

Distribuição Univariada e Bivariada das Características de Crescimento de Bubalinos de Corte no Brasil

Carlos Henrique Mendes Malhado¹, Alcides de Amorim Ramos², Paulo Luiz Souza Carneiro¹, Danielle Maria Machado Ribeiro Azevêdo³, Raimundo Martins Filho⁴

RESUMO – Este estudo foi realizado com o objetivo de se estimar as distribuições dos pesos, ao nascimento (PN) e ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bubalinos e estimar as correlações genéticas, fenotípicas e ambientais das características. Foram utilizados 5.169; 3.792; 3.883 e 1.524 dados de bubalinos de corte, para os pesos, ao nascimento, e ajustados aos 205; 365 e 550 dias de idade, respectivamente. As análises bi-características foram realizadas por meio do software MTDFREML. A distribuição do peso ao nascimento apresentou evidente discrepância em relação à distribuição normal. Entretanto, os pesos ajustados aos 205; 365 e 550 dias de idade apresentaram distribuições normais. O peso ao nascimento apresentou fracas associações genéticas, ambientais e fenotípicas com as outras pesagens. Os pesos tomados aos 205; 365 e 550 dias de idade constituem em características com altas correlações genéticas entre si.

Palavras-chave: alisamento, correlação, diagrama de dispersão, parâmetro, seleção

Univariate and Bivariate Distribution of the Growth Traits in Beef Buffaloes from Brazil

ABSTRACT - The goal of this study was to analyze the weight distribution at birth (BW) and adjusted at 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age in Brazilian beef buffaloes. The genetic, environmental and phenotypic correlations of the traits were also estimated. Weight information from 5,169; 3,792; 3,883 and 1,524 beef buffaloes at birth (BW) 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age were respectively used. The birth weight distribution presented an evident discrepancy in relation to the normal distribution. However, W205, W365 and W550 presented a normal distribution. The birth weight presented weak genetic, environmental, and phenotypic associations with the other weights. The weight at 205, 365, 550 days of age presented a high genetic correlation among each other.

Key Words: normal distribution, parameter, scatter plot, selection, smoothing

¹Prof. Dr. UESB – Jequié, BA. carlosmalhado@gmail.com; plscarneiro@gmail.com

²Prof. Dr. UNESP – Botucatu, SP. aaramos@fca.unesp.br

³Pesquisadora EMBRAPA Meio-Norte – Parnaíba, PI. azevedo@cpamn.embrapa.br

⁴Prof. Dr. UNIDERP – Campo Grande, MS. rmartinsfilho@yahoo.com.br

Introdução

Pesos padronizados a determinadas idades e suas taxas de ganho dentro de períodos estipulados, por serem positivamente correlacionados com pesos e ganhos de pesos em idades futuras, são características freqüentemente utilizadas em programas de melhoramento. Além de serem de fácil obtenção, tais características respondem favoravelmente à seleção, uma vez que apresentam coeficientes de herdabilidade geralmente elevados (Lôbo et al., 2002).

No melhoramento animal, trabalha-se com a seleção dos indivíduos que serão pais da próxima geração, baseado nos critérios de seleção, características utilizadas na estimação dos valores genéticos dos animais. As informações das características são coletadas no campo, e estão sujeitas a diferentes tipos de erros, desde a coleta até a digitação. Se os dados analisados estiverem associados a algum tipo de erro sistemático, as estimativas dos componentes de (co)variância e valores genéticos podem ser viciados. Desta forma, o progresso genético pode ser influenciado pela qualidade da informação.

Usualmente, o método paramétrico é o mais utilizado na estimativa da função de densidade dos dados observados de uma amostra. Esta técnica é eficiente quando a distribuição é normal e possibilita a utilização de histograma, média e desvios-padrão para obtenção de inferências estatísticas. Entretanto, em situações em que as distribuições não se ajustam à normalidade e apresentam superfícies irregulares, é apropriada a utilização de técnicas não paramétricas.

Estatisticamente, correlação pode

ser definida como a dependência entre as funções de distribuição de duas ou mais variáveis aleatórias, em que a ocorrência de um valor de uma das variáveis favorece a ocorrência de um conjunto de valores de outras. As correlações entre duas ou mais características estimam o nível de união entre elas, sendo a origem e a grandeza da relação existente entre as características de grande importância no melhoramento em geral, pois visa aprimorar o material genético de um conjunto de caracteres que agem simultaneamente, e conseqüentemente a melhora de uma característica pode causar alterações nas demais.

A associação entre duas características que pode ser observada diretamente é a correlação de valores fenotípicos, ou a “correlação fenotípica”. Em estudos genéticos, é necessário distinguir duas causas de correlação entre características, a genética e ambiental. O tamanho e sentido das respostas correlacionadas são determinados, principalmente, pela correlação genética entre as características envolvidas.

A causa de correlação genética é, principalmente, pleiotropismo, embora ligações gênicas sejam causa de correlação transitória, especialmente, em populações originadas de cruzamentos entre linhagens divergentes (Falconer, 1987). A pleiotropia define o processo em que um mesmo gene pode afetar duas ou mais características, ou seja, o grau de correlação originado expressa a intensidade pela qual duas características são influenciadas pelos mesmos genes.

Do ponto de vista de melhoramento genético, a conseqüência da correlação genética, é que se duas características economicamente importantes mostram uma correlação alta e positiva, a ênfase

na seleção poderá ser apenas numa, para o melhoramento em ambas, além da seleção indireta para características de difícil mensuração e/ou características que se expressam tardiamente no animal. Entretanto, se existe uma correlação negativa entre duas características, a seleção para a uma delas, proporcionará mudanças em outro sentido na outra.

O ambiente é uma causa de correlação, pela qual duas características são influenciadas pelas mesmas diferenças de condições de ambiente. A correlação de ambiente, não é, estritamente falando, a correlação dos desvios de ambiente, mas a correlação conjunta de desvios de ambiente e desvios genéticos não aditivos.

As análises bivariadas fornecem contribuições importantes para a compreensão do relacionamento entre pares de variáveis x e y . Por meio desta distribuição, é possível obter elipse de confiança para a predição. Esta elipse é uma região de confiança que possibilita predizer uma nova observação na população a um determinado nível de probabilidade, podendo ser mostrada através de gráficos de dispersão.

A correlação entre os pares de variáveis x e y é interpretado segundo a inclinação da elipse, ou seja, a ausência de correlação quando esta se assemelha a um círculo e correlação variando de moderada a alta conforme o alongamento vai afunilando em direção a um ângulo de 45° entre os eixos x e y (SAS, 2000).

Apesar do número razoável de estimativas de correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para diferentes espécies, principalmente bovinos, no Brasil, deve-se salientar que, são raros os estudos registrados na literatura com bubalinos de

corde. Associado a isto, a literatura não dispõe de trabalhos relativos à distribuição das características de desempenho ponderal em bubalinos de corde.

Assim, tornaram-se objetivos deste estudo, analisar os pesos, ao nascimento (PN) e ajustados aos 205, 365 e 550 (P550) dias de idade, quanto à sua distribuição paramétrica normal e à de densidade Kernel e estimar as correlações genéticas, fenotípicas e ambientais e as distribuições bivariadas por meio de diagramas de dispersão e elipses de confiança.

Material e Métodos

A base de dados utilizada pertence ao Programa de Melhoramento Genético de Bubalinos - PROMEBUL. Neste estudo foram utilizados 5.169; 3.792; 3.883 e 1.524 observações, para os pesos, ao nascimento (PN), e ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade, respectivamente.

Foram empregadas duas densidades com base na distribuição normal: a paramétrica, com a média e desvio-padrão estimado pela amostra, e a não-paramétrica ou Kernel. Para análise dos dados utilizaram-se os procedimentos do *software* SAS (2000).

O estimador *Kernel* tem a forma:

$$f_{\lambda}(\hat{y}) = 1/(n\lambda) \left[\sum_{i=1}^n K_0(\bar{x} - x_i)/\lambda \right]$$

, em que K_0 é a função *Kernel*, λ é a largura da banda, ou seja, o parâmetro de alisamento dos dados e x_1, x_2, \dots, x_n , são as variáveis aleatórias contínuas. A função de densidade normal padronizada, geralmente utilizada como função *Kernel*, é $K_0(t) = 1/\sqrt{2\pi} \exp(-t^2/2)$, para $-\infty < t < \infty$. Pode-se selecionar uma largura de banda para cada estimador

função *Kernel*, é $K_0(t) = 1/\sqrt{2\pi} \exp(-\frac{t^2}{2})$, para $-\infty < t < \infty$. Pode-se selecionar uma largura de banda para cada estimador Kernel, por especificar c na fórmula $\lambda = cQ_n^{-1/5}$, em que Q é o intervalo interquartilico ($Q3-Q1$) da variável y e c uma constante específica. A discrepância entre o estimador pela função Kernel e a densidade verdadeira, $f(x)$, pode ser quantificada pela curva do quadrado médio do erro integrado aproximado (AMISE), dado por $AMISE(\lambda) = (1/4)\lambda^4 \left(\int_{-\infty}^{\infty} t^2 K(t) dt \right) \int_{-\infty}^{\infty} (f''(x))^2 dx + (1/n\lambda) \int_{-\infty}^{\infty} K(t)^2 dt$ sendo o parâmetro de alisamento (λ) ótimo, aquele que minimiza a AMISE.

Para analisar a distribuição dos dados foi utilizado o teste de bondade de ajuste de Kolmogorov-Smirnov.

Para obter as estimativas das (co)variâncias e dos valores genéticos, empregou-se a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivada (DFREML), por meio de modelos animais bi-característica, usando o aplicativo *Multiple Traits Derivate Free Restrict Maximum Likelihood* (MTDFREML), desenvolvido por Boldman et al. (1995).

O modelo utilizado incluiu o efeito aleatório genético e o efeito fixo de grupo de contemporâneo (fazenda, sexo, grupo genético, mês e ano de nascimento).

Para as análises bivariadas, as pressuposições assumidas foram:

$$E = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 b \\ X_2 b \end{bmatrix}$$

$$VAR = \begin{bmatrix} a_1 \\ e_1 \\ a_2 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & 0 & A\sigma_{a1a2} & 0 \\ 0 & I\sigma_{e1}^2 & 0 & I\sigma_{e1e2} \\ A\sigma_{a1a2} & 0 & I\sigma_{a2}^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_{e1e2} & 0 & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

A = matriz de parentesco;

I = matriz identidade;

σ_{a1}^2 = variância genética aditiva direta para a característica 1;

σ_{a2}^2 = variância genética aditiva direta para a característica 2;

σ_{a1a2} = covariância genética aditiva entre os efeitos genéticos diretos para as características 1 e 2;

σ_{e1}^2 = variância residual para a característica 1;

σ_{e2}^2 = variância residual para a característica 2;

σ_{e1e2} = (co)variância entre os efeitos residuais para as características 1 e 2.

Para análise da distribuição bivariada das características e de seus valores genéticos utilizaram-se gráficos de dispersão e elipses de confiança para a predição com 95% de probabilidade.

Uma elipse de confiança para predição é uma região de confiança para prever novas observações na população. Pode ser considerada como uma região contendo uma específica percentagem da população.

Considerando Z como uma variável aleatória bivariada para uma nova observação. A variável $Z - \bar{Z}$ como uma variável bivariada normal com média 0 e covariância 1 e independente de S . Uma elipse de confiança é dada pela equação

$$(Z - \bar{Z})' S^{-1} (Z - \bar{Z}) = \frac{2(n+1)(n-1)}{n(n-2)} F_{2, n-2(1-\alpha)}$$

Resultados e Discussão

As médias observadas para os pesos ao nascimento (PN), aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade foram $37,6 \pm 4,7$ kg; $192,7 \pm 40,3$ kg; $298,6 \pm 67,4$ kg e $400,7 \pm 103,8$ kg, com coeficientes

de variação de 12,5; 20,9; 22,6 e 25,9%, respectivamente. Este resultado evidencia a variabilidade crescente na resposta dos indivíduos em função da idade. Malhado et al. (2004), observaram pesos iguais a 39,4 kg (PN); 195,2 kg (P205); 300,7 kg (P365) e 433,1 kg (P550), com coeficientes de variação de 7,18; 17,24; 19,46; 20,34%, respectivamente, para bubalinos da raça Mediterrânea.

Ramos et al. (2004) comparando dados de bubalinos de diferentes grupos genéticos e de bovinos da raça nelore, criados sob condições de pastos tropicais, relataram pesos para os bubalinos 210,01 kg, 387,64 kg e 503,5 kg e para os zebuínos 162,13 kg, 266,72 kg e 346,13 kg para P205, P365 e P550, respectivamente.

Os resultados da Tabela 1 indicam uma assimetria negativa (-0,77) e um médio valor para curtose (1,23) para a característica peso ao nascimento, resultando em uma distribuição assimétrica à esquerda (negativa) e leptocúrtica, com acentuada discrepância em relação à distribuição normal, como pode ser observado na Figura 1.

Tabela 1 – Estatísticas associada à função normal e kernel para as características peso ao nascimento (PN) e aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade

Função	Média	Desvio Padrão	CV (%)	Moda	Mediana	Curtose	Assimetria
Normal							
PN	37,6	4,7	12,5	37,6	37,6	1,23	-0,77
P205	192,7	40,3	20,9	192,7	192,7	1,06	0,15
P365	298,6	67,4	22,6	298,6	298,6	0,65	0,37
P550	400,7	103,8	25,9	400,7	400,7	0,38	0,37
Função							
Kernel	λ		C	Moda	Mediana		AMISE
PN	0,52		0,7852	40,0	39,0		8,52E-05
P205	6,53		0,7852	195,0	193,9		8,973E-05
P365	11,37		0,7852	280,0	292,7		5,040E-06
P550	24,40		0,7852	380,0	390,2		9,48E-05

¹CV= coeficiente de variação, λ = parâmetro de alisamento, c = constante.

Ainda, na Tabela 1, constata-se uma assimetria positiva (0,15–PN; 0,37–P365 e 0,37–P550) dos dados com curtose positiva para P205 (1,06), P365 (0,65) e P550 (0,37), resultando em uma distribuição com pequena assimetria à direita (positiva), conforme se visualiza nas Figuras 2, 3 e 4. Pode-se observar analogia entre as distribuições, como também, pequena discrepância da normalidade.

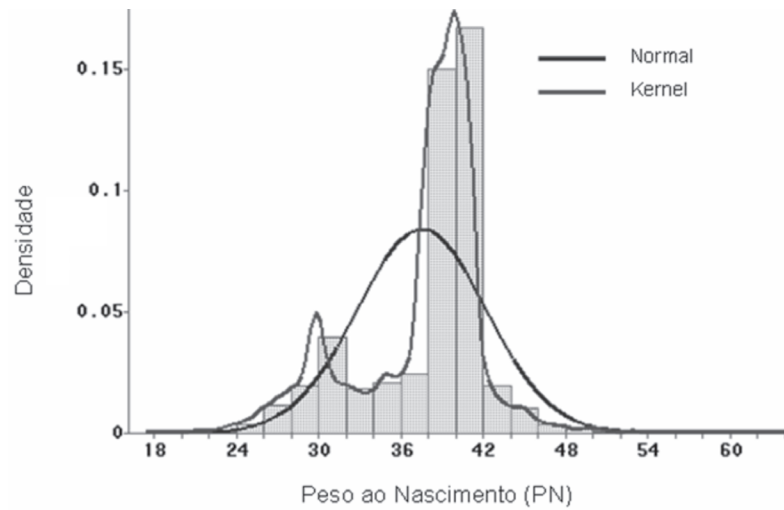


Figura 1 - Estimativa da densidade paramétrica e Kernel para o peso ao nascimento (PN).

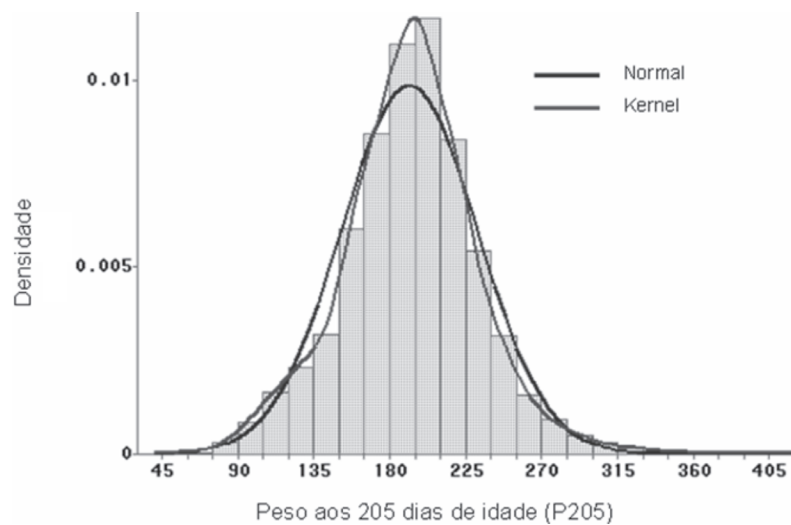


Figura 2 - Estimativa da densidade paramétrica e Kernel para o peso aos 205 dias de idade (P205).

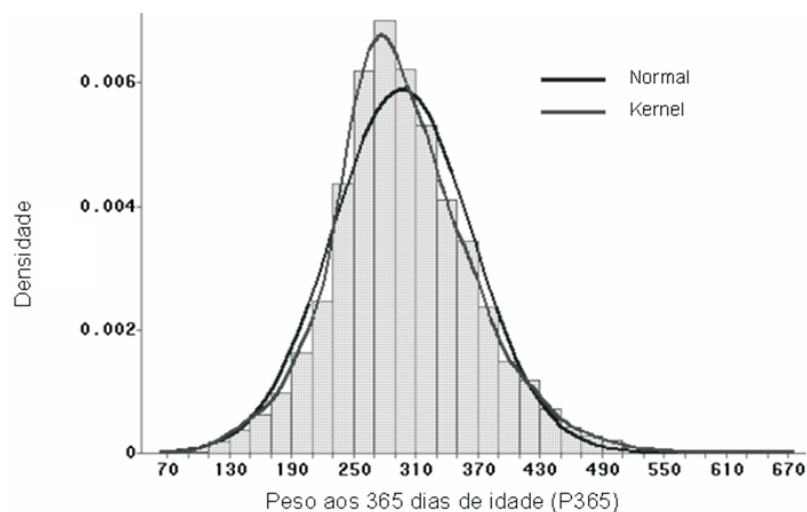


Figura 3 - Estimativa da densidade Normal e Kernel para o peso aos 365 dias de idade.

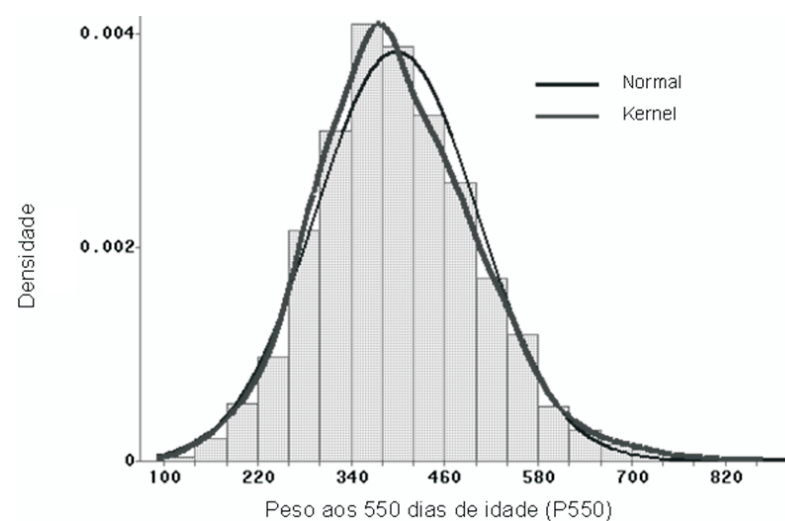


Figura 4 - Estimativa da densidade Normal e Kernel para o peso aos 550 dias de idade.

Quando se utilizou o teste de Kolmogorov-Smirnov, as distribuições dos pesos aos 205 ($p=0,03$), 365 ($p=0,04$) e 550 ($p=0,04$) dias de idade, indicaram a possibilidade de se obter resultados satisfatórios com o uso de quaisquer análises que tenham como pressuposição básica a normalidade.

Em contrapartida, o peso ao

nascimento ($p=0,24$), não apresentou distribuição normal pelo teste Kolmogorov-Smirnov. Uma distribuição irregular, principalmente para o peso ao nascimento, já era esperada, visto que, na prática, muitas vezes os animais recém-nascidos são pesados em balanças irregularmente instaladas, ou até mesmo, em balanças de varas, geralmente imprecisas e, em alguns

casos, esse peso é até subjetivamente registrado pelo funcionário, fato que compromete a distribuição dos dados, implicando em presença de vieses (Figura 1). Por outro lado, deve ser ressaltado que a bimodalidade da distribuição pode ser resultado do efeito de raça.

Na Tabela 1 são também apresentadas as estimativas associadas à função de Kernel. As densidades com superfícies denteadas ou irregulares fornecem menores valores de λ e da constante c , nesse caso o peso ao nascimento, ao passo que valores maiores de c e de λ estão associados às estimativas de densidade com superfícies mais lisas ou regulares, a saber, as características P205, P365 e P550.

As modas obtidas pelo estimador de Kernel para PN, P205, P365 e P550 foram 40,0; 195,0; 280,0 e 380,0 kg, respectivamente, e as determinadas pela função normal, foram 37,6; 192,7; 298,6 e 400,7 kg. Estes resultados confirmam os relatos de Freitas et al. (2002) em bovinos, em que a divergência verificada na moda, obtida do ajuste de duas densidades, pode ser atribuída à existência de picos

de freqüências associados à distribuição dos dados, os quais são responsáveis pelo desvio da distribuição em relação à normal paramétrica.

Observa-se que o estimador Kernel, por empregar λ , que determina o grau de irregularidade das distribuições dos dados na estimativa da função de densidade, leva em conta os picos de freqüência nas distribuições. Nas Figuras 1 a 4 pode-se observar o ajuste do estimador Kernel e da distribuição normal paramétrica dos dados, sendo que o pico da distribuição, considerando-se a função Kernel, situou-se à esquerda daquele obtido pela função paramétrica, nas distribuições dos P365 e P550. Uma vez que λ é o parâmetro de alisamento ótimo, ou seja, aquele que minimiza AMISE, as diferenças das estimativas obtidas por estas duas densidades evidenciam o prejuízo em se considerar que os dados de pesagens se ajustam a uma distribuição normal (Freitas et al., 2002).

As correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre as pesagens são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2 - Correlações Genéticas⁽¹⁾, Fenotípicas^a e Ambientais^b dos pesos ao nascimento (PN), aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 dias (P550) de idade

	PN	P205	P365	P550
PN	-	0,09	0,10	0,12
P205	0,05(0,21)	-	0,80	0,66
P365	0,08(0,15)	0,72(0,90)	-	0,77
P550	0,07(0,29)	0,57(0,76)	0,75(0,80)	-

⁽¹⁾Correlações genéticas, ^aAcima de diagonal, ^bAbaixo da diagonal.

O peso ao nascimento apresentou pequena associação genética, fenotípica e ambiental com as outras pesagens.

Santos et al. (2005), relataram ausência de associação genética, fenotípica e ambiental do peso ao nascimento com pesos em

outras idades em bovinos da raça Nelore variedade mocha. Malhado et al. (2004), estudando bubalinos da raça Mediterrânea, também relataram a ausência de correlação do peso ao nascimento com P205, P365 e P550. Segundo Ferraz Filho (1996) as baixas correlações de ambiente, indicam pequena associação genética não aditiva e/ou ambiental entre o peso ao nascimento e às idades superiores.

Lôbo et al. (2000), revisando informações de diversos trabalhos em bovinos nas regiões tropicais, observaram correlações fenotípicas médias 0,29; 0,21 e 0,21 e correlações genéticas médias 0,51; 0,48 e 0,47 do peso ao nascimento com P205, P365 e P550, respectivamente.

Também, deve ser lembrado que estatisticamente, a correlação fenotípica pode ser definida como a dependência entre as funções de distribuição de duas ou mais variáveis aleatórias, em que a ocorrência de um valor de uma das variáveis favorece a ocorrência de um conjunto de valores de outras, assim a discrepância da distribuição do peso ao nascimento, justifica parte da baixa correlação encontrada.

As correlações genéticas entre o peso aos 205, 365 e 550 dias de idade foram de magnitude alta (0,70 a 0,90), mostrando que grande parte dos genes que atuam no peso aos 205 dias, atua também aos 365 e 550 dias de idade. Resultados semelhantes foram relatados em zebuínos por Ferraz Filho et al. (2002), Malhado et al. (2002) e

Santos et al. (2005). Lôbo et al. (2000), em revisão, relataram correlações genéticas de alta magnitude (0,68 a 0,90) entre P205, P365 e P550, para bovinos.

Em todos os casos analisados, a correlação genética entre P205 e P365, P205 e P550, e P365 e P550 foram superiores em magnitude à fenotípica. Isto, à primeira vista, parece improvável, pois a fenotípica contém a genética. Entretanto, Searle (1961) demonstrou que as correlações fenotípicas podem ser menores que as genéticas, desde que associadas a correlações ambientais baixas e positivas, quando os genes que controlam duas características quaisquer são similares.

As correlações entre pares de variáveis podem ser analisadas por meio de diagramas de dispersão. O gráfico apresenta as observações (ponto) de cada animal, além de uma elipse de confiança, que pode ser denominada de região de tolerância para uma população, uma vez que na parte interna do círculo é esperado encontrar uma dada percentagem da população, neste caso, 95%. Os pontos fora da elipse podem ser considerados dados discrepantes ou *outliers*.

Os gráficos corroboram os valores das correlações genéticas e fenotípicas. Na Figura 5 (A, B e C) pode-se notar uma ausência de correlação fenotípica, devido ao formato oval da elipse de confiança, entre o peso ao nascimento e as outras três características.

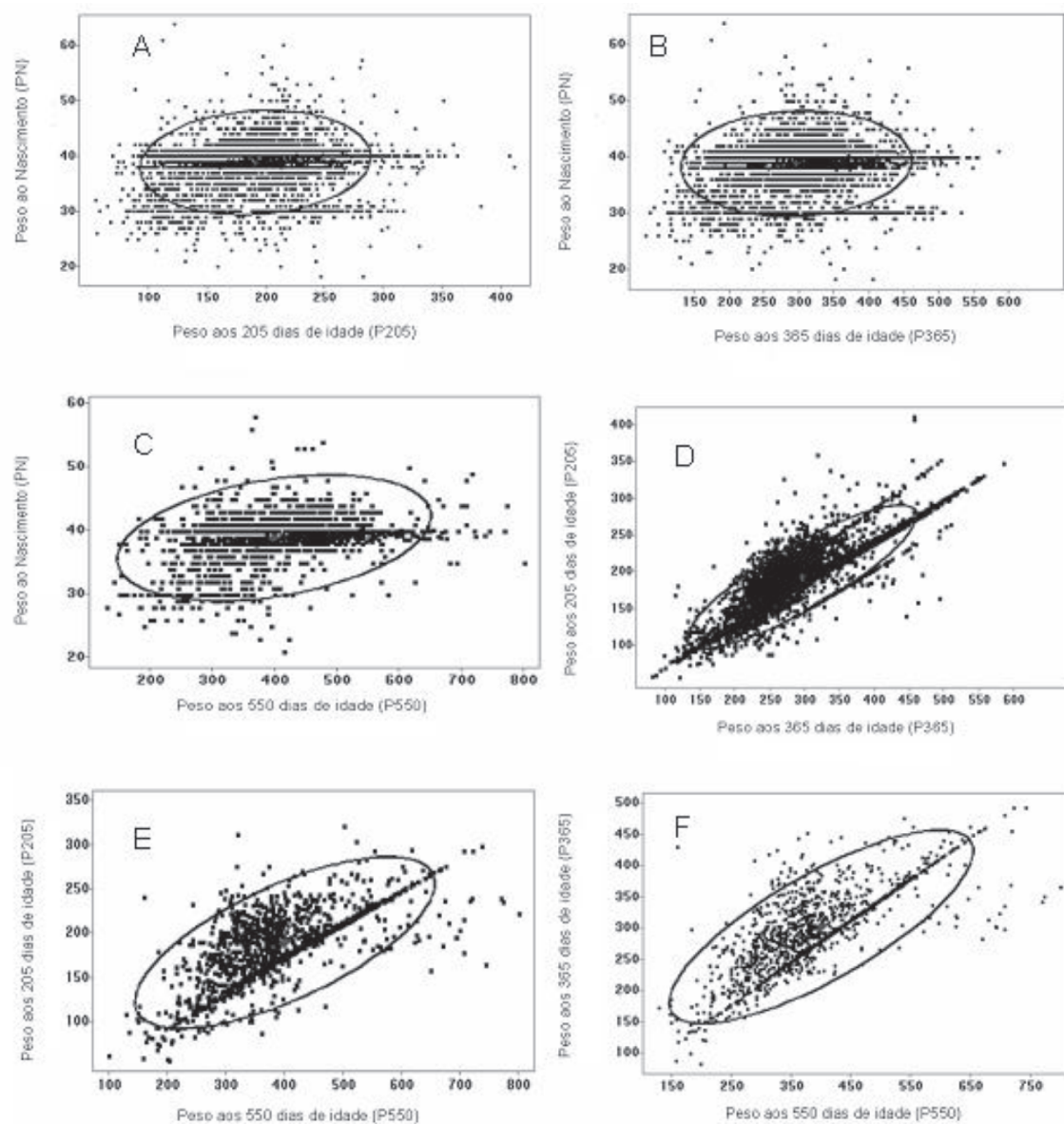


Figura 5 - Diagrama de dispersão e elipses de confiança para a predição (95%) entre os pesos nas diferentes idades.

Por outro lado, os formatos mais alongados das elipses de confiança, na Figura 5 (C, D e E) confirmam as correlações fenotípicas de média a alta magnitude entre P205, P365 e P550.

A correlação entre os valores genéticos de duas características pode ser interpretada como correlação genética

destas características. Assim, na Figura 6 (A, B e C) confirma-se a baixa associação genética entre o peso ao nascimento e P205, P365 e P550. Por outro lado, na Figura 6D, interpreta-se como uma correlação genética de alta magnitude entre P205 e P550, corroborando a correlação genética 0,90. A Figura 6 (E e F) representa uma

moderada associação genética entre P205 - P550 e P365 - P550.

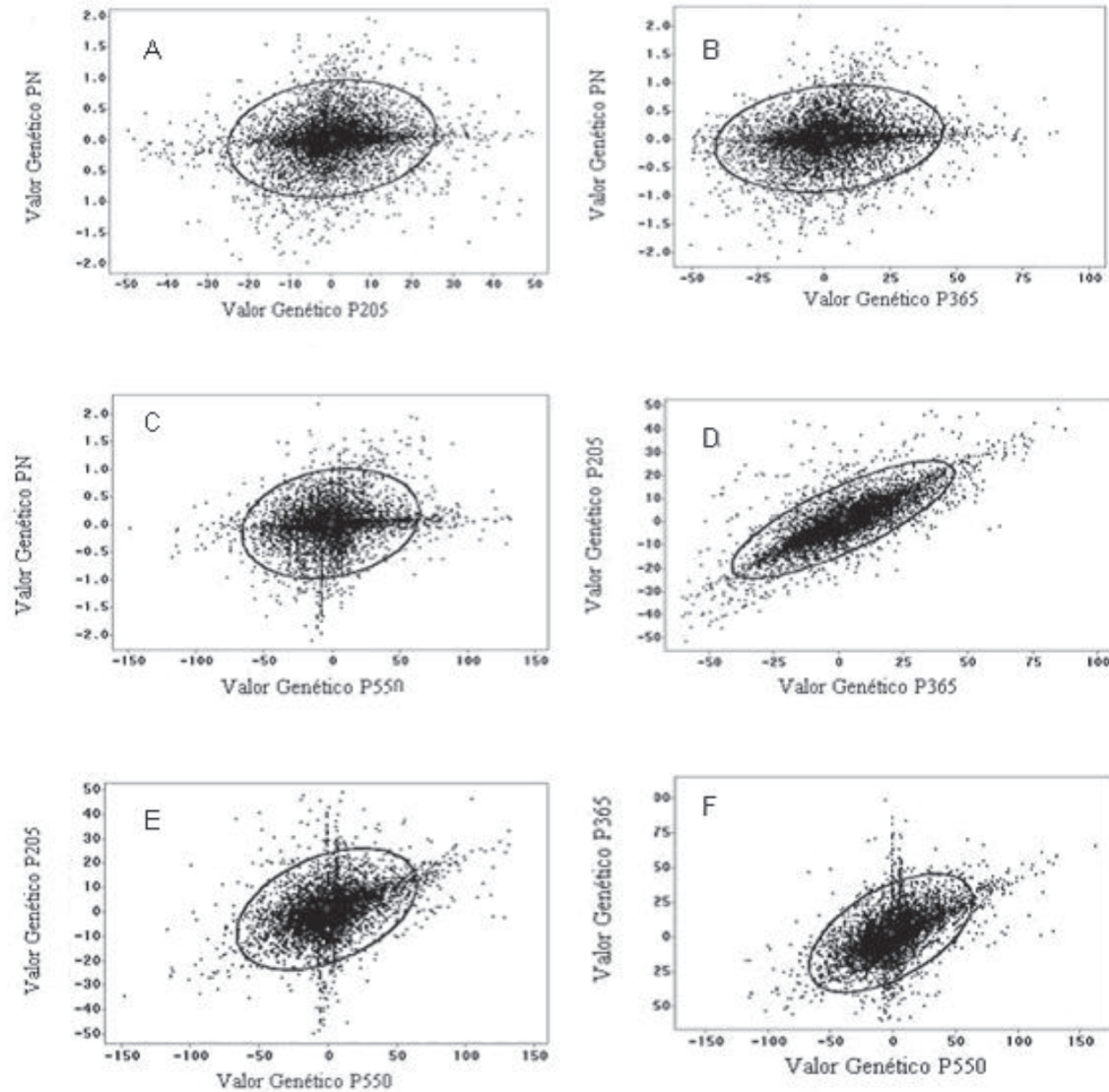


Figura 6. Diagrama de dispersão e elipses de confiança para a predição (95%) entre os valores genéticos.

Conclusões

Há necessidade de se pesar os animais logo após o nascimento para evitar os vieses constatados no estudo do desempenho ponderal dos bubalinos de corte.

O peso ao nascimento apresenta

baixas associações genéticas, ambientais e fenotípicas com as outras pesagens, provavelmente, devido baixa qualidade das informações de peso ao nascer.

Os pesos tomados aos 205, 365 e 550 dias de idade constituem em características com altas correlações genéticas entre si e qualquer uma delas representa as demais num programa de seleção.

Referências Bibliográficas

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. **A Manual for Use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à Genética Quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FERRAZFILHO, P.B. **Análise e Tendência Genética de Pesos em Bovinos da Raça Nelore Mocha no Brasil**. Jaboticabal, 1996. 163f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista.
- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p.65-69, 2002.
- FREITAS, A.R.; SILVA, L.O.C.; EUCLIDES FILHO, K. et al. Aplicação da técnica kernel em dados de bovinos. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. **Anais...**Campo Grande:SBMA, 2002. p. 201-203.
- LÔBO, R.N.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, n.6, p.433-461, 2000.
- LOBO, R.N.B.; MARTINS, J.A.M.; MALHADO, C.H.M. et al. Correlação entre as características de crescimento, abate e medidas corporais e, tourinhos da raça Nelore. **Revista Ciências Agronômica**, v.33, n.2, p.93-100, 2002.
- MALHADO, C.H.M.; SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C. et al. Correlação genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos da várias idades em bovinos da raça Guzerá no Estado de São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p.71-75, 2002.
- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; SOUZA, J.C. et al. Análise da distribuição dos pesos de desempenho ponderal de Bubalinos. In: BUFFALLO SYMPOSIUM OF AMERICAS, 2., 2002, Corrientes. **Proceedings...** Corrientes: ALPA, 2004. CD-ROM.
- RAMOS, A.A.; MALHADO, C.H.M.; GONÇALVES, H. et al. O Búfalo como uma opção de produção de carne. In: BUFFALLO SYMPOSIUM OF AMERICAS, 2., 2002, Corrientes. **Proceedings...** Corrientes: ALPA, 2004. CD-ROM.
- SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Correlação genética, fenotípica e ambiental do desenvolvimento ponderal em bovinos da raça nelore variedade mocha. **Archives of Veterinary Science**, v.10, n.2, p.55-60, 2005.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. SAS. **User's Guide**: statistics. Version 8.2. Cary, NC: Sas Institute Inc., 2000.
- SEARLE, S.R. Variance components in the unbalanced 2-way nested classification. **Annals of Mathematical Statistics**, v.32, p.1161-1166, 1961.