

INTERAÇÃO PAI–AVÔ-MATERNO NA ESTIMATIVA DE (CO)VARIÂNCIAS, E TENDÊNCIA GENÉTICA DO CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA EM GADO NELORE*

ARCADIO DE LOS REYES,¹ MAURICIO A. ELZO,² ANA CHRISTINA SANCHES,³ RAYSILDO B. LÔBO,⁴ E LUIZ A. F. BEZERRA⁴

*Com apoio financeiro da CAPES

1. Departamento de Produção Animal, Escola de Veterinária, UFG, Goiânia-GO, Brasil, e-mail: adreyesb@vet.ufg.br

2. Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, FL 32611-0910, USA, e-mail: elzo@animal.ufl.edu

3. Departamento de Zootecnia, UCG, Goiânia-GO, Brasil, e-mail: anacristina@ucg.br

4. Departamento de Genética, FMRP-USP, Ribeirão Preto-SP, Brasil, e-mail: rayblobo@genbov.fmrp.usp.br, lafbezzer@genbov.fmrp.usp.br

RESUMO

Foram utilizados pesos padronizados aos 120 (P120) e 240 (P240) dias de idade, de 8.084 bezerros Nelore, de ambos os sexos, criados a pasto, nascidos entre 1987 e 1997 em 31 rebanhos, para estimar componentes de (co)variância e obter predições de valores genéticos. O modelo animal misto completo para cada caráter incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo (rebanho-ano-época-sexo-grupo-manejo) e seis classes de idade da vaca ao parto em anos (2, 3, 4, 5, 6 a 9, 10 e mais), e os efeitos aleatórios genéticos aditivos do animal (direto e maternal), ambiental permanente maternal, interação pai–avô-materno (PAM) e residual. O efeito da interação PAM explicou entre 2,8% e 3,1 % da variância fenotípica, e determinou redução das variâncias direta e maternal e aumento da

covariância entre efeitos direto e maternal. As herdabilidades diretas diminuíram de 0,24 a 0,20 (P120), e 0,24 a 0,19 (P240), e as correspondentes herdabilidades maternais de 0,17 a 0,13 e 0,20 a 0,16, respectivamente. As correlações entre efeitos genéticos direto e maternal aumentaram de 0,05 a 0,29 (P120), e -0,12 a 0,01 (P240), não indicando antagonismo. A evolução das médias anuais dos valores genéticos indicou escasso ou nenhum progresso no período analisado, especialmente na habilidade maternal. O uso intensivo e por vários anos de poucos touros aponta-se como causa importante desse resultado. O efeito da interação PAM e a evolução genética devem ser pesquisados com maior abrangência, incluindo dados mais recentes.

PALAVRAS-CHAVE: (Co)variâncias maternais, interação pai–avô-materno, tendência genética.

ABSTRACT

SIRE–MATERNAL GRANDSIRE INTERACTION ON (CO)VARIANCE ESTIMATIONS, AND GENETIC TREND OF PRE-WEANING GROWTH TRAITS OF NELLORE CATTLE

Adjusted weights at 120 (P120) and 240 (P240) days of age from 8,084 Nelore calves of both sexes were used to obtain estimate of (co)variance components and predictions of breeding values. Calves were born between 1987 and 1997 and raised on pasture in 31 herds. The complete mixed model for each trait included the fixed effects of contemporary group (herd-year-season-sex-management

group) and six cow age at calving classes (2, 3, 4, 5, 6 to 9, and 10 years and older cows), and random additive genetic effects of animal (direct and maternal), maternal permanent environmental, sire x maternal grandsire interaction (PAM) and residual. Inclusion of PAM interaction explained between 2.8 and 3.1 % of the phenotypic variance, and caused a reduction in direct and maternal variances and an

increase in direct-maternal covariances. Direct heritabilities diminished from 0.24 to 0.20 (P120), and from 0.24 to 0.19 (P240). Corresponding maternal heritabilities decreased from 0.17 to 0.13 and from 0.20 to 0.16. Direct-maternal genetic correlations increased from 0.05 to 0.29 (P120), and from -0.12 to 0.01 (P240), indicating no antagonism. Figures of

annual breeding value means showed scarce or any progress during the analyzed period, particularly on maternal ability. Intensive use of few sires could be a major factor contributing to these results. The PAM interaction effect and the genetic trend must be investigated further on a database including recent information.

KEY WORDS: (Co)variances, genetic trend, sire-maternal grandisre interaction.

INTRODUÇÃO

O modelo genotípico de herança inclui os efeitos aditivos, de dominância e epistáticos (COCKERHAM, 1954). Os efeitos não aditivos são comumente ignorados nas avaliações genéticas de bovinos de corte. Em consequência, tais avaliações são menos acuradas, e a perda de acurácia depende das variâncias dos efeitos não aditivos e da proporção de animais com inter-relacionamento não aditivo (MIZSTAL et al., 1998). No entanto, vários estudos têm demonstrado que os efeitos não aditivos, especialmente a dominância, são relevantes para as características usualmente avaliadas em gado de corte (RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995; MIZSTAL et al., 1996, 1998; DUANGJINDA et al., 2001; POLLAK, 2003).

RODRIGUEZ-ALMEIDA et al. (1995) estimaram variâncias de dominância e aditiva \times aditiva para peso e altura na cernelha ao nascer e 205 dias de idade sobre três genótipos compostos de corte. O efeito de dominância explicou entre 11% e 28% da variância fenotípica total nas quatro características, entretanto, a maioria das estimativas da variância aditiva \times aditiva foi desprezível. MIZSTAL et al. (1998) determinaram que o efeito da dominância explicou 9,9% da variância fenotípica sobre o ganho médio diário pós-desmama em gado Limousin.

A inclusão da interação pai-avô materno no modelo leva em conta, ao menos parcialmente, os efeitos não aditivos. Assim, espera-se que contribua

para estimativas de (co)variâncias e predições de valores genéticos aditivos mais acurados.

Os objetivos deste trabalho foram determinar a importância da interação pai-avô materno no modelo misto para a estimativa de (co)variâncias, e a tendência genética do crescimento pré-desmama em gado Nelore.

MATERIAL E MÉTODOS

Analisaram-se pesos padronizados aos 120 (P120) e 240 (P240) dias de idade de bezerros Nelore, de ambos os sexos, criados a pasto, nascidos entre 1987 e 1997 em 31 rebanhos integrantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore-USP. Foi utilizada uma amostra de 8.084 registros obtida a partir de mais de 73.000 animais. O processo de edição visou manter uma estrutura dos dados representativa da população estudada, e ainda apropriada para a estimativa efetiva da variabilidade diante da interação pai-avô materno (PAM), impondo, além das consistências comuns, as seguintes restrições: que cada grupo contemporâneo incluísse no mínimo dez registros, filhos com dados de dois touros (pais) e duas subclasses PAM por touro. Na Tabela 1 mostram-se estatísticas descritivas da amostra de dados analisada segundo a característica. Essas restrições, aliadas às informações incompletas, na genealogia disponível, pelo lado materno, determinaram a redução no tamanho da amostra utilizada.

TABELA 1. Estatísticas descritivas da amostra de dados analisada segundo a característica.

Caráter ^a	N. obs.	Média(kg)	DP(kg) ^b	GC ^b	Pais	Mães	AM ^b	PAM ^b
P120	7.545	124,0	20,0	238	162	4.288	154	693
P240	6.142	193,0	32,9	207	153	3.587	136	604

(a) Pesos padronizados aos 120 (P120) e 240 (P240) dias de idade. ^b Desvio padrão (DP), grupos contemporâneos (GC), avôs maternos (AM) e subclasses pai \times avô materno (PAM).

O modelo animal misto completo para cada caráter incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo (rebanho-ano-época-sexo-grupo de manejo) e seis classes de idade da vaca ao parto em anos (2, 3, 4, 5, 6 a 9, 10 e mais), e os efeitos aleatórios, genético aditivo do animal (direto e maternal), ambiental permanente maternal, interação PAM e residual, o qual em forma matricial é:

$$y = Xb + Z_1d + Z_2m + Z_3pe + Z_4pam + e$$

em que

y = vetor das observações de cada característica,
 X = matriz de incidência dos efeitos fixos,
 b = vetor dos efeitos fixos,
 Z_1 = matriz de incidência do efeito genético direto de cada animal,
 d = vetor de efeitos genéticos diretos aleatórios,
 Z_2 = matriz de incidência do efeito genético maternal,
 m = vetor de efeitos genéticos maternais aleatórios,
 Z_3 = matriz de incidência do efeito de ambiente permanente maternal,
 pe = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal,
 Z_4 = matriz de incidência do efeito da interação pai-avô materno,
 pam = vetor de efeitos aleatórios da interação pai-avô materno,
 e = vector de efectos residuais aleatórios.

As suposições dos efeitos aleatórios foram as seguintes: 1) os efeitos genéticos aditivos diretos e maternais $\begin{bmatrix} d \\ m \end{bmatrix}$ distribuem-se com média zero e variâncias $A^* \begin{bmatrix} \sigma_d^2 & \sigma_{dm} \\ \sigma_{dm} & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$, em que A é a matriz de

parentesco, σ_d^2 é a variância genética aditiva direta, σ_m^2 é a variância genética aditiva maternal e σ_{dm} é a covariância entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal; 2) os efeitos de ambiente permanente maternais pe , da interação pai-avô materno pam e residuais e distribuem-se com média zero e variâncias $I^* \sigma_{pe}^2$, $I^* \sigma_{pam}^2$ e $I^* \sigma_e^2$, respectivamente, em que σ_{pe}^2 é a variância dos efeitos de ambiente permanente maternais, σ_{pam}^2 é a variância da interação pai-avô ma-

terno, σ_e^2 é a variância dos efeitos residuais, e as I representam matrizes identidade de ordens iguais ao número de mães, número de subclasses pai-avô materno e número total de animais com registros, respectivamente.

Utilizou-se o aplicativo MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995) para efetuar análises uni e bicaráter para definir os efeitos a serem incluídos nos modelos e dispor de estimativas iniciais para obter (co)variâncias e predições de valores genéticos sobre as duas características.

Em todas as análises consideraram-se as estruturas completas de (co)variâncias. Para as predições de valores genéticos e da interação PAM sobre P120 e P240, foram usadas as componentes de (co)variâncias estimadas na análise bicaráter.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estimativas de (co)variâncias. As análises uni e bicaráter sobre P120 e P240 mostraram que a inclusão do efeito ambiental permanente maternal no modelo determinou mudanças nas (co)variâncias de outros efeitos, especialmente reduções das variâncias genéticas direta e maternal e da covariância entre efeitos direto e maternal. Nas análises unicaráter as diminuições das herdabilidades diretas foram de 0,24 a 0,21 para P120, e de 0,20 a 0,18 para P240, com valores correspondentes das herdabilidades maternais de 0,20 a 0,12 e 0,15 a 0,11, respectivamente. As correlações entre efeitos genéticos direto e maternal mudaram de -0,08 a -0,18 para P120, e de 0,22 a -0,04 para P240. Resultados similares foram encontrados por ROBINSON (1996) para pesos ao nascer e à desmama na raça Angus na Austrália.

O estudo da distribuição do número de registros por vaca mostrou que apenas 49,1 % delas tinha dois ou mais filhos com dados na amostra estudada. Essa limitação foi constatada também nos dados base, sobre mais de 73.000 registros no período de 1976 a 1997, nos quais 50,3 % das vacas apresentaram dois ou mais filhos com registros efetivos. Tal estrutura dos dados inviabiliza uma estimativa confiável da variância de ambiente permanente maternal, e provavelmente altere o padrão de influência desse efeito sobre as estimativas dos restantes

efeitos componentes no modelo.

GERSTMAYR (1992) e MINIATIS & POLLOTT (2003) determinaram que as estimativas de efeitos genéticos direto e maternal e a correlação entre eles são altamente dependentes do número de registros por mãe, da existência de suficiente número de mães e avós maternas com dados e do número de gerações presentes nos dados analisados. Assim, limitações na estrutura dos dados poderiam ser um dos fatores determinantes da alta correlação genética negativa freqüentemente estimada entre efeitos genéticos direto e maternal.

Com base nos resultados prévios decidiu-se excluir o efeito de ambiente permanente maternal das análises definitivas.

O efeito da interação PAM explicou entre 2,8% e 3,1 % da variância fenotípica nas análises uni e bicaráter nas duas características (P120 e P240), contribuindo ($P < 0,001$) ao ajustamento dos modelos, segundo o teste da razão de verossimilhança que se distribui aproximadamente Qui-quadrado (RAO, 1973), com um e três graus de liberdade nas comparações dos modelos uni e bicaráter respectivamente.

Nas análises unicaráter, a interação PAM determinou redução das variâncias genéticas direta e maternal e aumento da covariância entre efeitos direto e maternal, ocasionando diminuição das herdabilidades diretas de 0,24 a 0,20 para P120, e de 0,24 a 0,19 para P240, com mudanças correspondentes das herdabilidades maternas de 0,17 a 0,13 e 0,20 a 0,16, respectivamente. As correlações entre efeitos genéticos direto e maternal aumentaram de 0,05 a 0,29 para P120, e de -0,12 a 0,01 para P240. Na análise bicaráter o padrão de mudanças das (co)variâncias foi similar para ambas as características, embora de menor magnitude.

Não foi encontrado na literatura consultada nenhum resultado sobre o efeito da interação PAM, e sua influência nas estimativas de (co)variâncias dos restantes efeitos do modelo. No entanto, tem-se sugerido que as estimativas negativas da covariância entre efeitos genéticos direto e maternal poderiam ser consequência de variabilidade adicional entre touros, a exemplo da interação touro–rebanho.

A interação touro–rebanho e seu efeito sobre

os restantes componentes de (co)variância tem sido estudada em gado de corte (LEE & POLLAK, 1997; ELER et al., 1998; BASCHNAGEL et al., 1999). ELER et al. (1998), em análise bicaráter dos pesos ao nascer e à desmama na raça Nelore, verificaram que a interação touro–rebanho explicou 4 % da variância fenotípica do peso ao nascer e determinou uma redução da herdabilidade direta de 0,39 a 0,26, e da herdabilidade maternal de 0,09 a 0,06, com mudança da correlação entre efeitos direto e maternal de -0,24 a 0,13. Sobre o peso desmama, essa interação explicou 2 % da variância fenotípica, e as correspondentes mudanças foram de 0,28 a 0,25, 0,06 a 0,07 e de -0,14 a -0,09, respectivamente.

Esses achados e os resultados do presente estudo sustentam os resultados de ROBINSON (1996). Para este autor, as estimativas negativas da covariância entre efeitos genéticos direto e maternal provavelmente são consequência de variabilidade adicional entre touros, que evidencia de uma verdadeira relação genética antagônica entre esses efeitos.

A correlação entre efeitos genéticos diretos de P120 e P240 foi de 0,96, e a correspondente entre efeitos maternos de 0,95. As correlações entre efeitos genéticos direto de uma característica e maternal da outra foram positivas e baixas (0,15 e 0,19). A correlação entre efeitos da interação PAM para P120 e P240 foi de 0,73, e a correspondente entre efeitos residuais, de 0,74.

Predições de valores genéticos e tendências genéticas. Obtiveram-se predições de valores genéticos (diferença esperada na progênie – DEP) para efeitos direto e maternal sobre 20.097 animais incluídos na matriz de parentesco A, e também da interação PAM. A tendência das médias dessas predições, segundo o ano de nascimento, apresenta-se na Figura 1, para animais com registro (bezerros, 8.084), pais (touros, 181), mães (vacas, 4.756) e a interação PAM (765 subclasses).

As médias para efeito genético direto nos bezerros (DEPD120B e DEPD240B) mostraram uma amplitude máxima, nos onze anos estudados, de 1,78 kg para P120 (0,14 % da média fenotípica por ano)

e 3,23 kg para P240 (0,17 % da média fenotípica por ano). As médias das predições individuais dos touros (DEPD120PI e DEPD240PI) tiveram um padrão muito similar ao dos bezerros para ambas as características. Os valores médios anuais para o efeito genético direto das vacas (DEPD120MI e

DEPD240MI) foram negativos ou muito próximos de zero durante os 11 anos analisados (Figura 1). A tendência das médias anuais correspondentes aos avôs maternos foi superposta à das mães, indicando que no período estudado a escolha e reposição das fêmeas não foram baseadas nos valores genéticos delas próprias ou de seus pais.

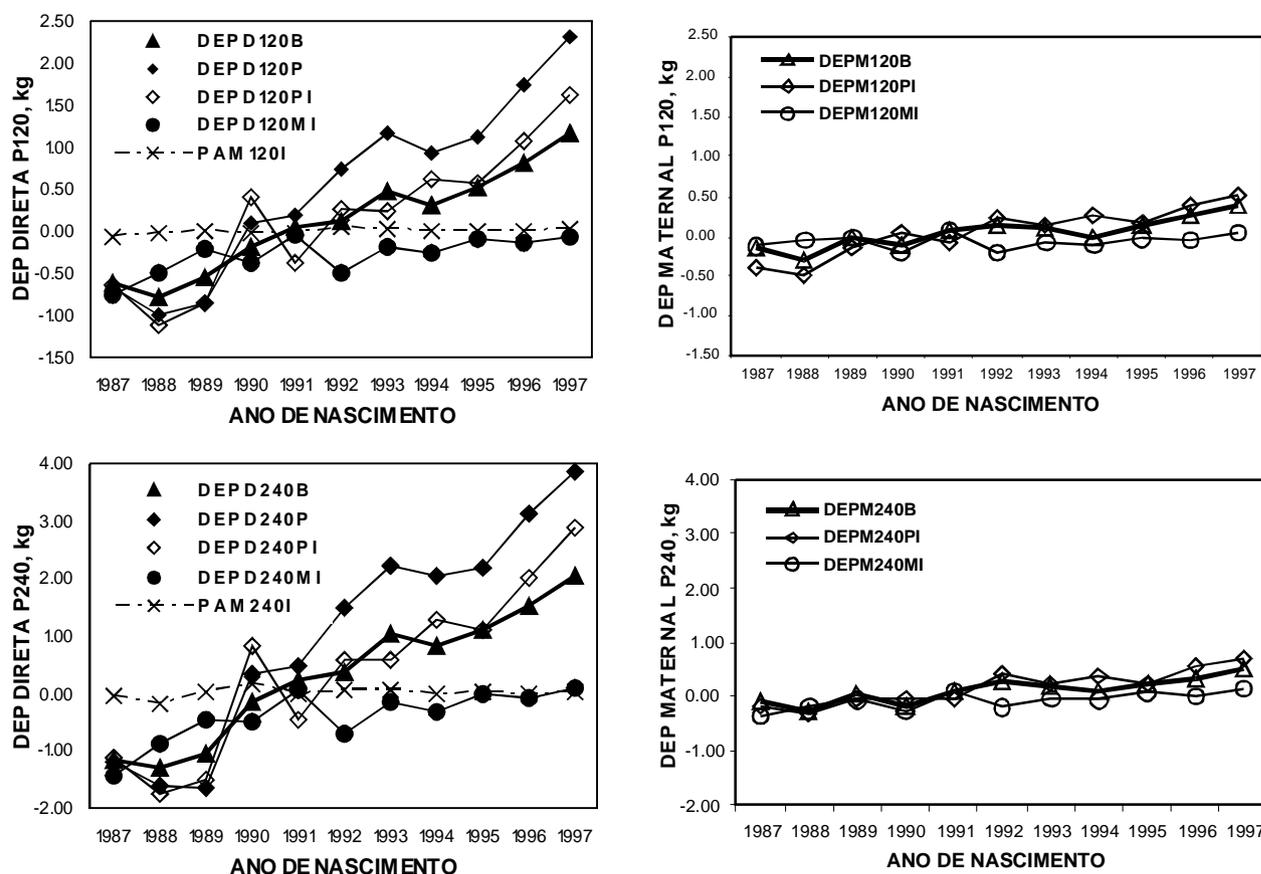


FIGURA 1. Tendência das médias das diferenças esperadas na progênie dos efeitos aditivos direto (DEPD) e maternal (DEPM) por ano de nascimento, para pesos padronizados aos 120 (P120) e 240 (P240) dias de idade, nos bezerros (B), pais (P = ponderada, PI = individual) e mães (MI = individual), e do efeito da interação pai-avô materno (PAM).

Os valores genéticos médios anuais ponderados dos touros (DEPD120P e DEPD240P), que expressam o valor genético esperado nas progênies avaliadas apenas a partir dos pais, mostraram tendência crescente a partir de 1991, seguindo o mesmo padrão das médias para os bezerros. Isto significa que o escasso progresso genético alcançado nesse período deveu-se exclusivamente aos touros, pois

as mães tiveram valores genéticos diretos médios negativos ou muito próximos de zero.

Os valores genéticos maternos médios anuais foram negativos ou muito próximos de zero (Figura 1) nos bezerros (DEPM120B e DEPM240B), touros (DEPM120PI e DEPM240PI) e vacas (DEPM120MI e DEPM240MI) no período de onze anos estudado, resultado que merece especial aten-

ção, pela significativa contribuição da habilidade materna ao retorno econômico dos rebanhos de corte. Também a tendência dos valores médios maternos dos avôs maternos foi coincidente com a observada para as mães.

Os resultados prévios caracterizam um processo de seleção-acasalamento sob baixa pressão seletiva, reduzida taxa de reposição dos touros, e escasso direcionamento dos acasalamentos atendendo às predições dos valores genéticos. As médias anuais próximas de zero para o efeito da interação PAM sobre as duas características podem considerar-se, também, resultado desse processo, refletindo acasalamentos com base em critérios diferentes dos valores genéticos das vacas e touros escolhidos.

Entre os fatores que poderiam ter contribuído para o escasso progresso genético alcançado, pode-se apontar que, dos 181 pais e 165 avôs maternos, 50 touros, nascidos entre 1974 e 1990, são comuns, produzindo 50,7 % dos bezerros e 51,0 % das mães, respectivamente. Foi constatado também que os touros usados entre 4 a 8 anos do período estudado representaram 33,1 % dos pais gerando 61,4 % dos bezerros, e 38,2 % dos avôs maternos gerando 76,9 % das mães. Esses valores refletem baixa taxa de reposição dos touros, a qual, conseqüentemente, determina o aumento do intervalo de gerações, limitando dessa forma a taxa de progresso genético anual.

Isto, sem dúvida, deve ter determinado taxas crescentes de parentesco e da proporção de indivíduos consanguíneos na população, e como conseqüência a manifestação de depressão consanguínea nas características estudadas. Os resultados de SCHENKEL et al. (2002) e VOZZI (2004) confirmam essa tendência para a raça Nelore. SCHENKEL et al. (2002) encontraram que a taxa anual de consanguinidade foi crescente, particularmente após 1980, sendo que a proporção de animais consanguíneos aumentou rapidamente ao longo dos anos, tendo chegado a 60 % em 1999 na raça Nelore. No mesmo trabalho foi determinado que, para cada 10 % de incremento da consanguinidade, o ganho médio diário até os 205 dias de idade foi deprimido em 1,7% e 1,4 % da média fenotípica pela consanguinidade individual e materna, respectivamente.

te. Assim, sem desconsiderar outras possíveis causas, poder-se-ia apontar a ação conjunta do aumento do intervalo de gerações e a depressão consanguínea como determinante primário do reduzido progresso genético encontrado.

CONCLUSÕES

O efeito da interação PAM foi significativo sobre o crescimento pré-desmama e deve ser estudado com maior abrangência, para o qual seria necessário o aprimoramento das informações genealógicas pelo lado materno.

A tendência genética observada caracteriza um escasso progresso no crescimento até a desmama, em particular da habilidade materna, o qual requer estudo minucioso sobre suas causas, incluindo outras características de interesse econômico e dados posteriores ao período analisado.

Como causas que poderiam ter contribuído ao escasso progresso genético alcançado pode-se apontar o uso por vários anos de um reduzido grupo de touros, com o conseqüente aumento do intervalo de gerações e possível depressão pela consanguinidade.

REFERÊNCIAS

- BASCHNAGEL, M. B.; J. MOLL; KÜNZI, N. Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire x herd interaction as an additional random effect. **Livestock Production Science**, v. 60, p. 203-208, 1999.
- BOLDMAN, K. G.; L.A. KRIESE; L. D. VAN VLECK; VAN TASSELL, C. P.; KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances. Washington, DC: USDA, ARS, 1995.
- COCKERHAM, C. C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics**, v. 39, p. 859-882, 1954.

- DUANGJINDA, J. K.; BERTRAND, J. K.; MISZTAL, I.; DRUET, T. Estimation of additive and nonadditive genetic variances in Hereford, Gelbvieh and Charolais by Method R. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, p. 2997-3001, 2001.
- ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; B. L. GOLDEN, B. L.; SILVA, P. R.. Effect of sire x herd interaction in estimation of (co)variance components in Nelore cattle. Proceedings of the 6th World Congress on **Genetic Applied Livestock Production**, Armidale, Australia, v. 25, p. 165-168, 1998.
- GERSTMAYR, S. Impact of the data structure on the reliability of the estimated genetic parameters in an animal model with maternal effects. **Journal of Animal Breeding Genetics**, v. 109, p.321-336, 1992.
- LEE, C. ; POLLAK, E. J. Relationship between sire x year interaction and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 75, p. 68-75, 1997.
- MINIATIS, N. and G.E. POLLOTT. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 101-108, 2003.
- MIZSTAL, I.; FERNANDO, R. L.; M. GROSSMAN, M; LAWLOR, T. J.; LUKASZEWICZ, M. **Nonadditive (Nicking) effects in genetic evaluation**. 1996 Annual Report (p. 121-126). Disponível em: <http://www.ads.uga.edu/annrpt/1996/96_121.htm>. Acesso em: 20 jan. 2005.
- MIZSTAL, I.; VARONA, L.; CULBERTSON, M.; GENGLER, N.; BERTRAND, J. K.; MARBY, J. J.; LAWROR, T. J.; VAN TASSELL, C. P. Studies on the value of incorporating effects of dominance in genetic evaluations of dairy cattle, beef cattle, and swine. Proc. 6th World Congr. **Genetic Applied Livestock Production**, Armidale, Australia, v. 25, p. 513-516, 1998.
- POLLAK, E. J. **Thoughts on future directions in genetic evaluation of beef cattle**. The John M. Airy Beef Cattle Symposium, Visions for genetic and breeding, Iowa State University, USA, 15-17 May 2003.
- RAO, C. R. **Linear statistical inference and its applications**. 2nd ed., New York: John Wiley and Sons, 1973. 522p.
- ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**, Armidale, Australia, v. 45, p. 1-11, 1996.
- RODRÍGUEZ-ALMEIDA, F. A.; L.D. VAN VLECK; R.L. WILLHAM and S. L. NORTH CUTT. Estimation of non-additive genetic variances in three synthetic lines of beef cattle using an Animal Model. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 73, p. 1002-1011, 1995.
- SCHENKEL, F.S.; LAGIOIA, D. R; J. RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças Zebuínas no Brasil. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., SBMA, 2002. Disponível em: <<http://www.sbmaonline.org.br/anais/iv/ivt08bc.pdf>>. Acesso em: 29 out. 2004.
- VOZZI, P. A. **Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 2004.