

# TENDÊNCIA GENÉTICA EM PESOS E GANHOS EM PESO DE BOVINOS DA RAÇA GUZERÁ<sup>1</sup>

JOÃO ADEMIR DE OLIVEIRA<sup>2</sup>, RAYSILDO BARBOSA LÔBO<sup>3</sup>  
e HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA<sup>4</sup>

**RESUMO** - Objetivou-se, neste estudo, estimar as tendências fenotípicas e genéticas observadas nos pesos ao nascer (PN), aos oito (P8) e aos 12 meses (P12) de idade e nos ganhos diários de peso do nascimento aos oito (G8) e aos 12 (G12) meses, em uma amostra de 842 animais Guzerá nascidos na Fazenda de Ensino e Pesquisa do Campus de Ilha Solteira, UNESP, no período de 1979 a 1984. As mudanças genéticas foram estimadas por três procedimentos alternativos, dois deles baseados no método do uso repetido de touros em anos sucessivos, e o terceiro procedimento nas diferenças entre os valores genéticos médios anuais de touros. As mudanças fenotípicas anuais foram de -0,232 kg, -8,278 kg, -0,033 kg, -8,498 kg e -0,023 kg, respectivamente para PN, P8, G8, P12 e G12. As estimativas das tendências genéticas anuais obtidas pelos três procedimentos diferiram entre si, mas indicaram que as mudanças genéticas em todas as características estudadas foram de pequena magnitude.

**Termos para indexação:** tendência fenotípica, peso ao nascer, peso à desmama, peso aos 365 dias, gado de corte.

## GENETIC TRENDS IN WEIGHTS AND WEIGHT GAINS OF "GUZERÁ" CATTLE

**ABSTRACT** - The main objective of this study was to estimate genetic and phenotypic trends in weights at birth (BW), 8 (W8) and 12 months (W12) of age; and also in the daily gains from birth to 8 months (G8) and from birth to 12 months (G12) for the "Guzerá" cattle herd from the "Fazenda de Ensino e Pesquisa do Campus de Ilha Solteira", UNESP, at Selvíria, MS, in the Central-West region of Brazil. The data were collected between 1979 and 1984 from 842 calves, sired by 22 sires. Genetic trends were estimated by three alternative procedures, two of them were based on the methodology of repeated use of sires and the other procedure on the differences in the average genetic values of sires in the different years. The phenotypic annual changes estimated were -0.232 kg, -8.278 kg, -0.033 kg, -8.498 kg e -0.023 kg, for BW, W8, G8, W12 and G12, respectively. The estimates of genetic trends, obtained by the three procedures were different, but showed that genetic changes for all analysed traits were little.

**Index terms:** beef cattle, phenotypic trends, birth weight, weaning weight, yearling weight.

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 13 de setembro de 1995.

<sup>2</sup> Biólogo, Dr., Dep. de Ciências Exatas da FCAVJ-UNESP, Jaboticabal, SP.

<sup>3</sup> Méd. Vet., Dr., Dep. de Genét. da FMRP-USP, Ribeirão Preto, SP.

<sup>4</sup> Méd. Vet., Dr., Dep. de Melhoramento e Nutr. Anim. da FMVZ-UNESP, Caixa Postal 560, CEP 18618-000 Rubião Júnior, Botucatu, SP.

## INTRODUÇÃO

Em um rebanho sob seleção, deve-se verificar se a escolha dos animais para a reprodução foi conduzida de forma compatível com os objetivos estabelecidos. A análise da variação de uma determinada característica, em anos sucessivos, não permite indicar a causa ou causas responsáveis pela mudança na mesma. A mudança observada pode refle-

tir tanto uma variação nas condições do ambiente como no mérito genético ou em ambos. A mudança devida ao ambiente pode decorrer de alterações climáticas, na alimentação, no manejo ou nas condições sanitárias, enquanto a genética pode ser resultado da seleção de reprodutores no rebanho. Portanto, para se quantificar quanto desta variação tem origem genética, faz-se necessário que a mudança fenotípica seja decomposta nos seus componentes genético e de ambiente. Atualmente, são apresentados na literatura vários métodos para se estimar a tendência genética em populações de animais domésticos. Considerações sobre estes métodos são apresentadas por Syrstad (1974), Packer (1977), Schaeffer et al. (1981), Sharma et al. (1985) e Pimenta Filho & Lôbo (1990).

O objetivo do presente estudo foi estimar, por três procedimentos alternativos, as tendências genéticas observadas nos pesos ao nascer, aos oito e aos doze meses de idade, e nos ganhos de peso diários do nascimento até estas idades, de bovinos da raça Guzerá.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de um rebanho Guzerá, criado na Fazenda de Ensino e Pesquisa do Campus de Ilha Solteira, da UNESP, localizada em Selvíria, MS. Na propriedade, os animais são manejados em regime de pasto formado predominantemente por capim de gênero *Brachiaria*, sendo que o clima local é característico das zonas de cerrado, isto é, tropical de inverno seco. As informações utilizadas no estudo referem-se a 842 bezerros, filhos de 22 touros nascidos no período de 1979 a 1984. Todos os bezerros foram utilizados na análise do peso ao nascimento; entretanto, para o peso aos oito meses (P8) e ganho de peso médio diário do nascimento até os oito meses (G8), foi utilizada uma amostra de 784 bezerros, filhos de 21 touros, e para o peso aos doze meses (P12) e ganho de peso médio diário do nascimento aos doze meses (G12), 672 bezerros, filhos de 19 touros. A seleção dos machos que entram em reprodução no rebanho é baseada na produção de leite de suas mães, desenvolvimento ponderal e características raciais.

A mudança fenotípica média anual nas características estudadas foi estimada através do coeficiente de regressão linear das médias anuais obtidas por solução pelo método dos quadrados mínimos de um modelo matemático (modelo I) que incluiu os efeitos de sexo ( $s$ ), estação

( $e$ ) e ano ( $a$ ) de nascimento dos bezerros, ordenha da vaca (sim ou não), idade da vaca ao parto (classes) e as interações  $s \times e$ ,  $s \times a$  e  $e \times a$ , sobre o ano de nascimento dos bezerros.

As mudanças genéticas foram obtidas com dois métodos: o do uso repetido de touros em anos sucessivos (Smith, 1962), e o das diferenças entre os valores genéticos médios anuais de touros. No primeiro método, foram utilizados dois procedimentos. No primeiro (procedimento I), a mudança genética foi estimada a partir dos coeficientes de regressão linear das estimativas das constantes do efeito de ano de nascimento dos bezerros sobre os anos, obtido pelo modelo I, que foi o utilizado para estimar a mudança fenotípica, e de outro modelo (modelo II), que incluiu os efeitos do modelo I mais o efeito aleatório de touro. Os coeficientes de regressão linear estimados respectivamente pelos modelos I ( $\hat{b}_1$ ) e II ( $\hat{b}_2$ ), têm, segundo Packer (1977), os seguintes valores esperados:

$$E [\hat{b}_1] = g + a = f \dots\dots\dots I$$

$$E [\hat{b}_2] = \frac{1}{2} g + a, \dots\dots\dots II$$

onde  $f$  representa a mudança fenotípica anual,  $g$  a mudança genética anual e  $a$ , a mudança anual devida ao efeito do ambiente. Portanto, a regressão obtida pelo modelo I estima a mudança fenotípica anual, e a estimada pelo modelo II está corrigida para o efeito de touro, e portanto elimina a metade da mudança genética que é devida a touro. Assim, a diferença  $\hat{b}_1 - \hat{b}_2$  estima metade da mudança genética anual. Logo,  $\hat{g} = 2(\hat{b}_1 - \hat{b}_2)$  é um estimador de  $g$ .

No segundo procedimento (procedimento 2), utilizando-se ainda o método do uso repetido de reprodutores, a mudança genética é estimada a partir da regressão, dentro de touro, da produção da progênie, medida como razão da média dos contemporâneos sobre o tempo. Segundo Zollinger & Nielsen (1984), o coeficiente de regressão obtido desta forma tem a mesma esperança matemática da regressão dos desvios da média da progênie em relação à média da população ( $p - \bar{p}$ ) no ano de nascimento do bezerro ( $A$ ), dentro de touro ( $b_{(p-\bar{p}),A}(\text{touro})$ ), proposta por Smith (1962). A esperança matemática de ambas as regressões é igual a menos metade da mudança genética associada a

$$\text{touros } \left(-\frac{1}{2}g\right).$$

Assim, tanto os pesos quanto os ganhos de pesos ajustados para idade da vaca ao parto, por meio de fatores aditivos de correção estimados a partir do modelo I, foram expressos como uma razão em relação às médias dos grupos contemporâneos de animais do mesmo sexo, nascidos na mesma estação e ano. Este procedimento tem a

propriedade de eliminar diferenças não genéticas devidas a estes fatores, entre os indivíduos. Em seguida, foram calculadas regressões lineares das razões ( $R$ ) nos anos de nascimento dos bezerros ( $A$ ), dentro de touro ( $T$ ) ou seja,  $b_{R,A/T_i} = b_i$ .

A mudança genética foi estimada a partir da regressão da razão sobre o tempo dentro de touro, a qual foi calculada conforme a fórmula apresentada por Everett et al. (1967), ponderando cada regressão individual ( $b_i$ ) pelo inverso de sua variância ( $w_i$ ), isto é

$$\hat{b} = \frac{\sum_i w_i b_i}{\sum_i w_i}$$

sendo que o estimador da mudança genética, neste caso, pode ser representado por:  $\hat{g} = -2\hat{b}$ .

No terceiro procedimento utilizado, que foi baseado no método das diferenças entre os valores genéticos médios anuais de touros, a mudança genética foi estimada pela regressão dos valores genéticos médios ( $\overline{VG}$ ) de touros, por ano de nascimento dos bezerros, sobre os anos ( $A$ ):

$$\hat{g} = \hat{b}_{\overline{VG} \cdot A/A}$$

O valor genético médio devido a touros em um particular ano de nascimento dos bezerros, foi baseado nas estimativas dos prováveis valores genéticos dos touros usados no rebanho, ponderadas pelo número de progênies de cada touro naquele ano. Simbolicamente, o valor genético médio de touros no  $j$ -ésimo ano de nascimento dos bezerros ( $\overline{VG}_j$ ) pode ser representado por:

$$\overline{VG}_j = \sum_i (n_{ij} PVG_i) / n_j$$

onde:  $n_{ij}$  é o número de progênies do  $i$ -ésimo touro nascidas no  $j$ -ésimo ano;  $n_j$  é o número total de bezerros nascidos no  $j$ -ésimo ano, e  $PVG_i$  é o valor genético provável do  $i$ -ésimo touro.

O valor genético provável de cada touro ( $PVG_i$ ) foi estimado com base na fórmula apresentada por Lasley (1978):

$$PVG_i = \frac{2n_i h^2}{4 + (n_i - 1)h^2} (\bar{x}_i - \bar{x}_r)$$

onde  $\bar{x}_i$  é a média da progênie do  $i$ -ésimo touro,  $\bar{x}_r$  é a média do rebanho,  $n_i$  é o número de progênies do  $i$ -ésimo touro, e  $h^2$  é o coeficiente de herdabilidade da característica.

As médias  $\bar{x}_i$  e  $\bar{x}_r$  foram estimadas por quadrados mínimos (Harvey, 1977), mediante um modelo matemático que incluiu os efeitos de sexo ( $s$ ), estação ( $e$ ) e ano de nascimento dos bezerros, idade da vaca ao parto (classes), touro ( $t$ ), e as interações  $s \times t$  e  $e \times a$ .

Os coeficientes de herdabilidade foram estimados pela correlação intra-classe entre meio-irmãos paternos, a partir de componentes de variância obtidos na solução, pelo método dos quadrados mínimos (Harvey, 1977), de um modelo matemático que incluiu os efeitos fixos de sexo ( $s$ ), estação ( $e$ ) e ano de nascimento ( $a$ ) dos bezerros, de idade da vaca ao parto (classes), as interações  $s \times e$ ,  $s \times a$  e  $e \times a$ , e exceto quanto ao PN, de ordenha ou não da vaca, mais o efeito aleatório de touro.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A mudança fenotípica anual da média dos caracteres estudados, que é uma medida da mudança genética mais a de ambiente, foi calculada com o emprego do coeficiente de regressão linear do ano de nascimento dos bezerros, com o modelo matemático incluindo apenas os efeitos fixos (modelo I). Embora em tal análise tenha sido detectada influência significativa, além do linear, de efeitos não lineares do ano de nascimento (quadrático e cúbico) sobre P8, G8, P12 e G12, foi assumida a linearidade para estimar a mudança fenotípica dessas características.

As estimativas de mudanças fenotípicas anuais no período de 1979 a 1984 são apresentadas na Tabela 1. Os resultados mostram que anualmente houve uma diminuição acentuada nas características, em decorrência da combinação de fatores genéticos e de ambiente.

### Mudança genética anual

As mudanças genéticas de acordo com o procedimento 1 foram estimadas pelas diferenças entre os coeficientes de regressão linear das constantes de ano de nascimento dos bezerros sobre os anos, obtidos a partir da solução dos modelos matemáticos sem (modelo I) e com (modelo II) o efeito de touro.

Na Tabela 1 estão relacionados os referidos coeficientes de regressão linear, bem como as mudanças genéticas obtidas em função da solução do mo-

**TABELA 1. Mudança fenotípica anual ( $\hat{b}_1$ ), estimada através do coeficiente de regressão linear das constantes para os anos de nascimento dos bezerros sobre os anos e mudança genética anual ( $\hat{g}$ ), estimada a partir do uso repetido de touros, pela diferença entre os coeficientes de regressão das médias das progênes nos modelos com ( $\hat{b}_1$ ) e sem ( $\hat{b}_2$ ) o efeito de touro.**

Característica	Mudança fenotípica (kg)	$\hat{b}_2$ (kg)	Mudança genética anual (kg)
PN	-0,232	-0,203	-0,058
P8	-8,278	-8,220	-0,116
G8	-0,033	-0,033	0,000
P12	-8,498	-7,778	-1,440
G12	-0,023	-0,021	-0,004

$$\hat{g} = 2(\hat{b}_1 - \hat{b}_2)$$

delo II. As estimativas das mudanças genéticas foram, em sua maioria, negativas, o que sugere que houve uma diminuição dos valores genéticos dos animais em função do ano de seu nascimento.

Packer (1977), analisando o uso repetido de touros em anos sucessivos com a finalidade de estimar a mudança genética, concluiu que um fator limitante de sua utilização é que pode não haver número suficiente de touros repetidos sobre um período de tempo mínimo, para se detectarem pequenas mudanças de origem genética. Um exame da distribuição das progênes de cada touro nos dados utilizados na presente análise, onde aproximadamente 37% dos touros foram usados por apenas um ano, 22% por dois anos e o restante por três ou mais anos, indica que a referida situação pode ter ocorrido neste estudo.

As mudanças genéticas estimadas a partir da regressão dentro de touro, dos pesos e ganhos de pesos da progênie, medidos como razão da média dos contemporâneos, sobre o tempo (procedimento 2) são apresentadas na Tabela 2. Pode-se observar que os resultados, exceto para o peso ao nascer, são bastante diferentes dos obtidos segundo o procedimento anterior (Tabela 1). De acordo com as presentes estimativas, em contraste com as anteriores, o rebanho mostrou ganho genético positivo, embora de pequena magnitude, para P8, G8, P12 e G12.

A taxa de mudança genética anual, possível de se obter, de acordo com Smith (1985), é de 1% a

3% da média da população. Desse modo, observa-se que as mudanças genéticas anuais em P8 e P12 de 0,61% e 0,20% das respectivas médias do rebanho (Tabela 2) estão bem abaixo do limite inferior daquele intervalo.

Para realização das análises deste último procedimento, foram eliminados da amostra os touros usados em apenas um ano. Portanto, as discrepâncias entre estas estimativas e as obtidas segundo o procedimento anterior não podem ser atribuídas apenas aos procedimentos, mas também, às diferenças nas amostras dos dados.

Na Tabela 3 são mostrados os valores genéticos médios de touro de acordo com o ano de nascimento dos bezerros preditos a partir de dados corrigidos pelo método dos quadrados mínimos. As estimativas das mudanças genéticas obtidas pelas regressões dos valores genéticos médios anuais dos touros

**TABELA 2. Média geral ( $\hat{x}$ ) e mudança genética anual, em unidades de razão ( $\hat{g}_1$ ) e em kg ( $\hat{g}_2$ ), estimada pelo uso repetido de touros, a partir do coeficiente de regressão, dentro de touros, da razão da produção da progênie pela média dos contemporâneos, sobre os anos ( $\hat{b}$ ).**

Característica	Média geral (kg)	$\hat{b}$	$\hat{g}_1$	$\hat{g}_2$ (kg)
PN	28,07	0,001	-0,002	-0,056
P8	152,33	-0,003	0,006	0,914
G8	0,51	-0,002	0,004	0,002
P12	186,85	-0,001	0,002	0,374
G12	0,43	-0,001	0,003	0,001

$$\hat{g}_1 = -2\hat{b}$$

$$\hat{g}_2 = \hat{g}_1 \bar{x}$$

**TABELA 3. Valores genéticos médios de touros para as características estudadas, de acordo com os anos.**

Anos	PN (kg)	P8 (kg)	G8 (kg)	P12 (kg)	G12 (kg)
1979	-0,12	-5,87	-0,011	-3,72	-0,010
1980	0,57	1,63	-0,006	-3,51	-0,010
1981	1,39	2,39	0,006	-2,20	-0,008
1982	0,28	1,31	0,005	-3,65	-0,010
1983	0,50	2,93	0,012	-2,14	-0,006
1984	0,24	2,26	0,009	-2,13	-0,006

ros sobre os anos (procedimento 3) estão relacionadas na Tabela 4.

As mudanças genéticas estimadas através desse método foram positivas e de baixa magnitude no que tange a todas as características, sendo, portanto, exceto para PN, coerentes com as estimadas pelo procedimento 2. As estimativas para PN, P8 e P12

**TABELA 4. Mudança genética anual estimada a partir das diferenças entre os valores genéticos médios anuais de touros.**

Característica	Mudança genética anual (kg)
PN	0,013
P8	0,822
G8	0,003
P12	0,303
G12	0,001

representam, respectivamente, 0,05%, 0,55% e 0,16% das respectivas médias. Esses resultados, à semelhança dos obtidos pelo outro método, são bastante modestos, quando comparados com o intervalo possível de taxa anual de mudança genética, relatado por Smith (1985), que é de 1% a 3% da média da população. A razão disso pode ser a utilização no rebanho de touros apresentando baixo valor genético, os quais correspondem, conforme a característica considerada, de 43 ou até 50% do total.

Uma vantagem desse método, segundo Pimenta Filho & Lôbo (1990), refere-se à possibilidade de se monitorar, anualmente, as alterações do mérito genético médio do rebanho, auxiliando, assim, na avaliação do programa de seleção. Todavia, outros procedimentos para obtenção do valor genético provável dos touros, como o "BLUP", devem ser levados em consideração com o objetivo de se melhorar a precisão da sua avaliação, e, conseqüentemente, da estimativa da tendência genética por este método.

Houve evidência nas análises da presença de confundimento entre os efeitos de touro e idade da vaca. Logo, se isso foi motivado pelo acasalamento de determinados touros, com o suceder dos anos, com vacas mais velhas e de maior valor genético, então as estimativas obtidas por esse e pelos procedimentos anteriores, poderiam apresentar vieses.

#### **Avaliação das estimativas da mudança genética**

As estimativas de herdabilidade obtidas para PN, P8 e P12 foram, respectivamente 0,24, 0,14 e 0,11. Esse resultado sugere que a influência da variância genética aditiva na fenotípica total de tais características é pequena, de modo que o valor fenotípico do indivíduo não deve ser, isoladamente, um indicador de seu valor genético. Apesar disso, usando-se uma reserva de 10% dos machos e 85% das fêmeas, e considerando-se um intervalo de gerações de seis anos, a herdabilidade de 0,14 permitiria um ganho genético de 0,62 kg/ano, para P8, enquanto que para P12, com herdabilidade de 0,11, seria possível atingir um ganho de 0,60 kg/ano. Com base nestes mesmos parâmetros, pode-se estimar que a resposta correlacionada em PN para seleção em P8 seria de 0,06 kg/ano e para seleção em P12, seria de 0,05 kg/ano. Esses ganhos poderiam ser atingidos se a escolha dos reprodutores levasse em conta apenas os pesos considerados; mas, em realidade, eles seriam menores se a intensidade de seleção aplicada nestas características fosse reduzida pela seleção concomitante relativa a outras características, como a produção de leite e a caracterização racial, fato que ocorre no presente rebanho.

Uma análise das estimativas das mudanças genéticas para P8 e P12, observadas neste estudo, permite verificar que as estimadas a partir da regressão dentro de touros das razões sobre os anos (procedimento 2) e das diferenças dos valores genéticos médios anuais de touros (procedimento 3) são mais coerentes com as mudanças genéticas esperadas. Entretanto, quando se comparam métodos diferentes para estimação de um mesmo parâmetro, o problema básico, segundo Henderson (1975), é que seu valor real não é conhecido; logo, as estimativas obtidas por esses métodos não podem ser avaliadas quanto à sua precisão. Como conseqüência, a aplicação de métodos alternativos ao mesmo conjunto de dados, a não ser pelo fato que possibilita quantificar a magnitude das diferenças entre um método e outro, tem valor limitado. Disso se deduz, como sugerem Pimenta Filho & Lôbo (1990), que outros estudos, como simulação de dados, por exemplo, devem ser efetuados para que os métodos pos-

sam ser melhor avaliados. Por outro lado, deve-se ter em mente que as estimativas estão sujeitas a erros, o que introduz mais um elemento de dúvida nas conclusões.

### CONCLUSÕES

A avaliação das mudanças genéticas obtidas neste estudo, apesar das incertezas existentes nas análises pelos três procedimentos utilizados, indicam que:

1. As estimativas obtidas através da regressão dentro de touros, da produção da progênie, medida como razão da média dos contemporâneos, sobre o tempo, e pelas diferenças entre os valores genéticos médios anuais de touros, foram mais apropriadas ao rebanho Guzerá analisado, comparativamente ao outro procedimento utilizado, considerando-se como critério a coerência com as mudanças genéticas esperadas.

2. Essas estimativas indicam modestos ganhos genéticos para as características de crescimento até os 12 meses, tal como seria esperado pela pequena variabilidade genética aditiva existente no rebanho.

3. As estimativas das mudanças fenotípicas anuais mostraram que para as características estudadas houve uma redução no valor fenotípico do rebanho. Comparando-se estas com as estimativas das mudanças genéticas, principalmente as obtidas pelos procedimentos 2 e 3, pode-se concluir que problemas de origem ambiental devem ter sido os responsáveis pelo decréscimo observado nas médias destas características, com o passar dos anos.

### REFERÊNCIAS

EVERETT, R.W.; MEADOWS, C.E.; GILL, J.L. Estimation of genetic trends in simulated data. *Journal of Dairy Science*, v.50, n.4, p.550-554, 1967.

HARVEY, W.R. *User's guide for LSML (Mixed Model Least-Squares and Maximum Likelihood Computer Program)*. Ohio: Ohio State University, 1977. p.76 Mimeografado.

HENDERSON, C.R. Comparison of alternative sire evaluation methods. *Journal of Animal Science*, v.41, n.3, p.760-770, 1975.

LASLEY, J.F. *Genética do melhoramento animal*. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 1978. 413p.

PACKER, I.U. *Análise genética do crescimento até a desmama de bezerros Canchim*. Piracicaba: ESALQ - USP, 1977. 173 p. Tese de Livre-Docência.

PIMENTA FILHO, E.C.; LÔBO, R.B. Mudança genética no peso a um ano de idade de bovinos Nelore. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, v.19, n.4, p.290-297, 1990.

SCHAEFFER, L.R.; ERIKSSON, J.A.; WILTON, J.W. Weighted averages of sire progeny tests for growth traits in record of performance beef herds. *Canadian Journal of Animal Science*, v.61, p. 35-44, 1981.

SHARMA, A.K.; WILLMS, L.; HARDIN, R.T.; BERG, R.T. Selection response in purebred Hereford and a multi-breed syntetic population of beef cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, v.65, p.1-9, 1985.

SMITH, C. Estimation of genetic change in farm livestock using field record. *Animal Production*, v.4, n.3, p.239-251, 1962.

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

SYRSTAD, O. Methods for continuous measuring of genetic gain in dairy cattle populations. In: CONGRESSO MUNDIAL DE GENÉTICA APLICADA A LA PRODUCCION GANADERA. 1., 1974, Madrid, Espanã. Madrid: [s.n.], 1974. p.603-610.

ZOLLINGER, W.A.; NIELSEN, M.K. An evaluation of bias in estimated breeding values for weaning weight in angus beef cattle field records. I. Estimates of within herd genetic trend. *Journal of Animal Science*, v.58, n.3, p.545-549, 1984.