

Linhagem materna: qual a sua influência em características pré e pós desmama em bovinos da raça Nelore?

H P Quintino, J B S Ferraz, J P Eler, J C C Balieiro, G B Mourão*, E C Mattos e L G G Figueiredo**

Av. Duque de Caxias Norte, 225, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos FZEA/USP, Departamento de Ciências Básicas, CEP 13635-900, Pirassununga, SP, Brasil

GMAB, Departamento de Ciências Básicas, FZEA, USP, Pirassununga, SP, Brasil

** Departamento de Zootecnia, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", ESALQ, USP, Piracicaba, SP, Brasil*

*** Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Júlio de Mesquita, UNESP, Botucatu, SP, Brasil*

helioq@usp.br

Resumo

O objetivo deste estudo foi avaliar os efeitos da linhagem materna (Lc), representando a herança do DNA mitocondrial nas características pesos ao nascer (PN), aos 120 dias (P120), a desmama (PD), aos 12 meses (P12) e ao sobreano (PSOB), ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB), perímetro escrotal (PE) e temperamento (TEMP) em um rebanho da raça Nelore. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando dois modelos e as estimativas foram comparadas entre si. O primeiro modelo foi o que é utilizado atualmente nas avaliações genéticas deste rebanho, e no segundo, incluiu-se o efeito aleatório de linhagem materna.

Dentre as características analisadas, o efeito de linhagem materna foi significativo ($P < 0.05$) somente para peso ao sobreano e perímetro escrotal, sendo esse efeito responsável por 3% e 7%, respectivamente, da variância fenotípica. Para as demais características analisadas, embora não significativo, o efeito de linhagem materna foi responsável por 1% a 9% da variância fenotípica das mesmas.

Palavras chave: bovinos de corte, DNA mitocondrial, efeitos citoplasmáticos, peso à desmama

Maternal lineage: what is its influence on characteristics pre and post weaning in the Nelore cattle

Abstract

The present work had as objective to evaluate the effects of the introduction of the maternal lineage (Lc), representing the mitochondrial inheritance, in the model of genetic evaluation on birth weight (BW), weight for 120 days (W120), weaning weight (WW), weight at 12 month (W12), weight at 18 month (W18), weight gain from weaning to 18 month (WG18), scrotal perimeter (SP) and temperament (TEMP) of a Brazilian Nelore herd. Two models had been used for raise a comparison among of estimates the (co)variances components and genetic parameter, been the first equal one to currently used in the genetic evaluations of this herd, and second included the random effect of maternal lineage.

Amongst the analyzed characteristics, the maternal lineage effect was significant ($P < 0.05$) for W18 and SP only it, where

this effect was responsible for 3% and 7%, respectively, of phenotypic variance could be explained by Lc effect. For besides characteristics, however not significant, this effect was responsible for 1% and 9% of phenotypic variance.

Key words: beef cattle, cytoplasm effects, mitochondrial inheritance, weaning weight

Introdução

A constituição genética nuclear de um indivíduo envolve 50% de genes paternos e 50% de genes maternos. A maior contribuição no fenótipo de um filho é, no entanto, dada pela mãe (Fries e Albuquerque 1998), pois além da contribuição genotípica, a fêmea provê ainda as condições para a geração, sobrevivência e crescimento da prole. Isto é denominado efeito materno.

O efeito materno compreende aspectos comportamentais e genéticos. Dentre os genéticos estão os efeitos citoplasmáticos. A teoria mais aceita, descrita por Wagner (1972) e Robison (1981), sugere que os efeitos genéticos citoplasmáticos, representados pela herança do DNA mitocondrial (mtDNA), influenciam o fenótipo do indivíduo. Nos mamíferos, o mtDNA só é transmitido pela mãe via citoplasma do oócito (Brown et al 1989). Portanto, desconsiderando-se mutações ou heterogeneidade do citoplasma, o mtDNA é transmitido de geração a geração como cópia idêntica. A partir desta afirmação pode-se considerar a herança mitocondrial como linhagem materna (Lc).

O mtDNA pode produzir efeitos fenotípicos pela produção de proteínas envolvidas na atividade respiratória mitocondrial que podem incrementar funções metabólicas celulares e promoverem aumento de produção (Anderson et al 1982). Em rebanhos pequenos ou fechados, o efeito da linhagem citoplasmática pode responder por parte da variabilidade genética de uma característica produtiva.

Tess et al (1987) encontraram efeitos importantes de linhagem materna para pesos ao nascer e ao desmame em um rebanho bovino da raça Hereford. No entanto, os estudos conduzidos por Tess e Robison (1990) e por Tess e MacNeil (1994) não encontraram nenhuma relação considerável entre os efeitos citoplasmáticos e as características avaliadas. Estudando um rebanho Simental, Raaber e Essl (1996) mencionaram uma relação importante entre a linhagem materna e a porcentagem de carne magra e cortes nobres na carcaça e a profundidade torácica. Dodenhoff et al (1998) num rebanho bovino da raça Hereford, também relataram efeitos significativos de Lc sobre o peso à desmama. No Brasil, Barbosa et al (1994) encontraram a influência do mtDNA sobre os pesos ao nascer e à desmama de animais da raça Charolesa. Em contrapartida, Alencar et al (1998) relataram que os efeitos de Lc não afetaram nenhuma característica de um rebanho Canchim.

Outro enfoque é dado à linhagem citoplasmática quando a mesma é traçada a partir de dados de análise molecular, como abordado por Gunski et al (2001) em animais da raça Nelore. Esses autores, através da genotipagem do DNA mitocondrial separaram os animais avaliados em duas linhas materna, taurus e indicus, e não encontram diferenças entre os seus desempenhos.

O objetivo do presente estudo foi avaliar os efeitos de linhagem materna em características pré e pós desmame de um rebanho Nelore, raça que tem sua formação baseada no cruzamento absorvente de touros Nelores importados da Índia com vacas nativas originárias da Península Ibérica.

Material e métodos

Os dados utilizados são provenientes da Fazenda Mundo Novo, atualmente localizada no município de Uberaba (MG), no entanto, em sua maioria foram coletados no município de Brotas, SP, localidade da Fazenda Mundo Novo até o ano de 2000. Todas as informações utilizadas são de animais manejados exclusivamente em pastagens, com predominância de gramíneas do gênero *Brachiaria sp* (Eler et al 2004).

O banco de dados continha os registros de produção para características de pesos e com a identificação da linhagem materna de 24,498 animais, nascidos de 1968 até 2004. A identificação da linhagem materna foi obtida utilizando-se o programa LinMat (Mourão et al 2006), que consiste em identificar a fêmea ancestral mais remota pela via materna, ou seja, até a última fêmea ancestral conhecida no pedigree, considerando-a, portanto uma fundadora e daí em diante denominada de linhagem materna.

Foram avaliadas as características pesos ao nascer (PN), aos 120 dias (P120), à desmama (PD), aos 12 meses (P12) e ao sobreano (PSOB), ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB), perímetro escrotal (PE) e escore de temperamento (TEMP), conforme descrito na tabela 1.

Tabela 1. Número de observações (N), média, desvio padrão (DP), mínimo e máximo e número de linhagens maternas (NL_c) das características avaliadas no estudo dos efeitos de linhagem materna no rebanho Nelore Lemgruber.

Caraterística	N	Média	DP	Mínimo	Máximo	NL _c
PN, kg	10,788	30.6	3.09	23	39	573
P120, kg	8,232	125	22.0	65	185	558
Idade 120, dias	8,232	122	17.2	90	150	-
PD, kg	18,377	175	31.7	86	262	775
Idade D, dias	18,377	225	41.8	120	330	-
P12, kg	10,890	218	37.0	112	327	762
Idade 12, dias	10,890	385	26.7	330	450	-
PSOB, kg	11,771	291	44.0	166	417	766
Idade SOB, dias	11,771	548	40.5	464	632	-
GPSOB, kg	11,771	111	36.96	-14	286	766
PE, cm	4,159	24.4	3.10	15,3	33,6	607
Idade PE, dias	4,159	565	47.2	472	656	-
TEMP, escore	12,876	3.4	1.14	1	5	774
Idade TEMP, dias	12,876	562	47.3	472	656	-

PN = peso ao nascer; P120 = peso aos 120 dias; Idade 120 = idade na pesagem aos 120 dias; PD = peso à desmama; Idade D = idade à desmama; P12 = peso aos 12 meses; Idade 12 = idade na pesagem aos 12 meses; PSOB = peso aos sobreano; Idade SOB = idade na pesagem ao sobreano; GPSOB = ganho de peso da desmama ao sobreano; PE = perímetro escrotal aos 18 meses de idade; Idade PE = idade na mensuração do perímetro escrotal; TEMP = temperamento aos 18 meses; Idade TEMP = idade na mensuração do temperamento.

Com o intuito de apresentar estimativas de (co)variâncias e de parâmetros genéticos para as características descritas acima, incluindo-se ou não o efeito de Lc, foram realizadas análises unicaracterísticas sob dois modelos mistos, a saber: *modelo reduzido*, que incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo (GC) e idade, além dos efeitos genéticos aditivos direto e materno e efeito de ambiente permanente; e *modelo completo*, que incluiu os efeitos fixos de GC e idade, os efeitos genéticos aditivos direto e materno além dos efeitos de Lc e de ambiente permanente, como aleatórios não correlacionados. Para as características medidas ao sobreano, PSOB, GPSOB, PE e TEMP, o efeito genético aditivo materno e o efeito de ambiente permanente foram excluídos em ambos os modelos.

Em termos matriciais, o modelo completo, pode ser descrito por:

$$y = X\beta + Zg + Mm + DLc + Wpe + e$$

em que:

y = vetor de observações;

β = vetor dos efeitos fixos (GC e idade);

g = vetor do efeito genético aditivo direto;

m = vetor do efeito genético aditivo materno;

Lc = vetor do efeito genético de linhagem materna;

pe = vetor do efeito de ambiente permanente;

e = vetor dos efeitos residuais;

X, Z, M, D, W = matrizes de incidência associando os efeitos apropriados a y .

As estimativas dos componentes de (co)variâncias e dos parâmetros genéticos foram obtidos por máxima verossimilhança restrita livre de derivada utilizando-se o *software multiple trait derivative-free restricted maximum likelihood* (MTDFREML), descrito por Boldman et al (1995).

O teste de razão de verossimilhança foi utilizado para comparar os modelos e avaliar a importância do efeito da inclusão da linhagem materna. O teste se baseia em comparar a diferença entre os valores de verossimilhança dos modelos completo e reduzido (Rao 1973).

Resultados e discussão

Foram encontradas 1,825 linhagens maternas no arquivo de pedigree. Não se observaram diferenças ($P > 0.05$) para os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, entre os modelos para as características PN, P120, PD e P12 (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas de componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para peso ao nascer (PN), peso aos 120d (P120), peso a desmama (PD), peso aos 12 meses (P12), peso ao sobreano (PSOB), ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB), perímetro escrotal (PE) e temperamento (TEMP)

	PN	P120	PD	P12	PSOB	GPSOB	PE	TEMP
<i>Modelo Reduzido</i>								
σ^2_g, kg^2	2.02	68.6	247	167	273	80.4	2.71	0.15
σ^2_m, kg^2	0.24	30.5	63.4	23.0	-	-	-	-
σ_{gm}, kg	-0.19	-19.1	-74.4	-29.5	-	-	-	-
$\sigma^2_{pe}, \text{kg}^2$	0.48	30.9	63.4	26.8	-	-	-	-
σ^2_e, kg^2	6.65	172	305	295	492	490	2.80	0.93
σ^2_p, kg^2	9.21	283	605	482	764	570	5.51	1.08
h^2	0.22	0.24	0.41	0.35	0.36	0.14	0.49	0.14
h^2_m	0.03	0.11	0.10	0.05	-	-	-	-
r_{gm}	-0.27	-0.42	-0.59	-0.48	-	-	-	-
c^2	0.05	0.11	0.11	0.05	-	-	-	-
e^2	0.72	0.61	0.50	0.61	0.64	0.86	0.51	0.86
<i>Modelo Completo</i>								
σ^2_g, kg^2	2.02	68.6	247	167	248	71.38	2.11	0.14
σ^2_m, kg^2	0.24	30.5	63.5	23.0	-	-	-	-
σ_{gm}, kg	-0.19	-19.1	-74.4	-29.5	-	-	-	-
$\sigma^2_{pe}, \text{kg}^2$	0.00	14.7	0.007	13.1	-	-	-	-
$\sigma^2_{Lc}, \text{kg}^2$	0.48	16.26	63.4	13.7	22.6	9.90	0.36	0.015
σ^2_e, kg^2	6.65	172	305	295	488	487	2.90	0.925

σ^2_p, kg^2	9.21	283	605	482	758	568	5.36	1.08
h^2	0.22	0.24	0.41	0.35	0.33	0.13	0.39	0.13
h^2_m	0.03	0.11	0.10	0.05	-	-	-	-
r_{gm}	-0.27	-0.42	-0.59	-0.48	-	-	-	-
L_C^2	0.05	0.06	0.10	0.03	0.03	0.02	0.07	0.01
c^2	0.00	0.05	0.00	0.02	-	-	-	-
e^2	0.72	0.61	0.50	0.61	0.64	0.86	0.54	0.86

σ^2_g = variância genética aditiva direta; σ^2_m = variância genética aditiva materna; σ_{gm} = covariância entre efeitos genéticos aditivos direto e materno; σ^2_{pe} = variância de ambiente permanente; σ^2_{Lc} = variância de linhagem materna; σ_{peLc} = covariância entre ambiente permanente e linhagem materna; σ^2_e = variância residual; σ^2_p = variância fenotípica; h^2 = herdabilidade direta; h^2_m = herdabilidade materna; r_{gm} = correlação genética entre efeitos direto e materno; L_C^2 = fração da variância devida aos efeitos de linhagem materna; c^2 = fração da variância devida aos efeitos de ambiente permanente; e^2 = fração da variância devida à variância residual.

Para as características PSOB, GPSOB, PE e TEMP nota-se que as variâncias para os efeitos genéticos aditivos diretos foram menores quando da inclusão do efeito de linhagem materna. O mesmo foi observado por Boettcher et al (1996) que concluíram em seu trabalho que a exclusão do efeito de linhagem materna promove uma superestimação dos efeitos genéticos aditivos diretos.

Da mesma forma, nota-se que as maiores diferenças para os parâmetros genéticos foram para as características PSOB e PE. As estimativas de herdabilidade dessas características foram menores com a inclusão do efeito de Lc no modelo. No entanto, os valores dos parâmetros genéticos estimados foram próximos dos valores descritos por vários autores para a raça Nelore, como no trabalho de Lôbo et al (2000) e no Eler et al (2004).

Os resultados obtidos indicam que a porção da variação devida aos efeitos citoplasmáticos variou de 1% a 9% entre as características avaliadas. Estes resultados são maiores que os obtidos para bovinos de corte em outros estudos para as características PN, P120, PD e P12.

Para as características mensuradas ao sobreano, não foi encontrado nenhum estudo relacionado, uma vez que não é usual a estimação dos efeitos maternos e relacionados nesta idade. Na Tabela 3, pode-se observar a variação entre as linhas maternas para cada característica avaliada expressa em unidade da mesma. Nota-se que algumas amplitudes entre as linhas indicam que o efeito de Lc pode trazer um incremento no rebanho quando usada como ferramenta de seleção.

Tabela 3. Valores genéticos mínimos, máximos e amplitude produzidos pela diferença entre as linhagens maternas do rebanho Nelore Lemgruber para as características avaliadas no estudo

Característica	Mínimo	Máximo	Amplitude
PN, kg	-1.00	0.86	1.86
P120, kg	-5.50	4.50	10.0
PD, kg	-11.8	10.8	22.5
P12, kg	-2.60	5.00	7.60
PSOB, kg	-3.70	4.55	8.25
GPSOB, kg	-2.50	3.00	5.50
PE, cm	-0.60	0.60	1.20
TEMP, escore	-0.12	0.09	0.21

Para PN observa-se que toda a variação devida à ambiente permanente no modelo reduzido era de 0,48. Com a inclusão do efeito de linhagem materna (modelo completo) variação do efeito de ambiente permanente materno torna-se nula e o valor que lhe era atribuído no modelo reduzido, passa representar a variação devida a L_c . Nesse caso pode ter havido um confundimento entre os efeitos de ambiente permanente da vaca, ou seja, de aspecto comportamental (gestação, cuidados da mãe com a prole, imunização via colostro), com os efeitos genéticos citoplasmáticos. O valor encontrado para efeito de linhagem materna no PN igual a 5% é maior aos relatados na literatura para bovinos de corte: 2% (Tess et al 1987); 0.04% (Tess e MacNeil 1994) e 1.3% (Alencar et al 1998).

Para a característica P120, observa-se que do modelo completo para o modelo reduzido há uma adição dos componentes associados ao ambiente permanente materno e à linhagem materna. O efeito de L_c representou 5% da variância fenotípica. No entanto, para a característica PD observa-se uma migração da variação do efeito de L_c para o componente associado ao ambiente permanente materno, não ocorrendo alteração no efeito genético aditivo direto, estimado pelos modelos. Diferentemente do que concluíram Albuquerque et al (1998), com estudo em vacas leiteiras, para os quais o modelo que não incluiu o efeito citoplasmático proporcionou aumento do efeito aditivo direto da ordem de 2%.

A influência da L_c sobre o peso à desmama foi maior do que havia sido relatado pela literatura, pois Tess et al (1987) obtiveram 1.5%, Alencar et al (1998) 0.05%, enquanto que neste estudo foi de 9%. Embora a inclusão do efeito de L_c no modelo de avaliação genética não tenha sido significativa ($P < 0.05$) para essa característica, a amplitude da diferença produzida entre as linhagens maternas chega a 22 kg. Fato que representa o ganho de quase uma arroba e meia em peso a desmama de um bezerro ao se utilizar matrizes pertencentes a L_c favorável para essa característica.

Para a característica P12, observa-se que do modelo completo para o modelo reduzido, com exceção do ambiente permanente, os demais parâmetros se mantiveram inalterados. A variação devida ao ambiente permanente observada no modelo reduzido foi dividida entre ambiente permanente e linhagem materna em partes iguais. No trabalho de Alencar et al (1998) a contribuição da L_c para peso aos 12 meses não existiu, diferentemente dos 3% observados neste estudo.

Para PSOB e GPSOB, a contribuição do efeito de linhagem materna foi de 3% e 2%, respectivamente. Para essas características, assim como para todas as outras mensuradas próximas aos 18 meses de idade, não foi encontrado nenhum trabalho na literatura correspondente. Os trabalhos publicados não avaliaram a inclusão dos efeitos maternos de qualquer natureza para as características após um ano de idade.

Tal fato contribui para a investigação da persistência de efeito materno após a desmama até ao sobreano no rebanho Nelore estudado.

A inclusão do efeito de L_c no modelo de avaliação foi significativa ($P < 0.05$) para PSOB, confirmando a existência de algum efeito materno mesmo após à desmama nesse rebanho.

Para PE, a diminuição do efeito aditivo direto do modelo reduzido (0.49) para o modelo completo (0.39) foi distribuída em 0.07 para a porção da variação devida a L_c e 0.03 para o efeito residual. Também para essa característica, a inclusão do efeito de linhagem materna no modelo foi significativa ($P < 0.05$).

Diferentemente do encontrado na literatura, esse estudo mostra a existência de efeito materno em uma característica que normalmente não contempla esse tipo de efeito em avaliações genéticas.

Embora essa inclusão tenha sido significativa para PSOB e PE, quando se observa o gráfico de tendência genética comparando os dois modelos estudados (Figura 1 e 2, respectivamente) para essa característica

nota-se que os betas obtidos pela equação de regressão dos modelos completo e reduzido não diferem entre os modelos sem ou com a inclusão do efeito de Lc.

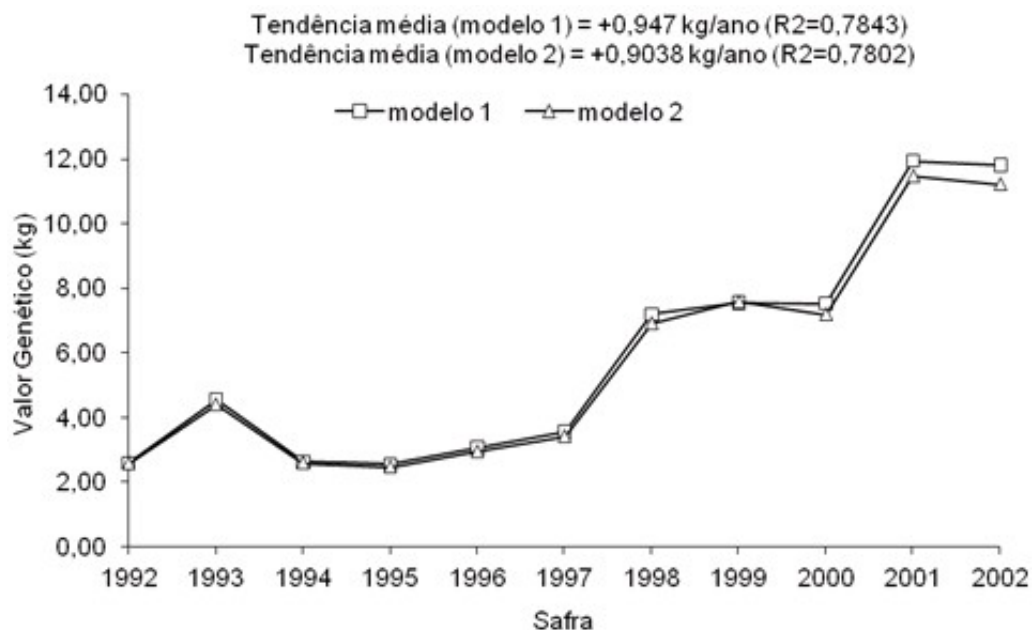


Figura 1. Tendência genética para peso ao sobreano (PSOB) no período de 1992 a 2002

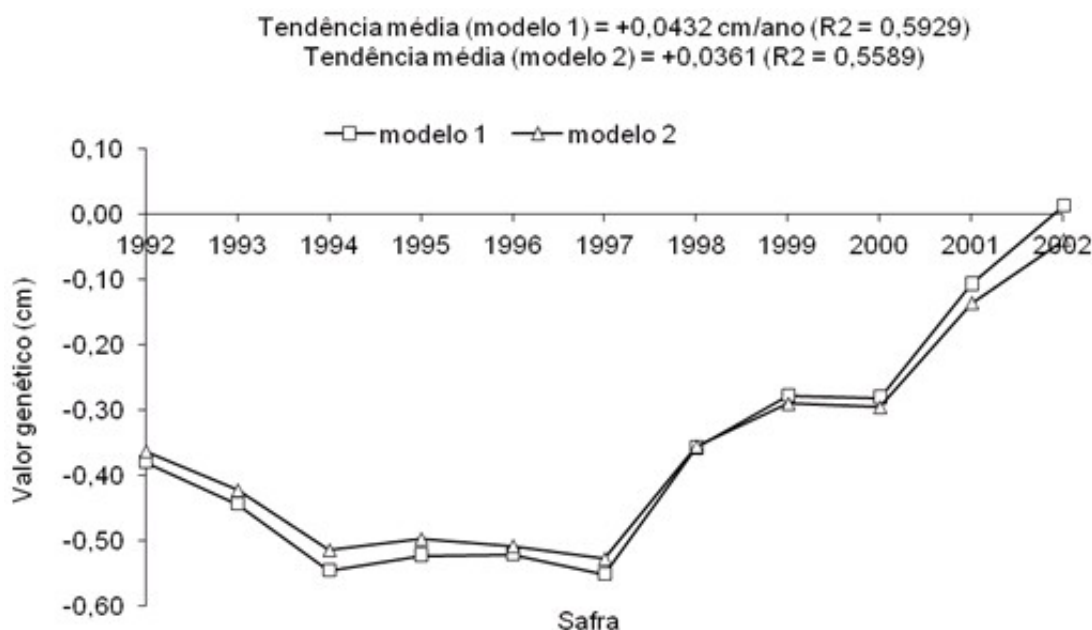


Figura 2. Tendência genética para perímetro escrotal (PE) no período de 1992 a 2002

Também para a característica TEMP, a inclusão do efeito materno no modelo, levou a uma pequena diminuição da porção da variância devida aos efeitos aditivos diretos. A contribuição da Lc foi de 1%.

É importante relatar que o rebanho analisado é apresenta características de um rebanho quase fechado, que mantém uma linhagem da raça Nelore, chamada Lemgruber, que foi selecionado para habilidade materna e temperamento, ambos com forte influência no peso ao desmame. Tal rebanho teve pouca influência de famosos genearcas da raça Nelore importados da Índia até 1962. No rebanho estudado média do coeficiente de endogamia foi 4,58%, com 16.198 animais endogâmicos, de 27.476 animais na matriz de parentesco, com coeficiente máximo de endogamia de 33%.. Isso pode ser uma das causas da elevada

magnitude do efeito de L_c .

O resultado do teste de razão de verossimilhança (Tabela 4) é indicativo de que o modelo completo, o qual possui o efeito de L_c , é melhor que o reduzido ($P < 0.05$) para as características PSOB e PE.

Tabela 4. Teste de razão de verossimilhança (LR) entre os modelos completo e reduzido avaliados para as características: peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias (P120), peso a desmama (PD), peso aos 12 meses (P12), peso ao sobreano (PSOB), ganho de peso da desmama ao sobreano (GPSOB), perímetro escrotal (PE) e escore de temperamento (TEMP).

Característica	-2log _e L		LR	P < χ^2
	Modelo Reduzido	Modelo Completo		
PN	33,997.93	33,997.93	0.00	1.0000
P120	57,738.61	57,738.61	0.00	1.0000
PD	131,487.06	131,487.06	0.00	1.0000
P12	74,435.06	74,435.06	0.00	1.0000
PSOB	86,282.18	86,269.96	12.22	0.0005
GPSOB	83,891.83	83,888.01	3.82	0.0506
PE	10,494.59	10,488.05	6.54	0.0105
TEMP	14,256.98	14,253.79	3.19	0.0741

Conclusão

- A inclusão da L_c como efeito aleatório no modelo de avaliação genética foi significativa, para a característica peso ao sobreano e perímetro escrotal, para as quais 3% e 7%, respectivamente, da variância fenotípica podem ser explicados pelo efeito de linhagem materna. Apesar de não ter sido significativo para as demais características avaliadas, a linhagem materna, quando adicionada ao modelo de avaliação genética do rebanho Nelore analisado neste trabalho, explica de 1% a 9% da variância fenotípica.
- Para a característica peso a desmama, a amplitude entre a diferença entre as linhas maternas de 22 kg pode representar ganhos de quase uma arroba e meia, para o produtor que se atentar para a utilização de fêmeas de uma linha materna que produza bezerros mais pesados a desmama, se esse for o objetivo de seleção.
- Mais estudos são necessários para avaliar economicamente a inclusão desse efeito no modelo de avaliação genética de reprodutores.

Agradecimentos

A CAPES e aos proprietários da Fazenda Mundo Novo.

Referências bibliográficas

Albuquerque L G, Keown J F and Van Vleck L D 1998 Variances of direct genetic effects, maternal genetic effects and

cytoplasmic inheritance effects for milk yield, fat yield and fat percentage. Journal of Dairy Science 81(2): 544 – 549
<http://jds.fass.org/cgi/reprint/81/2/544>

Alencar MM, Trematore R L, Barbosa P F e Freitas A R 1998 Estudo da influência da linhagem citoplasmática sobre peso em bovinos da raça Canchim. Revista Brasileira de Zootecnia 27(2): 272 – 276
<http://www.repdigital.cnptia.embrapa.br/bitstream/CPPSE/11825/1/PROCI%28MMA1997.00006%29.pdf>

Anderson S, DeBruijn M H L, Coulson A R, Eperon I C, Sanger F and Yong I G 1982 Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved features of the mammalian mitochondrial genome. Journal of Molecular Biology 156(4): 683 – 717

Barbosa P F, Alencar MM, Mazutti, A e Mourão G B 1994 Herança citoplasmática de pesos ao nascimento e a desmama em bovinos da raça Charolais. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 31, Maringá, PR. Resumos... Maringá: SBZ 1994, p. 164

Boettcher P J, Steverink D W B, Beitz D C, Freeman A E and McDaniel B T 1996 Multiple herd evaluation of the effects of maternal lineage on yield traits of Holstein cattle. Journal of Dairy Science 79(4): 655 – 662
<http://jds.fass.org/cgi/reprint/79/4/655>

Boldman K G, Kriese L A and Van Vleck L D 1995 A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAF]. USDA, ARS, Lincoln, NE

Brown D R, Koehler C M, Lindeberg G L, Freeman A E, Mayfield J E, Myers A M, Schutz M M and Beitz D C 1989 Molecular analysis of cytoplasmic genetic variation in Holstein cows. Journal of Animal Science 67(8): 1926 – 1932
<http://jas.fass.org/cgi/reprint/67/8/1926>

Dodenhoff J, Van Vleck L D, Kachman S D and Koch R M 1998 Parameter estimates for direct, maternal and grandmaternal genetic effects for birth weight and weaning weight in Hereford cattle. Journal of Animal Science 76(10): 2521 – 2527 <http://jas.fass.org/cgi/reprint/76/10/2521>

Eler J P, Ferraz J B S, Mattos E C e Figueiredo L G G 2004 Sumário de Touros Nelore Lemgruber 2004. Pirassununga: FZEA/USP, Grupo de Melhoramento Animal 2004. 26 p

Fries L A e Albuquerque L G 1998 Pressuposições e restrições dos modelos animais com efeitos maternos em gado de corte. In: Paranhos da Costa, M.J.R. e Cramberg, V.U. (Ed.) Comportamento materno em mamíferos (Bases teóricas e aplicações aos ruminantes domésticos). Botucatu: SBEt 1998. p.179 – 214

Gunski R J, Meirelles F V, Bezerra L A F e Lôbo R B 2001. Efeito do DNA mitocondrial sobre características de crescimento pré-desmama na raça Nelore. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 38, Piracicaba, SP. Anais... Piracicaba: SBZ 2001. p. 23-26

Lôbo R N B, Madalena F E and Vieira A R 2000 Average estimates of genetic parameter for beef and dairy cattle in tropical regions. Animal Breeding Abstracts 68(6): 433 – 462

Mourão G B, Figueiredo L G G, Mattos E C, Ferraz J B S, Eler J P, Balieiro J C C and Balieiro C C 2006. LinMat – A maternal and cytoplasmic line identification software. In: World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, 8, Belo Horizonte, MG. Anais... Belo Horizonte: SBMA 2006. CD-ROM

Raaber S and Essl A 1996 Estimation of cytoplasmic effects for dairy, beef and reproduction traits in an experimental cattle herd. Zuchtungskunde 68(3): 178 -192

Rao C R 1973 Linear statistical inference and its applications. 2nd edition. New York: J. Wiley and Sons. p. 417 – 420

Robison O W 1981 The influence of maternal effects on the efficiency of selection: A review. Livestock Production Science 8(2): 121 – 137

Tess M W and MacNeil M D 1994 Evaluation of cytoplasmic genetics effects in miles city line 1 Hereford cattle. Journal of Animal Science 72(4): 851 – 856 <http://jas.fass.org/cgi/reprint/72/4/851>

Tess M W, Reodecha C and Robison O W 1987 Cytoplasmic genetic effects on preweaning growth and milk yield in Hereford cattle. Journal of Animal Science 65(3): 675 – 684 <http://jas.fass.org/cgi/reprint/65/3/675>

Tess M W and Robison O W 1990 Evaluation of cytoplasmic genetic effects in beef cattle using na animal model. Journal of Animal Science 65(7): 1899 – 1909 <http://jas.fass.org/cgi/reprint/68/7/1899>

Wagner R P 1972 The role of maternal effects in animal breeding: II. Mitochondria and animal inheritance. Journal of Animal Science 35(6): 1288 – 1293 <http://jas.fass.org/cgi/reprint/35/6/1288>

Received 15 January 2009; Accepted 10 September 2009; Published 1 October 2009

[Go to top](#)