas seriam destinadas para coleta de fenótipos relacionados a eficiência reprodutiva. Como comentários ao experimento proposto é válido destacar que, a montagem de um experimento desta grandeza é extremamente difícil dentro das estruturas de pesquisas de ovinos existentes dentro das Unidades de Pesquisa (Embrapa ou Instituições Estaduais de Pesquisas) e Universidades do Brasil. Desta forma, ou deverá ser exercitado uma grande colaboração das instituições que trabalham em ovinos para montagem de um experimento destes, ou então, e mais desejável, seria que parcerias com a iniciativa privada fossem feitas para a realização de experimentos deste porte. Outro ponto extremamente importante é a provável estruturação de populações da raça Santa Inês ao longo do Brasil (Figura 2, Paiva et al., 2006), de modo que a seleção de reprodutores para este experimento deverá ser extremamente rigorosa. Caso contrário, possíveis resultados a serem obtidos deverão ser artefatos influenciados pela estruturação do que regiões realmente em desequilíbrio de ligação com locos relacionados a características quantitativas.

Outra ferramenta do melhoramento que poderá usar marcadores moleculares são os cruzamentos. É praticamente certo que a utilização de cruzamentos no sistema de produção de carne ovina, pode ser uma excelente alternativa para desenvolvimento de sistemas produtivos nacionais. Atualmente, a UnB utilizando raças especializadas para corte e a raça Santa Inês como fonte materna, esta realizando um projeto que visa ver a melhor forma de se usar as fêmeas provenientes destes cruzamentos industriais. Adicionalmente, este projeto será piloto para validação de um painel de certificação racial em ovinos atualmente em desenvolvimento pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e demais parceiros, bem como para identificação de marcadores para tolerância ao calor, resistência à parasitas e qualidade de carne (Mariasegaram et al., 2007; Gibson & Bishop, 2005, Johnson et al., 2005).

Estudo recente demonstrou que diferenças fenotípicas significativas entre diferentes grupos de Santa Inês para resistência ao calor (McManus et al., 2008) e possível resistência genética a fotosensibilização em *Brachiaria* (experimento ainda em andamento).

5. Tendências e considerações finais

A principal tendência a ser destacada na área de marcadores moleculares na ovinocultura é a recente participação do Brasil em atividades do Consórcio Mundial do Genoma Ovino (ISGC - <http://www.sheepmap.org/>). Nesta ação o Brasil irá colaborar na elaboração de um mapa de haplótipos (Hapmap) a partir do uso de 60.000 marcadores do tipo SNP (Single Nucleotide Polymorphism) que serão genotipados para mais de 50 raças e 2000 amostras ao redor do mundo. O Brasil participa com o envio de amostras de Morada Nova, Santa Inês e Crioula Lanada. Tais resultados poderão ser realmente um grande avanço para aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético animal de ovinos do Brasil caso, novamente, ajam rebanhos devidamente organizados e com informações fenotípicas coletadas. Caso contrário, a



grande aplicação de marcadores moleculares no Brasil ficará limitada a testes de exclusão de paternidade, certificação racial e na identificação de fenótipos que sejam regulados por poucos genes (por exemplo, prolificidade). Entretanto a tendência de muitos países é possuir programas eficientes de melhoramento genético animal nos quais se devam incluir tanto informações moleculares junto com as quantitativas. Adicionalmente, é importante já desenvolver, para ovinos, estratégias para preservação da diversidade genética e diminuição das taxa de consangüinidade. Exemplos atuais com Gado de Leite têm mostrado muito deste impacto negativo (ex. Madelena 2008; Funk, 2006 e Zwald et al. 2004). Desta forma fica também a experiência dos países desenvolvidos de avaliar devidamente e produtivamente seus recursos genéticos.

6. Referências Bibliográficas

- Amarante AFT, Bricarello PA, Rocha RA (2004) Resistance of Santa Inês, Suffolk and Ile de France lambs to naturally acquired gastrointestinal nematode infections. *Veterinary Parasitology* 120:91-106.
- ANUALPEC - Anuário da Pecuária Brasileira. 1 ed. São Paulo. INSTITUTO FNP. 2007. 332p.
- Bandelt HP, Foster P, Rohlf A (1999) Median-Joining Networks for Inferring Intraspecific Phylogenies. *Mol Biol Evol* 16:37-48.
- Bricarello PA, Gennari SM, Oliveira-Sequeira TCG (2004) Worm burden and immunological responses in Corriedale and Crioula Lanada sheep following natural infection with *Haemonchus contortus*. *Small Ruminant Research* 51:75-83.
- Castro, E.A.; Lopez, I.M.R.; Lim, A.; Franco, M.M.; Paiva, S.R.; Souza, C.J.H.; Rumpf, R.; Melo, E.O. Characterization of a new SNP in the growth and differentiation factor 9 (GDF-9) gene, specific for the Brazilian ST. Inês sheep. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006, Belo Horizonte. Proceedings of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. v.CD-ROM.
- de Lima AC, Bossers A, Souza CE, Oliveira SM, Oliveira DM (2007). PrP genotypes in a pedigree flock of Santa Inês sheep. *Vet Rec.* 2007 Mar 10;160(10):336-7.
- Dodds K.G., McEwan J., Davis G.H. (2007). Integration of molecular and quantitative information in sheep and goat industry breeding programmes. *Small Ruminant Research*, v.70:32 - 41.
- FAO (2001) In: DAD-IS 2. Domestic Animal Diversity Information System. Roma, Italia: Food and Agriculture Organization of the United Nations, <http://dad.fao.org> (January 10, 2004).
- FAO (2004) Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetics Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers, <http://dad.fao.org> (December 4, 2004).
- Figueiredo E.A.P., Shelton M. & Barbieri M.E. (1990). Available genetic resources: the origin and classification of the world's sheep. In : *Hair Sheep Production in Tropical and Subtropical Regions*, Davis, USA, pp. 25-36.
- Funk D. A. 2006 Major advances in globalization and consolidation of the artificial insemination industry. *Journal of Dairy Science* 89:1362-136
- Gibson J.P. & S.C. Bishop Use of molecular markers to enhance resistance of livestock to disease: a global approach *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.*, 2005, 24 (1), 343-353
- 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.
- Heggebø R.; Press C.M.; Gunnes G.; Gonzalez L.; Jeffrey M. (2002). Distribution and accumulation of PrP in gut-associated and peripheral lymphoid tissue of scrapie-affected Suffolk sheep. *Journal of General Virology*, 83, 479-489.



- Hiendleder S, Phua SH, Hecht W (1999) A diagnostic assay discriminating between two major *Ovis aries* mitochondrial DNA. *Animal Genetics* 30: 211-213.
- Johnson P. L.; McEwan J. C. ; Dodds K. G. ; Purchas R. W. ; Blair H. T. (2005). Meat quality traits were unaffected by a quantitative trait locus affecting leg composition traits in Texel sheep. *Journal of Animal Science*, vol. 83, no12, pp. 2729-2735
- 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.
- Madalena F.E. 2008: How sustainable are the breeding programs of the global main stream dairy breeds? - The Latin-American situation. *Livestock Research for Rural Development*. Volume 20, Article #19. Retrieved August 21, 2008, from <http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd20/2/mada20019.htm>
- Mariante A da S, Albuquerque M do SM, Egito AA, McManus C (1999) Advances in the Brazilian animal genetic resources conservation programme. *Animal Genetic Resources Information* 25: 109-123.
- Mariasegaram, M. , C. C. Chase Jr, J. X. Chaparro , T. A. Olson, R. A. Brenneman and R. P. Niedz. (2007). The slick hair coat locus maps to chromosome 20 in Senepol-derived cattle. *Animal Genetics* Volume 38 (1), Pages 54–59.
- McManus, C. ; Paludo, G.R.; Louvandini, H. Gugel, R.; Sasaki, L.C.B.; Paiva, S.R. (2008). Heat Tolerance in Brazilian Sheep: Physiological and Blood Parameters. *Tropical Animal Health and Production*, v. 9. In press doi 10.1007/s11250-008-9162-1
- Meadows JR, Cemal I, Karaca O, Gootwine E, Kijas JW (2006b) Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics* 175(3):1371-9.
- Meadows JR, Hanotte O, Drogemuller C, Calvo J, Godfrey R, Coltman D, Maddox JF, Marzanov N, Kantanen J, Kijas JW (2006a) Globally dispersed Y chromosomal haplotypes in wild and domestic sheep. *Anim Genet* 37(5):444-53.
- Meadows JRS, Hawken RJ, Kijas JW (2004) Nucleotide diversity on the ovine Y chromosome. *Animal Genetics* 35: 379–385.
- Meadows JRS, Kantanen KLI, Tapio M, Sipos W, Pardeshi V, Gupta V, Calvo JH, Whan V, Norris B, Kijas JW (2005) Mitochondrial Sequence Reveals High Levels of Gene Flow Between Breeds of Domestic Sheep from Asia and Europe. *Journal of Heredity* 96(5):494–501.
- Miranda R.M. (1990). Avaliação da influência de fatores genéticos e de meio sobre a produtividade de ovinos no cerrado. Projeto CNPq 1990.
- Morais OR (2001) O melhoramento genético dos ovinos no Brasil. In: Pereira JCC (ed) *Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal*. 3ed., Belo Horizonte, FEPMUZ Editora, 555p.
- Oleson, I., Groen, Ab F and Gjerde B. (2000). Definition of animal breeding goals for sustainable production systems. *Journal of Animal Science* 78: 570-582
- Paiva S.R., Faria D.A., Dergam J., McManus C., Guimarães S.E.F., Egito A.A., Albuquerque M.S.M., Castro S.T.R., Mariante A. S. (2006). Genetic structure of hair sheep breeds in Brazil by microsatellites markers. In: 30th International Conference on Animal Genetics - ISAG, 2006, Porto Seguro. *Proceedings of the 30th International Conference on Animal Genetics - ISAG. , 2006.*
- Paiva SR, Faria DA, McManus CM, Egito AA, Mariante AS, Castro STR, Albuquerque MSM, Dergam JÁ (2005a) Origin of the main locally adapted sheep breeds of Brazil: a RFLP-PCR molecular analysis. *Archivos de Zootecnia* 54:395-399.
- Paiva, S. R. Caracterização da diversidade genética de ovinos no Brasil com quatro técnicas moleculares (2005). Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2005. 108p.
- Paiva, S.R.; Faria, D.A.; Silvério, V.C.; McManus, C.; Oliveira, A.A.; Dergam, J.A.; Guimarães, S.E.F.; Pereira, M.; Egito, A.A.; Azevedo, H.C; LÔBO, R.N.B.; Albuquerque,



- M.S.M.; Castro, S.TR.; Mariante, A.S. (2005b). Aplicação de marcadores moleculares na conservação e melhoramento de um rebanho da raça Santa Inês. In: 42 Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005, Goiânia-GO. Anais da 42 Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia., v. CD_ROM.
- Pariset, L., Savarese, M.C., Cappuccio, I., Valentini, A.. 2003. Use of microsatellites for genetic variation and inbreeding analysis in Sarda sheep flocks of central Italy. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120: 425-432.
- Pedrosa S, Uzun M, Arranz JJ, Gutiérrez-Gil B, San Primitivo F, Bayón Y (2005) Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proc Biol Sci* 272(1577):2211-7.
- Rocha J.L.; Ferraz J.B.S.; Cactano, A.R.; Sousa W.H. (2008). Marcadores moleculares e lócus quantitativos: uma contribuição para a caprino-ovinocultura de corte no Nordeste do Brasil. *Tecnol. & Ciên. Agropec.*, João Pessoa, v.2, n.3, p.1-6.
- Seo S.N. & Mendelsohn R. (2008). Measuring impacts and adaptations to climate change: a structural Ricardian model of African livestock management. *Agricultural Economics, International* vol. 38(2), pages 151-165
- Silvério VC, Paiva SR, Faria DA, McManus CM, Dergam JA, Oliveira AA, Lôbo RNB, Sousa WH, Mariante AS, Egito AA (2006) Phylogenetic study on the main brazilian naturalized sheep breeds In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006, Belo Horizonte. Proceedings of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte: Instituto Prociência, 2006. v.CD-ROM.
- 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.
- Souza CA, Paiva SR, Faria DA, McManus C, Oliveira AA, Grattapaglia D, Mariante AS. Allele frequency of 23 STRs loci among five populations of Santa Inês hair sheep breed in Brazil. In: 30th International Conference on Animal Genetics - ISAG, 2006, Porto Seguro. Proceedings of the 30th International Conference on Animal Genetics - ISAG. , 2006.
- Souza W.H.; Lôbo R.N.B.; Morais O.R. (2003). Ovinos Santa Inês: Estado da Arte e perspectivas. In: 2nd International Symposium on Sheep and Goat Production, 2003, João Pessoa. Anais do Segundo Sincorte. João Pessoa: Empresa Estadual de Pesquisa agropecuária da Paraíba, 2003. v. Único, p. 501-522.
- 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.
- Wolfe, D.W., L. Ziska, C. Petzoldt, L. Chase, and K. Hayhoe. (2008). Projected change in climate thresholds in the northeastern United States: Implications for crops, pests, livestock, and farmers. *Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change*. 13: 555-575
- Yahdjian L. & Sala O.E. (2008). Climate Change Impacts on South American Rangelands. *Rangelands* 30:3, 34
- Zwald, N. R., K. A. Weigel, Y. M. Chang, R. D. Welper, and J. S. Clay. 2004. Genetic selection for health traits using producer-recorded data. II. Genetic correlations, disease probabilities, and relationships with existing traits. *J. Dairy Sci.* 87:4295-4302.