



## Tendências genéticas de características pré e pós-desmama em rebanhos de bovinos Nelore criados nos estados do Maranhão e Pará

**Geneildes Cristina de Jesus Santos<sup>1</sup>, Laryany Farias Vieira<sup>1</sup>, Thaymisson Santos de Lira<sup>1</sup>, Leandro Lopes Nepomuceno<sup>2</sup>, Fernando Lopes Brito<sup>3</sup>, Jorge Luís Ferreira<sup>4</sup>**

<sup>1</sup> Mestrandos do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal Tropical – UFT. e-mail: [laryanyfarias@gmail.com](mailto:laryanyfarias@gmail.com)

<sup>2</sup> Aluno de Graduação em Medicina Veterinária – UFT

<sup>3</sup> Pesquisador e Bolsista Pós-doutoramento EMBRAPA-CERRADOS, Planaltina, Distrito Federal.

<sup>4</sup> Prof. Doutor do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal Tropical – UFT. e-mail: [jorgeuft@gmail.com](mailto:jorgeuft@gmail.com)

**Resumo:** Este trabalho foi realizado com o objetivo de se estimar coeficientes de herdabilidade, medidas de (co)variâncias, coeficientes fenotípicos e ambientais para os pesos pré-desmama (P120 e P210) e pós-desmama (P365, P450 e P550) em animais da raça Nelore criados nas regiões de Maranhão e Pará. Utilizaram-se registros de 20591 animais nascidos entre os anos de 1998 a 2010, criados a pasto. As estimativas médias para pesos padronizados aos 120 dias (P120), 210 dias (P210), 365 dias (P365), aos 450 dias (P450) e peso aos 550 (P550) foram de 121,63±15,34, 179,30±23,17, 211,21±29,15, 240,67±32,09 e 282,65±38,84 kg, respectivamente, para o Maranhão. Para o estado do Pará as médias encontradas para estas mesmas características foram 128,56±15,28, 187,62±21,93, 239,79±29,95, 274,00±36,21 e 328,08±45,34kg, respectivamente, sendo consideradas altas. As herdabilidades diretas estimadas foram de magnitude alta no Maranhão (0,43 e 0,48 para P120 e P210). No estado do Pará os valores encontrados para estas mesmas características foram 0,32, demonstrando alta variabilidade com possibilidade de seleção para ambos os estados. Os ganhos genéticos foram pequenos, o que pode ser devido à utilização ineficiente dos critérios de seleção e a fatores ambientais nestes dois estados.

**Palavras-chave:** características de crescimento, correlações, zebu

### 1. INTRODUÇÃO

O Brasil vem ganhando destaque no cenário internacional de carne bovina nos últimos anos. Segundo a USDA (2012), o crescimento da produção de carne brasileira (64,75%) foi bem maior que a percentagem mundial nas últimas duas décadas (13%). Segundo dados cedidos pelo IBGE (2010), o efetivo de animais de grande porte também teve crescimento (2%) quando comparado ao ano anterior. Restringindo ainda mais o grupo de animais de grande porte, a espécie bovina ascendeu em 2,1% o seu efetivo, totalizando em 209,541 milhões de cabeça de gado em 2010 (IBGE, 2010).

As regiões brasileiras (exceto o Sul) contribuíram de forma essencial para essa ascendência, sendo a região mais significativa a Norte (4,1%). Esta também foi destaque perante as outras, pela maior produção da pecuária municipal em 2010, sendo o município de São Felix do Xingu (Pará) o que possui maior número de bovinos no país. A região nordeste também contribuiu com 1,7%, para este crescimento. Estas regiões têm condições contrastantes, enquanto uma apresenta índices crescentes em número efetivo de bovinos (NO), a outra devido a fatores climáticos e produtivos (secas e abate de matriz) tem reduzido-o (IBGE, 2010).

Segundo Malhado et al.(2005), o efetivo bovino do nordeste constitui-se em grande maioria de zebuínos, principalmente o Nelore, raça escolhida mediante as suas características de adaptação ao clima desta região, e também pela rusticidade.

Com o intuito de se avaliar a situação dos rebanhos, as características de desenvolvimento ponderais muito utilizadas por programas de melhoramento animal, sendo estes critérios de seleção, são amplamente utilizadas (Marcondes et al., 2000). A seleção por sua vez é uma medida eficaz dos programas de melhoramento genético animal, desde que esta seja utilizada de forma correta, alocando os animais superiores para estas características em estudo (Mello, 1999).

Assim, características de crescimento destacam-se como critério de seleção, pois, além de serem bons indicadores do potencial de crescimento dos animais, apresentam herdabilidades que variam de



média a alta magnitude, o que pode proporcionar maiores ganhos genéticos por geração (Laureano et al., 2011).

Vários trabalhos foram realizados buscando avaliar tendências genéticas em rebanhos de várias raças e em diversas regiões do país. Malhado et al. (2005) avaliou tendências genéticas em bovinos nelore na região nordeste do Brasil. Ferraz Filho et al. (2002) estudou tendências genéticas em rebanhos bovinos da raça Tabapuã. Souza et al. (2007) também estudou tendências genéticas e ambientais em bovinos Nelore na região do triângulo mineiro em MG.

Com o intuito de verificar as situações dos rebanhos no estado do Maranhão e Pará, objetivou-se com esse estudo prever as tendências genéticas para pesos padronizados aos 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade em bovinos da raça Nelore criados no estado do Maranhão e do Pará, manejados em sistema extensivo de criação.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas informações referentes a animais da raça Nelore, nascidos entre os anos de 1993 a 2010, criados em rebanhos localizados nos Estados do Maranhão (MA) e Pará (PA), participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-ANCP).

Neste estudo foram avaliadas as características pesos padronizados aos 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade, pré-desmama e pós-desmame (P120, P210, P365, P450 e P550) utilizados como critérios de seleção no PMGRN (Lôbo et al., 1998). Os dados iniciais incluíram 2399 registros para o estado do Maranhão e 18192 para o estado do Pará, animais estes criados a pasto.

Utilizou-se o procedimento GLM (SAS, 2002) para se obter as análises de variância, verificando desta forma a importância de fontes de variação não genéticas sobre as características em estudo. Os efeitos fixos considerados neste estudo foram sexo e grupos de contemporâneos (GC), sendo os grupos formados por meio da concatenação (SAS, 2002 versão 9.0) de fatores não genéticos que afetam significativamente ( $p < 0,001$ ) as características em estudo como, rebanho, ano, estação de nascimento do animal (agrupadas em quadrimestres). A idade da mãe ao parto foi considerada como covariável para as características de peso aos 120 e 210 dias de idade.

Utilizou-se o modelo descrito (I) para analisar as características pré-desmame (P120 e P210), estas sendo análise unicaráter. Enquanto que para P365, P450 e P550 o modelo é descrito em (II).  $y = x\beta + Z1a + Z2m + Z3p + e$  (I) em que:  $y$  = vetor de observações (P120 e P210);  $\beta$  = vetor dos efeitos fixos (grupo de contemporâneos e ordem de parto);  $a$  = vetor do efeito genético aditivo direto;  $m$  = vetor do efeito genético aditivo maternal;  $p$  = vetor do efeito de ambiente permanente maternal;  $X$  = matriz de incidência que associa  $\beta$  com  $y$ ;  $Z1$ ,  $Z2$  e  $Z3$  = matrizes de incidência dos efeitos genéticos direto e maternal, e de ambiente permanente maternal, respectivamente;  $e$ ,  $e$  = vetor dos efeitos residuais.  $y = x\beta + Za + e$  (II) em que:  $y$  = vetor de observações (P365, P450 e P550);  $\beta$  = vetor dos efeitos fixos (grupo de contemporâneos e ordem de parto);  $a$  = vetor dos efeitos genético aditivo direto;  $X$  = matriz de incidência que associa  $\beta$  com  $y$ ;  $Z$  é a matriz de incidência dos efeitos genéticos direto;  $e$ ,  $e$  = vetor dos resíduos.

Nas análises com o modelo completo, as distribuições e matriz de (co)variâncias foram definidas como:

$$E[d] = E[m] = E[p] = E[e] = 0,$$

$$E[y|d,m,p] = X\beta + Z1d + Z2m + Z3p$$

$$Var \begin{bmatrix} d \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_d^2 & A\sigma_{dm} & 0 & 0 \\ A\sigma_{dm} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_d\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que:  $\sigma_d^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva maternal;  $\sigma_{dm}$  = covariância genética aditiva entre os efeitos direto e maternal;  $A$  = matriz de parentesco entre os animais;  $\sigma_p^2$  = variância do ambiente permanente maternal;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $I_d$ ,  $I_N$  =



matrizes identidade de ordens apropriadas, com  $d$  = número de vacas (mães dos animais com dados) e  $N$  = número total de animais com dados.

Utilizou-se o método da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas – DFREML para se obter as estimativas de (co)variâncias, utilizando-se o aplicativo MTDFREML (Boldman et al., 1995). Para avaliar as tendências genéticas e fenotípicas utilizou-se a regressão das médias anuais dos valores genéticos (aditivo e maternal) e dos pesos sobre o ano de nascimento do animal. Para tanto, utilizou-se o procedimento PROC G3D do Sistema de Análises Estatísticas SAS (versão 9.0, 2002).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média de pesos e o respectivo desvio-padrão referente às características pré-desmama (P120 e P210) no estado do Maranhão foram de  $121,63 \pm 15,34$  e  $179,30 \pm 23,17$  kg, respectivamente. Já no estado do Pará estas foram superiores, sendo o valor médio de  $128,56 \pm 15,28$  para P120 e  $187,62 \pm 21,93$ kg para a característica P210. Este fato pode ser devido a diferenças na habilidade materna das vacas nos diferentes rebanhos em estudo e a fatores ambientais como maior índice de precipitação (chuva) nestes estados, levando a uma maior disponibilidade de forragens para as vacas durante o período de amamentação dos bezerros, o que estaria influenciando significativamente na produção de leite destas vacas e consequentemente em maior peso do bezerro nas pesagens pré-desmama, no estado do Pará.

Para as características pós-desmama as estimativas de peso médio e seu desvio padrão encontrados no estado do Maranhão foram  $211,21 \pm 29,15$ ;  $240,67 \pm 32,09$  e  $282,65 \pm 38,84$  kg para os pesos P365, P450 e P550, respectivamente. Já as médias obtidas para as características pós-desmama (P365, P450 e P550 dias de idade) no estado do Pará, foram também superiores aos encontrados no estado do Maranhão, tendo os valores respectivos de  $239,79 \pm 29,95$ ;  $274,00 \pm 36,21$  e  $328,08 \pm 45,34$  kg.

Os resultados obtidos para pesos médios no estado do Pará foram superiores aos encontrados por Santos et al, (2012) em seu estudo com rebanhos pertencentes a região Norte do Brasil, sendo os valores encontrados por Santos et al, (2012) os seguintes  $177,19 \pm (29,28)$  kg para a idade aos 205 dias,  $236,68 (\pm 44,25)$  kg aos 365 dias de idade e  $306,46 (\pm 61,07)$  kg aos 550 dias.

As diferenças atribuídas, na comparação entre os estados (MA e PA), com relação aos caracteres de pré-desmama e pós-desmama pode ser devido ao fato de os animais terem sido selecionados da desmama ao sobreano e, a partir dessa idade, ter permanecido nos rebanhos somente aqueles usados como reprodutores. Outro fato relaciona-se à quantidade de rebanhos participantes ao programa de melhoramento genético e o tempo de seleção aplicada. Neste aspecto o estado do Pará apresenta maior número de rebanhos participantes e maior tempo de seleção, conforme a Tabela 1.

**Tabela 1.** Distribuição do número de animais por Estado (N), tempo de seleção/avaliação (TS), e representação do número de animais, em cada Estado, por característica avaliada (NP120, NP210, NP365, NP450 e NP550). (Dados brutos)

UF	N	TS (em anos)	NP120	NP210	NP365	NP450	NP550
MA	2.399	13	2.004	1.950	1.600	1.481	882
PA	18.192	12	16.806	16.634	15.184	12.966	5.662

NP120, NP210, NP365, NP450 e NP550 = refere-se ao número de registros de pesos aos 120, 210, 450 e 550 dias de idade, por cada Estado; N= refere-se ao número total de animais em cada Estado; TS= Tempo de seleção em anos, para cada Estado.

Foram estimados coeficientes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para os pesos pré e pós-desmama, para ambos os estados. Para a unidade federativa do MA obteve-se os valores de 0,43 para a



$h^2_a$  e 0,15 para  $h^2_m$ . Para a variância genética direta-  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$  e  $\sigma_p^2$  os valores encontrados foram 81,08; 27,91 e 187, respectivamente para P120. Para o peso aos 210 dias (P210) os valores encontrados foram 0,48 ( $h^2_a$ ), 0,13 ( $h^2_m$ ), 219,5 ( $\sigma_a^2$ ), 58,37 ( $\sigma_m^2$ ) e 457,1 ( $\sigma_p^2$ ). Os valores encontrados para os mesmos coeficientes e parâmetros genéticos citados acima referentes aos pesos pré-desmama no estado do Pará foram 0,32 ( $h^2_a$ ), 0,10 ( $h^2_m$ ), 64,12 ( $\sigma_a^2$ ), 18,88 ( $\sigma_m^2$ ) e 197,3 ( $\sigma_p^2$ ) para P120. Para P210 foram 0,32 ( $h^2_a$ ), 0,11 ( $h^2_m$ ), 132 ( $\sigma_a^2$ ), 45,79 ( $\sigma_m^2$ ) e 415,1 ( $\sigma_p^2$ ). Os valores estimados para as (co)variâncias e parâmetros genéticos foram similares aos descritos por Santos et al. (2012).

A semelhança entre os valores da herdabilidade estimada para P365, P450 e P550 (Tabela 2) implica dizer que os genes que controlam estes pesos contribuíram de forma igual para a variância fenotípica e variância direta. Assim, esses valores são decorrentes da existência de variabilidade genética no rebanho e não apenas da influência do ambiente nessas características.

**Tabela 2.** Estimativas de (Co)variâncias e Parâmetros Genéticos para as características de pós-desmama (P365, P450 e P550), segundo a unidade federativa.

UF	P365				P450				P550			
	$\sigma_a^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$h^2_a$	$\sigma_a^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$h^2_a$	$\sigma_a^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$h^2_a$
MA	327,0	628,5	301,5	0,52	308,4	674,6	366,3	0,46	325,0	442,0	117,0	0,74
PA	330,9	665,8	334,9	0,50	421,4	888,9	467,5	0,47	365,7	1116	750,0	0,33

$\sigma_a^2$  = variância genética direta;  $\sigma_p^2$  = variância fenotípica;  $\sigma_e^2$  = variância ambiental;  $h^2_a$  = herdabilidade direta.

De um modo geral as herdabilidades para as características pós-desmama analisadas (P365, P450 e P550) nas duas unidades federativas foram de alta magnitude demonstrando capacidade de seleção e alta variabilidade genética na população. Indicando que o valor fenotípico nessas características pode ser utilizado como estimador do valor genético aditivo direto. No entanto, a consequente utilização destas características como critério de seleção pode trazer aumento no ganho de peso do período correspondente.

O Estado do Pará diferiu do Maranhão com relação à característica P550, em que a estimativa foi de moderada magnitude, sugerindo assim que a seleção nesse estado é intensificada para as características P365 e P450, promovendo assim animais com baixo peso adulto.

Resultados similares foram reportados por Santos et al. (2012) analisando dados da região Norte do Brasil, que obtiveram estimativas de herdabilidades para pesos pós-desmama da ordem de 0,51 a 0,41, com média de 0,46; e Guidolin et al. (2009) no Estado do Mato Grosso do Sul, que obtiveram estimativas de 0,51, 0,51 e 0,41, com média de 0,47.

Ao se avaliar os ganhos genéticos diretos e maternos nos estados em estudo ao decorrer dos anos (13 anos e 12 anos, respectivamente), obteve-se por análise unicaracterística, valores médios (kg/ano) de 0,381; 0,078 e 0,700; 0,098 para as características P120 e P210 no estado do Maranhão (Figura 1 e 2). No estado do Pará foram obtidos ganhos genéticos direto e materno de 0,273; 0,046 e 0,392; 0,079 para as características pré-desmama (Figura 3 e 4).

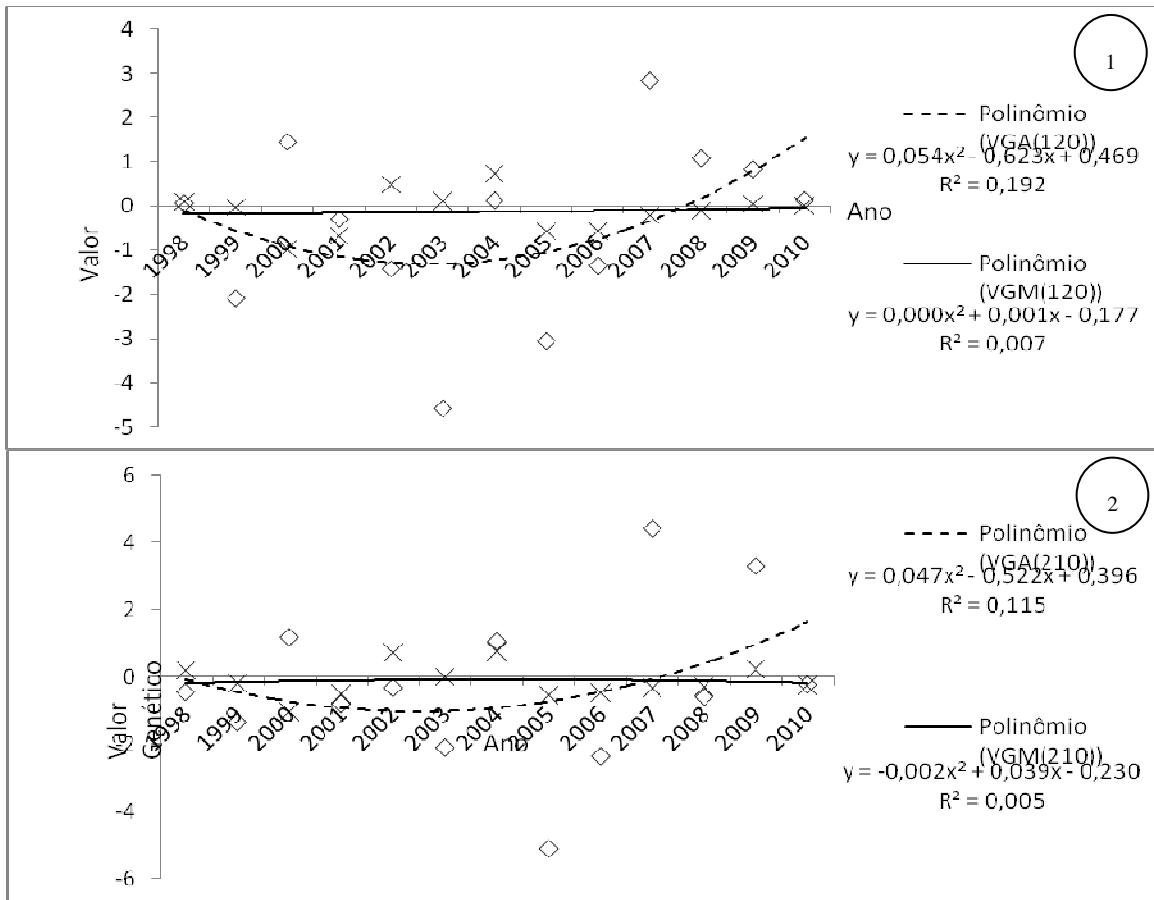
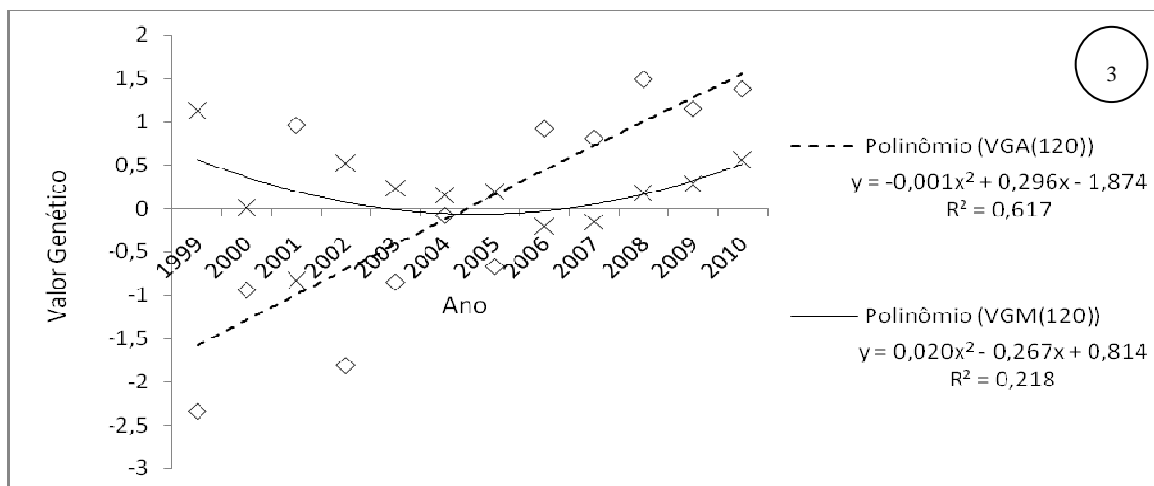
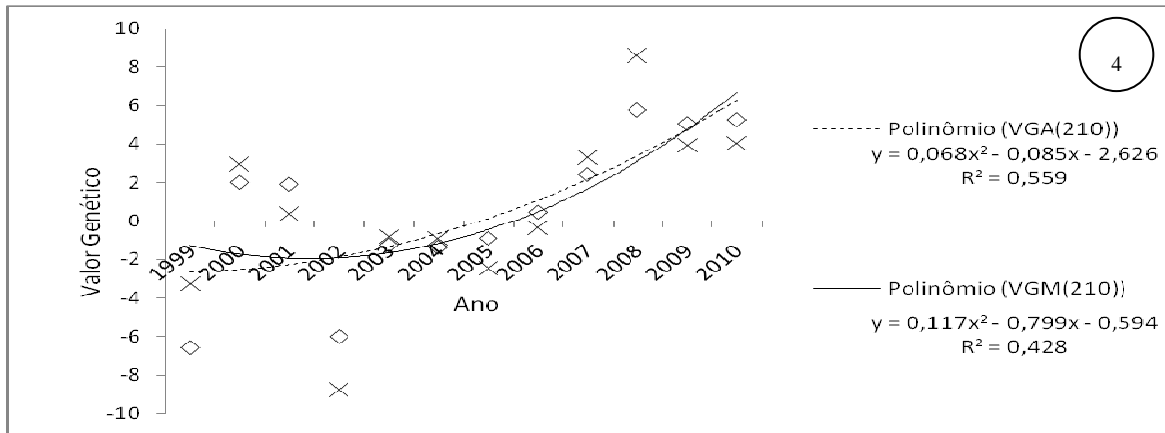


Figura 1 e 2 - Tendências genéticas para peso padronizado aos 120 dias (P120) e 210 dias (P210) em rebanhos Nelore criados no estado do Maranhão, Brasil.





Figuras 3 e 4- Tendências genéticas para peso padronizado aos 120 dias (P120) e 210 dias (P210) para rebanhos Nelore criados no estado do Pará, Brasil.

Neste estudo foram considerados os valores de 1,28 para intensidade de seleção (retenção de 50% de fêmeas e descarte de 90% de machos) e 6,5 para intervalo de geração. Os ganhos genéticos diretos para peso ajustados aos 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade foram de 0,926; 0,795 e 1,314 ( $\text{kg ano}^{-1}$ ), respectivamente no estado do Maranhão, após a simulação dos dados (Figura 5). Os resultados dos ganhos genéticos diretos encontrados para as características pós-desmama (P365, P450 e P550) foram de 0,970; 1,029 e 0,673 ( $\text{kg ano}^{-1}$ ), respectivamente para o Pará (Figura 6).

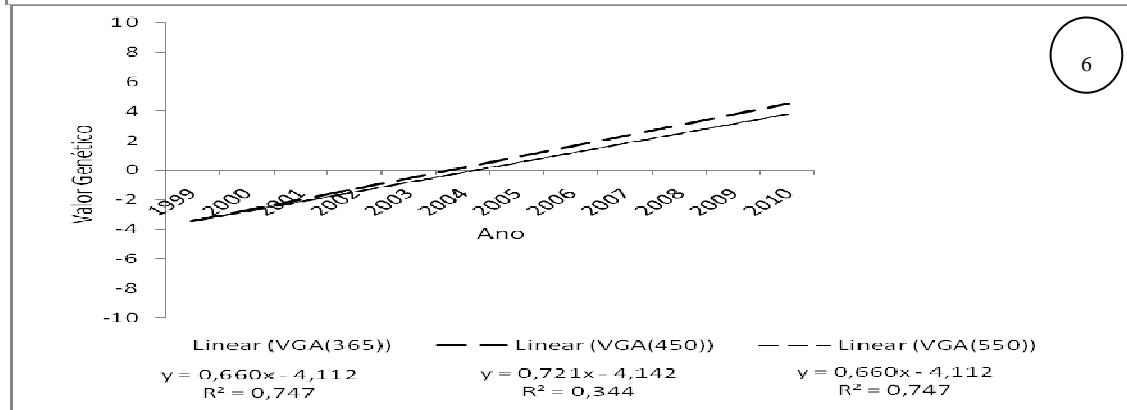
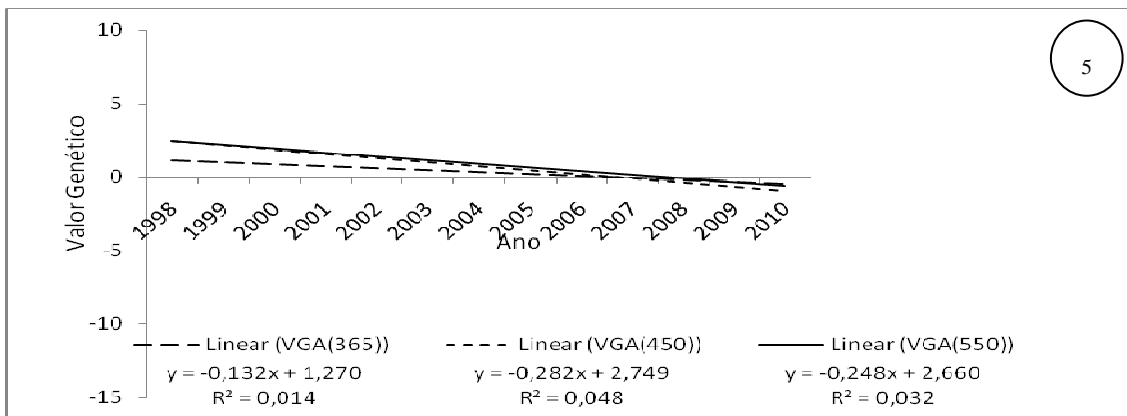


Figura 5 e 6 - Tendências genéticas para peso padronizado aos 365 dias (P365), 450 dias (P450) e 550 (P550), sendo (5) Maranhão e (6) Pará em rebanhos Nelore criados nas regiões Nordeste e Norte, Brasil.



Em termos de mudança genética anual, isso representa incrementos de 0,31% e 0,39%, nos pesos médios anuais das características pré-desmama (P120 e P210) para o estado do Maranhão. Para o estado do Pará, os ganhos obtidos em relação aos pesos médios (P120 e P210) foram 0,21% e 0,20%. Para os pesos pós-desmama (P365, P450 e P550) os ganhos genéticos obtidos, representaram ganhos percentuais de 0,43%, 0,33% e 0,46%, respectivamente, para o estado do Maranhão. Para o estado do Pará os ganhos para as mesmas características citadas acima foram 0,40%, 0,37% e 0,20%, respectivamente. Esses resultados sugerem que a seleção que vem sendo praticada no rebanho estudado está provocando mudanças positivas nas médias dos pesos dos animais.

A análise da tendência (Figura 1, 2, 3 e 4) para o efeito genético aditivo direto para pesos pré-desmama apresentaram-se crescentes e de magnitude expressiva para as características P120 e P210, indicando que a seleção para peso nas idades analisadas está sendo eficiente para melhorar geneticamente o rebanho em questão.

Assim, as oscilações apresentadas pelas tendências genéticas podem ser decorrentes das variações ao longo dos anos, em relação ao número de reprodutores utilizados, bem como da inserção de novos rebanhos no conjunto de dados. Tal proposição pode ser corroborada pela falta de utilização efetiva e constante de animais com genótipo superior.

Esses dados foram significativos e positivos, porém estão muito aquém dos valores citados por Smith (1985), que são de 1 a 3% da média da população. Todos os dados citados encontram-se abaixo dos valores indicados por este autor, indicando que os rebanhos em estudo necessitam de utilização e seleção de reprodutores, machos e fêmeas, com genótipos superiores, de forma a melhorar a eficiência produtiva dos rebanhos por meio da seleção de animais mais precoces.

Quando se analisa as tendências para cada Estado verifica-se grande variabilidade entre os rebanhos, principalmente por diferenças marcantes nas estimativas de variância genética direta. Entretanto, no estado do Maranhão, a variabilidade foi maior em virtude do baixo número de informações disponíveis e poucos rebanhos participantes, bem como pelo uso de reprodutores superiores.

Nos Estados do Pará a seleção não foi eficiente até meados de 2000, podendo-se observar que o ganho genético anual para peso à pré-desmama e pós-desmama foi mais acentuado a partir de 2001, período em que houve crescente número de rebanhos avaliados, e que conseqüentemente, pode-se observar resultados mais eficientes.

## 6. CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade apresentadas possuem magnitudes de média a moderadas, indicam a existência de variação genética aditiva capaz de para permitir ganhos genéticos por meio da seleção para as características em estudo.

Os ganhos genéticos foram pequenos, o que pode ser devido à utilização ineficiente dos critérios de seleção e a fatores ambientais nestes dois estados. Há necessidade de se levar em consideração os fatores não genéticos sobre as características produtivas, e animais superiores para que haja melhoria em futuros resultados.

## AGRADECIMENTOS

A Capes, por concessão da bolsa aos mestrandos. Ao Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-ANCP).

## REFERÊNCIAS

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D. 1995. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariances** [DRAFT]. Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service. 120p.

FERRAZ FILHO, P. B., A. A. RAMOS, L. O. C. SILVA, M. M. ALENCAR, E. BIANCHINI SOBRINHO, J. C. SOUZA. Tendência genética dos efeitos diretos e materno sobre os pesos à



desmama pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n.2, p.635-642, 2002.

GUIDOLIN, D.G.F.; BUZANSKAS, M.E.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; PAZ, C.C.P.; OLIVEIRA, J.A.; MUNARI, D.P. Associações genéticas entre características de crescimento pós-desmame em bovinos da raça Nelore no Estado do Mato Grosso do Sul. In: 46ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Maringá, PR, 2009. Disponível em: <[http://www.ancp.org.br/up\\_artigos/Associacoes%20geneticas%20entre%20caracteristicas%20de%20crescimento%20pos-desmame%20em%20bovinos%20da%20raca%20Nelore.pdf](http://www.ancp.org.br/up_artigos/Associacoes%20geneticas%20entre%20caracteristicas%20de%20crescimento%20pos-desmame%20em%20bovinos%20da%20raca%20Nelore.pdf)>

IBGE- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Pecuária Municipal**, Rio de Janeiro, v.38, p.1-65, 2010. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/ppm/2010/ppm2010.pdf>>.

LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.63, n.1, p.949-958, 2011.

LÔBO, R. N. B. Genetic parameters for reproductive traits of Zebu cows in the semiarid region of Brazil. **Livestock Production Science**, v. 55, p. 245-248, 1998.

MALHADO, C.H.M.; FILHO, R.M.; LÔBO, R.N.B.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D.M.M.R.; SOUZA, J.C.; OLIVEIRA, S.M.P. Tendências Genéticas para Características Relacionadas à Velocidade de Crescimento em Bovinos Nelore na Região Nordeste do Brasil. **Rev. Bras. Zootec.**, v.34, n.1, p.60-65, 2005.

MARCONDES, C.R.; BERGMANN, J.A.; ELER, J.P. et al. Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, n.1, p.83-89, 2000.

MELLO, S.P. **Tendência genética para pesos em um rebanho da raça Canchim**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 1999. 78p. Dissertação (Mestre em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, 1999.

SANTOS, G. C. J; LOPES, F. B.; MARQUES, E. G; SILVA, M. C; CAVALCANTE, T.V; FERREIRA, J. L. Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos nelore da região Norte do Brasil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 34, p. 97-101, 2012.

SAS INSTITUTE. **Statistical Analysis System**: user guide. Version 8. Cary, 2002.

SMITH, C. Rates of genetic change in farm livestock. **Research Development Agricultural**, v.1, n.2, p.79-85, 1985.

SOUZA, J.C. ; SILVA , L.O.C; SIMÕES , G.H.; MOSER, J.T.; OSTAPECHEN , J.; NICOLAU PINTO , P.H.; RUVIERO, V.; MALHADO, C.H. M.; FERRAZ FILHO, P. B.; FREITAS , J.A.; SERENO, J. R. B.Tendências ambientais e genéticas para características produtivas de bovinos da raça Nelore.**Asociación Latinoamericana de Producción Animal**, v.16, n. 2: p.85-90, 2008.

USDA- United States Department of Agriculture- <http://www.usdabrazil.org.br/home/about-usda-brazil.asp>; <http://www.usdabrazil.org.br/home/reports.asp>.