

Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus

Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva⁽¹⁾, Erika Tagima Marcelo⁽¹⁾,
Cinthia Brosco Ribeiro⁽¹⁾, Amanda Marchi Maiorano⁽¹⁾, Rogério Abdallah Curi⁽¹⁾,
Henrique Nunes de Oliveira⁽²⁾ e Marcílio Dias Silveira da Mota⁽¹⁾

⁽¹⁾Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Caixa Postal 560, CEP 18618-000 Botucatu, SP. E-mail: jaugusto@fmvz.unesp.br, erika_tmarcelo@hotmail.com, cinthia_brosco@hotmail.com, amanda_maiorano@hotmail.com, rogcuri@fmvz.unesp.br, mdsмота@fmvz.unesp.br ⁽²⁾Unesp, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/nº, CEP 14884-900 Jaboticabal, SP. E-mail: holiveira@fcav.unesp.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e a tendência genética de características de crescimento e perímetro escrotal em animais da raça Brangus. Dados de 6.340 animais, criados em cinco propriedades nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil, foram utilizados para avaliação de: perímetro escrotal (PE) ao sobreano e pesos ao nascer (PN), à desmama (P205), ao ano (P365) e ao sobreano (P550). Os componentes de covariância foram estimados por inferência bayesiana, sob modelo animal, com efeitos fixos de grupos de contemporâneos e de classe de idade da vaca ao parto, e efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Os efeitos aleatórios genético materno e de ambiente permanente materno foram incluídos somente para PN e P205. O efeito linear da covariável idade do animal na mensuração foi considerado para todas as características analisadas, exceto PN. As médias observadas foram 33,6, 184,6, 235,9, 344,9 e 33,8 cm para PN, P205, P365, P550 e PE, respectivamente, e as tendências genéticas foram de -0,001, 0,107, 0,177, 0,217 kg por ano e 0,001 cm por ano. As estimativas das herdabilidades direta e materna variaram de 0,16 (PN) a 0,61 (PE) e de 0,08 (PN) a 0,09 (P205), indicativas de que as características avaliadas são passíveis de seleção para o melhoramento genético da raça Brangus.

Termos para indexação: herdabilidade, inferência bayesiana, valor genético.

Genetic analysis of growth traits and scrotal circumference in Brangus cattle

Abstract – The objective of this work was to estimate the genetic parameters and genetic trends for growth traits and scrotal circumference of Brangus cattle. Data on 6,340 animals, raised in five farms in the South, Southern, and Midwestern regions of Brazil, were used for the evaluation of: yearling scrotal circumference (SC) and the weights at birth (PN), weaning (P205), yearling (P365), and post-yearling (P550). The covariance components were estimated by Bayesian inference using the animal model with fixed effects of contemporary groups and cow age class at calving, and direct additive genetic and residual random effects. The maternal genetic and maternal permanent environmental random effects were included only in PN and P205. The linear effect of the covariable animal age at measurement was considered for all evaluated traits, except for PN. The averages observed were 33.6, 184.6, 235.9, 344.9 kg, and 33.8 cm for PN, P205, P365, P550, and SC, respectively, and the genetic trends were -0.001, 0.107, 0.177, 0.217 kg per year, and 0.001 cm per year. Estimates for direct and maternal heritabilities ranged from 0.16 (PN) to 0.61 (SC), and from 0.08 (PN) to 0.09 (P205), respectively, indicating that the evaluated traits are liable to selection for Brangus genetic breeding.

Index terms: heritability, Bayesian inference, genetic value.

Introdução

Dos bovinos abatidos no Brasil, em 2011, apenas 17,4% foram provenientes de sistemas de engorda em confinamento, semiconfinamento e pastagem de inverno; o restante dos animais foi criado a pasto (Anualpec 2011). Portanto, o sistema extensivo de criação, com animais em sistema de pastejo, é de grande importância na pecuária de corte nacional.

Embora a composição racial dos animais utilizados no sistema brasileiro de produção seja predominantemente Nelore, em razão de sua adaptabilidade e rusticidade em clima tropical, touros de outras raças também são utilizados no acasalamento com matrizes Nelore. Entre estas raças, destaca-se a Brangus, usada principalmente nos sistemas de produção com monta natural, uma vez que parte de seus genes são originários de raças de

zebuínos e conferem maior resistência ao clima tropical (Turner, 1980). Entre outros fatores, é necessária a melhoria genética dos animais para tornar o sistema de produção extensivo mais rentável, além da aplicação de técnicas de pastejo adequadas (Abreu & Rosa, 2007).

As características de crescimento, ou ponderais, são as mais utilizadas como critério de seleção nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte, especialmente por serem de fácil mensuração, apresentarem herdabilidades com valores moderados – o que propicia ganhos genéticos razoáveis ao longo das gerações – e por estarem diretamente relacionadas à quantidade produzida de carne (Razook et al., 2001). A estimação dos valores genéticos para diferentes características, quando disponibilizada para criadores e técnicos, permite classificar e selecionar os melhores reprodutores para darem origem às próximas gerações.

O perímetro escrotal é uma característica secundária que tem sido utilizada como critério de seleção em várias raças de bovinos de corte. As razões para isso são: facilidade de mensuração, alta estimativa de herdabilidade e correlação genética favorável com características físicas e morfológicas do sêmen, pesos corporais e desempenho reprodutivo (Morris et al., 2000; Boligon et al., 2006; Dias et al., 2008).

As estimativas de herdabilidade de características de crescimento, em rebanhos da raça Brangus, variam de 0,20 (peso ao sobreano) a 0,43 (peso à desmama) (Everling et al., 2001; Lopes et al., 2009; Araújo et al., 2010). Entretanto, no Brasil, são poucos os trabalhos sobre estas estimativas e as de correlações genéticas (Lopes et al., 2009) entre os pesos mensurados em diversas idades, para a raça.

O programa de melhoramento das raças Brangus e Braford teve início com duas propriedades, em 1995, e, com o passar dos anos, foram agregados novos parceiros, sendo que em 2004 participavam 12 fazendas. O projeto de execução do programa foi delineado e credenciado em 1995 no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, que autorizou a emissão de Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP) para os animais que apresentassem superioridade genética. Os animais são comparados aos seus contemporâneos, com base na característica peso à desmama e nas medidas do peso ao sobreano (550 dias), da musculosidade e do perímetro escrotal, que compõem o índice de seleção do programa.

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e a tendência genética de características de

crescimento e perímetro escrotal em animais da raça Brangus.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de animais Brangus, com composição 5/8 Angus e 3/8 Zebu (Brahman ou Nelore), filhos de matrizes com heterozigose esperada igual a 0,47, ou seja, os pais dos animais utilizados apresentavam composição racial aproximada de 5/8 Angus e 3/8 Zebu.

Uma equipe previamente treinada coletou dados de características zootécnicas em 12 propriedades pertencentes ao programa de melhoramento das raças Brangus e Braford (PMGGB). Os dados gerados foram computados e, após análise de consistência, foram enviados ao Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Unesp, Botucatu, SP, para realização da avaliação genética e elaboração do sumário de touros. Para a análise genética, utilizou-se banco de dados de 6.340 animais, filhos de 232 pais e 4.660 mães diferentes, nascidos no período de 1995 a 2004 e criados em fazendas localizadas nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil, com matriz de parentesco de 28.671 animais. Para a formação do pedigree, foi criado um “dicionário de touros”, no qual se encontravam todos os pais dos touros dos rebanhos participantes do PMGGB. Este arquivo permitiu unificar a identificação dos touros utilizados em mais de um rebanho.

A base de dados incluiu medidas de características utilizadas como critérios de seleção (ponderais, reprodutivas e escores visuais) e informações de genealogia. Foram analisados os seguintes dados de produção: peso ao nascimento (PN), peso à desmama (P205), peso ao ano (P365) e peso ao sobreano (P550), além do perímetro escrotal (PE) ao sobreano.

A medição do perímetro escrotal foi realizada com uso de fita métrica metálica graduada em centímetros, disposta na porção superior do saco escrotal, na sua parte mais larga.

Os pesos foram padronizados às idades de 205, 365 e 550 dias, por meio da seguinte expressão: $P_x = (P_p - P_a)/(I_p - I_a) \times (I_x - I_a) + P_a$, em que: P_x é o peso padronizado (P205, P365 e P550); P_p é o peso na idade I_p , posterior à idade de padronização; P_a é o peso na idade I_a , anterior à idade de padronização; e I_x é a idade de padronização. A diferença entre I_p e

I_a não superou 90 dias, o que garantiu a utilização de pesos próximos às idades a serem padronizadas.

As medidas da característica PE foram obtidas entre 505 e 595 dias de idade, ou seja, próximo aos 550 dias de idade (sobreano). Esta medida não foi padronizada, uma vez que havia apenas uma medida por animal na base de dados.

Foram estimados os componentes de variância e covariância genética das características, e os valores genéticos foram preditos por inferência bayesiana, sob modelo animal completo, em análise bicaracterística, tendo-se utilizado o peso à desmama como “característica âncora”. Essa prática é adotada nas avaliações genéticas de bovinos de corte para minimizar os efeitos do descarte de animais inferiores pós-desmame nas propriedades e para aumentar a acurácia das predições dos valores genéticos.

As análises foram realizadas com uso do programa Gibbs2F90 (Misztal et al., 2010), que estima componentes de variância e covariância, parâmetros genéticos, e soluções para os efeitos fixos e aleatórios utilizados nos modelos. As análises dos resultados pós-amostragem de Gibbs foram realizadas com uso do programa PostGibbsF90 (Misztal et al., 2010).

O modelo estatístico utilizado para as características pré-desmama (PN e P205) incluiu: efeitos fixos de grupo contemporâneo (fazenda+ano+trimestre de nascimento+sexo+lote de manejo) e idade da vaca ao parto (1, dois e três anos de idade; 2, quatro anos; 3, cinco anos; 4, seis anos; 5, sete anos; 6, oito anos; e 7, nove ou mais anos de idade); idade na mensuração das características como covariável linear; e efeitos aleatórios aditivos de animal e materno, e de ambiente permanente materno.

A covariância genética entre os efeitos direto e materno foi assumida como zero, conforme Meyer (1997) e Bolognon et al. (2012). Segundo esses autores, somente com bancos de dados muito bem estruturados, com grande quantidade de mães com dados fenotípicos e número de filhos por mãe, seria possível obter estimativa acurada desta covariância. No entanto, isso não ocorreu no presente trabalho, pois o banco de dados analisado foi criado recentemente.

Para as características mensuradas pós-desmama (P365, P550 e PE), foram incluídos no modelo os efeitos fixo de grupo contemporâneo (igual ao das características pré-desmama, tendo-se acrescentado o lote de manejo em que os animais estavam no momento da mensu-

ração), a idade na mensuração das características como covariável linear e o efeito aleatório aditivo de animal.

A representação matricial geral dos modelos utilizados foi $y = Xb + Z_1a + Z_2m + Wc + \varepsilon$, em que: y é o vetor de observações; b é o vetor dos efeitos fixos; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos direto; m é o vetor dos efeitos genéticos aditivos materno; c é o vetor dos efeitos de ambiente permanente materno; ε é o vetor dos efeitos residuais associados às observações; e X , Z_1 , Z_2 e W são as matrizes de incidência relacionadas com b , a , m e c , respectivamente. Na análise bicaracterística, de acordo com a abordagem bayesiana, a distribuição a priori inicial dos efeitos aleatórios e residual segue distribuição normal multivariada. Não foi aplicada análise multicaracterística, com inclusão de todas as características, pois a base de dados não continha muitos animais com medidas em duas ou mais características no período pós-desmama, e, portanto, as estimativas de covariância entre estas medidas seria menos confiável.

Os vetores b , a , m e c são parâmetros de alocação da distribuição condicional $y | b, a, m, c$, tendo-se assumido uma distribuição a priori uniforme de b , que reflete vago conhecimento a priori deste vetor. Para os outros componentes, a distribuição Wishart invertida foi definida como distribuição inicial. Assim, a distribuição de y , dados os parâmetros de alocação e de escala, foi assumida como: $Y | b, a, m, c, R \sim N [Xb + Z_1a + Z_2m + Wc, I_N R]$ (Van Tassell & Van Vleck, 1996).

As análises foram realizadas em cadeias únicas de 500.000 ciclos, com período de descarte amostral dos 20.000 primeiros ciclos, número que foi definido após verificação do estágio estacionário da cadeia por meio de inspeção gráfica (Kass et al., 1998). A cada 20 amostras, foram estocados os valores, o que totalizou 24.000 amostras das quais foram computadas as médias posteriores, o desvio-padrão e as regiões de credibilidade. Valores iniciais dos componentes de variância e covariância foram obtidos por meio de análises prévias com modelos lineares sob máxima verossimilhança restrita, conforme Kass et al. (1998).

Para determinar se a seleção indireta é mais eficiente que a seleção direta para as características avaliadas, foi aplicada a equação de eficiência da resposta (%): $RC_{1(2)}/RD_1 = 100[r_{A_1 \times A_2} \times (h^2_2)^{0.5}/(h^2_1)^{0.5} - 1]$,

segundo Mota (2006), em que: $RC_{1(2)}$ é a resposta correlacionada da característica 1 quando selecionada para a característica 2; RD_1 é a resposta direta da característica 1; $r_{A1 \times A2}$ é a correlação genética entre as duas características; e h^2_1 e h^2_2 são a herdabilidade das características 1 e 2, respectivamente.

Dois grupos de animais foram criados, um formado com todos os animais constantes no pedigree e outro com os touros que apresentavam mais de dez filhos. Foi realizada análise comparativa com base na diferença esperada na progênie (DEP) para as características avaliadas, por meio de estatística descritiva, via procedimento Proc Means (SAS Institute, 2001).

A tendência genética para cada característica foi estimada pela regressão linear dos valores genéticos preditos dos animais no ano de seu nascimento, tendo-se utilizado o procedimento Proc Reg (SAS Institute, 2001).

Resultados e Discussão

As médias dos pesos e o perímetro escrotal apresentaram valores próximos (Dal-Farra et al., 2000) ou superiores (Guterres et al., 2007; Lopes et al., 2009) aos encontrados na literatura (Tabela 1). Nos EUA, Luna-Nevarez et al. (2010) observaram valores superiores em bovinos Brangus. Cabe ressaltar que os animais utilizados no presente trabalho foram

alimentados exclusivamente a pasto e que, por esse motivo, o valor médio obtido para as características pode ser inferior quando comparado ao de diferentes sistemas de produção.

A análise das cadeias geradas pelo programa Gibss2F90 (Misztal et al., 2010) mostrou que o período de descarte e o intervalo amostral foram suficientes para determinar a convergência da cadeia. Para todas as características avaliadas, não foram observadas diferenças significativas entre as medidas de tendência central dos parâmetros estimados, o que indica simetria nas distribuições posteriores.

Em relação às estimativas de herdabilidade, os limites dos intervalos de maior densidade posterior contendo 95% das observações foram pequenos (Tabela 2). As estimativas posteriores da herdabilidade das características pós-desmama foram superiores às da pré-desmama, o que indica que, para a mesma intensidade de seleção, a resposta à seleção das características pós-desmama deve ser superior. De modo geral, as estimativas, embora não possam ser consideradas altas, indicam que pode ser alcançado ganho genético por seleção para todas as características avaliadas.

Com base em trabalhos publicados com animais de composição racial Angus x Zebu, foram verificados valores superiores para as estimativas de herdabilidade direta e materna quanto ao peso à desmama e ao

Tabela 1. Estatísticas descritivas da base de dados das características avaliadas.

Variável ⁽¹⁾	Nº de animais	Média	Desvio-padrão	Coefficiente de variação	Idade média	Nº de grupos contemporâneos
PN	4.338	33,55	4,65	13,85	-	164
P205	5.568	184,58	37,63	20,38	204,82	218
P365	1.533	235,93	50,95	21,59	358,36	99
P550	1.882	344,85	79,57	23,07	536,96	132
PE	598	33,75	3,49	10,34	536,40	42

⁽¹⁾PN, peso ao nascer; P205, peso à desmama; P365, peso ao ano; P550, peso ao sobreano; e PE, perímetro escrotal ao sobreano.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade direta e materna para as características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus.

Variável ⁽¹⁾	Herdabilidade ⁽²⁾	Média	Desvio-padrão	Mediana	IC 95% ⁽³⁾
PN	h^2D	0,16	0,04	0,16	0,10 a 0,23
	h^2M	0,08	0,03	0,08	0,04 a 0,13
P205	h^2D	0,24	0,05	0,24	0,14 a 0,35
	h^2M	0,09	0,03	0,09	0,04 a 0,15
P365	h^2D	0,37	0,08	0,37	0,24 a 0,50
	h^2M	0,34	0,08	0,34	0,20 a 0,50
PE	h^2D	0,61	0,15	0,61	0,36 a 0,84

⁽¹⁾PN, peso ao nascer; P205, peso à desmama; P365, peso ao ano; P550, peso ao sobreano; e PE, perímetro escrotal ao sobreano. ⁽²⁾ h^2D estimativa de herdabilidade direta; e h^2M , estimativa de herdabilidade materna. ⁽³⁾IC 95%, intervalo de credibilidade a 95%.

sobreano (Lopes et al., 2009; Araújo et al., 2010). Nesar et al. (2012) obtiveram valores similares em rebanhos Brangus na África do Sul. Valores superiores foram relatados por Bertrand & Benyshek (1987) e Everling et al. (2001), principalmente para a estimativa de herdabilidade materna. Em ambos os trabalhos, a correlação genética entre efeito aditivo direto e materno foi diferente de zero, com resultados altos e negativos para a estimativa. Segundo Meyer (1997), estes resultados estão associados à superestimação dos valores das variâncias genéticas aditivas direta e materna, e, por esta razão, no presente trabalho, esta correlação foi assumida como zero.

Quanto ao PE, Everling et al. (2001) e Boligon et al. (2006), ao trabalhar com animais cruzados Angus x Nelore, obtiveram estimativas de herdabilidade inferiores (0,21 e 0,22, respectivamente) às observadas no presente trabalho. As estimativas de herdabilidade superiores às encontradas na literatura podem ser explicadas, em parte, pelas correlações moderadas a altas existentes entre as diferentes características. Dessa forma, as informações de determinada característica foram utilizadas como informações adicionais para outras características, o que gera resultados mais acurados dos diferentes componentes de variância e covariância.

A média posterior da correlação genética entre as características avaliadas e o peso à desmama foi positiva e de magnitude moderada (Tabela 3). As correlações genéticas (rg) entre P205 e as demais características analisadas foram todas positivas e com valores que variaram de moderado a alto. Esses resultados foram similares aos obtidos por Nesar et al. (2012). Everling et al. (2001) obtiveram valor inferior (0,16) de rg entre P205 e PE. Os valores obtidos mostram a existência de genes que atuam na expressão fenotípica de mais de uma característica, o que indica que a seleção para

determinada característica pode resultar em ganho genético em outra.

A eficiência relativa da seleção indireta, para as diversas características, em relação ao peso à desmama, é indicativa de que a seleção direta é quase sempre mais eficiente que a seleção indireta (Tabela 4). A exceção é a seleção que utiliza como critério o P365, que trará, como consequência, ganho genético no peso à desmama superior àquele que poderia ser alcançado pela seleção direta naquele peso. Este resultado permite recomendar a seleção com base no P365, quando o objetivo for o aumento desses pesos.

Na comparação dos grupos formados, foi verificado que as DEPs dos touros apresentaram maior desvio-padrão e valores mínimos e máximos abaixo dos observados para toda a população (Tabela 5). Os valores das amplitudes de variação e dos desvios-padrão refletem a variabilidade genética das características. As diferenças das DEPs, entre os dois grupos analisados, mostram que os animais selecionados como reprodutores não foram aqueles com maiores DEPs, o que indica que, no momento da seleção, esta ferramenta não foi utilizada. Assim, tomando como exemplo a característica P205, ao se considerar a diferença entre a maior (12,20 kg) e a menor (-12,03 kg) DEP para os touros, é esperado que os filhos do primeiro touro tenham, em média, 24,23 kg a mais de peso à desmama que os filhos do segundo, uma vez que o acasalamento dos touros foi com fêmeas de igual mérito genético.

A mudança genética média anual, ao se considerar todos os animais analisados, foi de -0,001, 0,107, 0,177, 0,217 kg por ano e 0,001 cm por ano para PN, P205, P365, P550 e PE, respectivamente (Figura 1).

Tabela 3. Estimativas das correlações genéticas da característica peso aos 205 dias de idade, com características de crescimento e perímetro escrotal, em bovinos da raça Brangus.

Variável ⁽¹⁾	Média	Desvio-padrão	Mediana	IC 95% ⁽²⁾
PN	0,25	0,18	0,26	0,06 a 0,54
P365	0,97	0,03	0,97	0,91 a 1,00
P550	0,80	0,09	0,81	0,61 a 0,93
PE	0,42	0,24	0,43	0,02 a 0,78

⁽¹⁾PN, peso ao nascer; P205, peso à desmama; P365, peso ao ano; P550, peso ao sobreano; e PE, perímetro escrotal ao sobreano. ⁽²⁾IC 95%, intervalo de credibilidade a 95%.

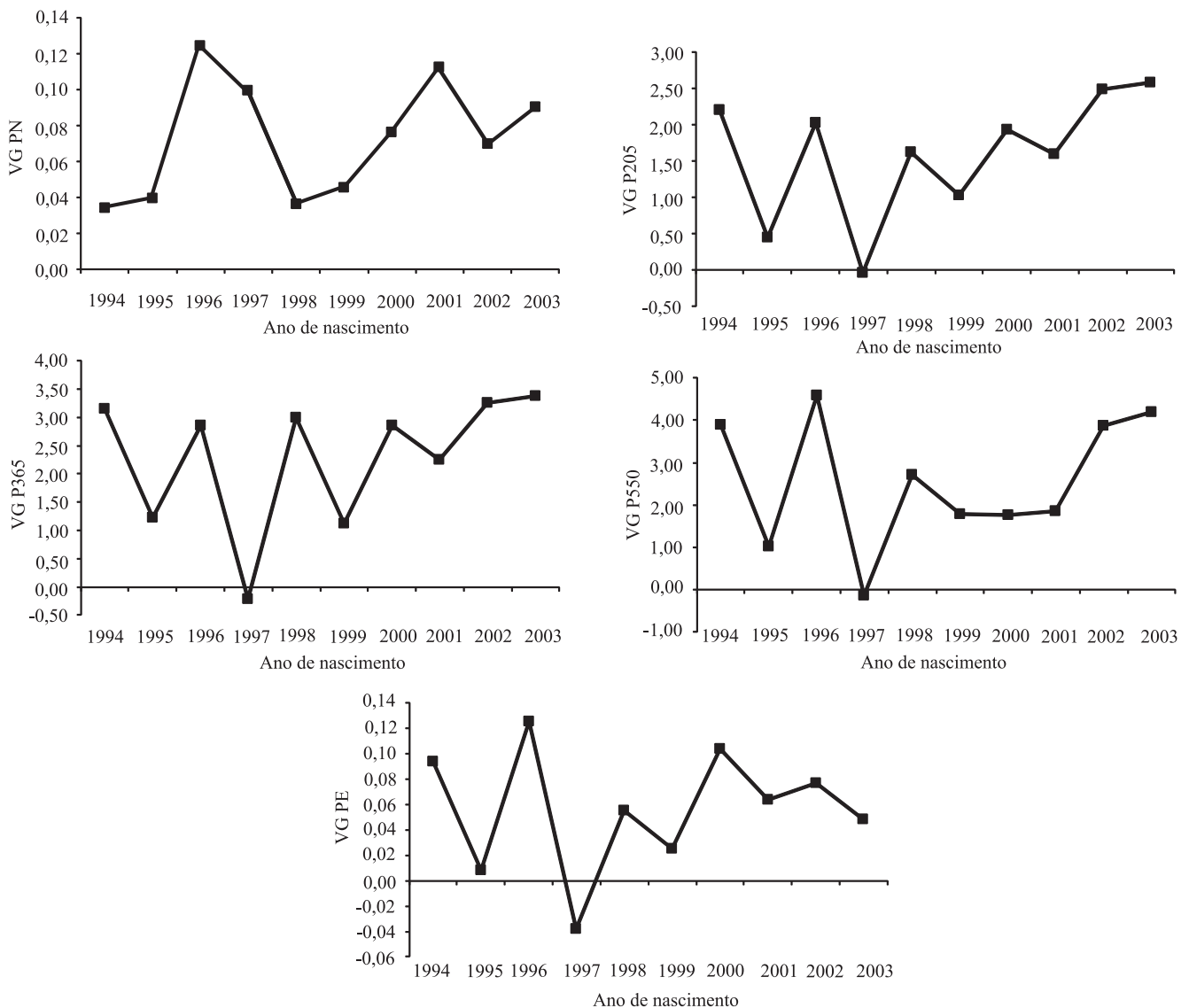
Tabela 4. Eficiência da resposta correlacionada às características peso ao nascer, peso ao ano, peso ao sobreano e perímetro escrotal quando selecionada para peso à desmama e da resposta correlacionada à peso à desmama quando selecionada para as demais variáveis.

Variável selecionada	Resposta correlacionada a	Eficiência (%)
Peso à desmama	Peso ao nascer	-69
Peso à desmama	Peso ao ano	-22
Peso à desmama	Peso ao sobreano	-33
Peso à desmama	Perímetro escrotal	-74
Peso ao nascer	Peso à desmama	-80
Peso ao ano	Peso à desmama	20
Peso ao sobreano	Peso à desmama	-5
Perímetro escrotal	Peso à desmama	-33

Tabela 5. Média, desvio-padrão (DP), valor mínimo e máximo das diferenças esperadas na progênie de todos os animais do pedigree (Total) e somente dos touros com mais de dez filhos (Touros) para as características avaliadas.

Variável ⁽¹⁾		Média	Desvio-padrão	Mínimo	Máximo
PN	Total	0,02	0,25	-1,41	1,85
	Touros	0,03	0,45	-1,40	1,82
P205	Total	0,59	2,82	-17,71	16,70
	Touros	1,06	4,29	-12,03	12,20
P365	Total	0,82	4,48	-29,87	28,97
	Touros	1,47	6,18	-17,23	19,52
P550	Total	0,84	5,01	-29,09	29,32
	Touros	1,84	7,94	-23,70	26,18
PE	Total	0,02	0,22	-2,51	1,87
	Touros	0,04	0,40	-1,71	1,35

⁽¹⁾PN, peso ao nascer; P205, peso à desmama; P365, peso ao ano; P550, peso ao sobreano; e PE, perímetro escrotal ao sobreano.

**Figura 1.** Média dos valores genéticos (VG), por ano de nascimento, das características peso ao nascer (PN), peso à desmama (P205), peso ao ano (P365), peso ao sobreano (P550) e perímetro escrotal ao sobreano (PE) de bovinos da raça Brangus.

A tendência genética estimada no presente trabalho está abaixo das obtidas por Lopes et al. (2009) e Araújo et al. (2010). Os primeiros autores obtiveram, para 37 rebanhos da raça Brangus, estimativas de 0,759 kg por ano para peso à desmama e 0,516 kg por ano para peso ao sobreano. No segundo trabalho, foi descrito ganho genético de 0,221 kg por ano para peso à desmama. As médias dos valores genéticos estimados para as características durante o período de 1995 a 2001 foram irregulares, com picos e quedas durante os anos, o que indica ineficiência do programa de seleção durante o período; entretanto, as médias foram crescentes para peso à desmama, peso ao ano e peso ao sobreano, a partir de 2001. Em 2001, nasceram os primeiros filhos dos animais selecionados dentro do programa iniciado em 1995. Contudo, a estimativa do ganho genético apresentou valor abaixo do esperado, ao se considerar a estimativa de herdabilidade e a variância genética das características analisadas.

Conclusões

1. As características peso ao nascer, peso à desmama, peso ao ano e ao sobreano, e perímetro escrotal ao sobreano são passíveis de seleção quando incluídas em programas de melhoramento genético da raça Brangus.

2. A seleção indireta não é eficiente, com exceção do ganho indireto no peso à desmama quando selecionado o peso ao ano, o que indica que as características devem ser aplicadas com uso de índice de seleção.

3. A tendência genética estimada mostra que a seleção praticada no rebanho, no período de avaliação, não foi de aumento no peso dos animais.

Referências

- ABREU, U.G.P. de; ROSA, A. do N. **Núcleos de seleção em bovinos de corte no Pantanal**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2007. 27p. (Embrapa Pantanal. Documentos, 88).
- ANUALPEC 2011: anuário da pecuária brasileira. São Paulo: Instituto FNP, 2011. 376p.
- ARAÚJO, R.O. de; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; EVERLING, D.M.; LOPES, J.S.; DORNELLES, M.A. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.2398-2408, 2010.
- BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Variance and covariance estimates for maternally influenced beef growth traits. **Journal of Animal Science**, v.4, p.728-734, 1987.
- BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; EVERLING, D.M.; LOPES, J.S. Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendência genética e fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore-Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1323-1328, 2006.
- BOLIGON, A.A.; PEREIRA, R.J.; AYRES, D.R.; ALBUQUERQUE, L.G. Influence of data structure on the estimation of the additive genetic direct and maternal covariance for early growth traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v.145 p.212-218, 2012.
- DAL-FARRA, R.A.; ROSO, V.M.; KILPP, D.V. Fatores de correção do perímetro escrotal para efeitos de idade, peso e heterozigose individual, em touros mestiços Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.2002-2007, 2000.
- DIAS, J.C.; ANDRADE, V.J. de; MARTINS, J.A.M.; EMERICK, L.L.; VALE FILHO, V.R. do. Correlações genéticas e fenotípicas entre características reprodutivas e produtivas de touros da raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.53-59, 2008.
- EVERLING, D.M.; FERREIRA, G.B.B.; RORATO, P.R.N.; ROSO, V.M.; MARION, A.E.; FERNANDES, H.D. Estimativas de herdabilidade e correlação genética para características de crescimento na fase de pré-desmama e medidas de perímetro escrotal ao sobreano em bovinos Angus-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.2002-2008, 2001.
- GUTERRES, L.F.W.; RORATO, P.R.N.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; KIPPERT, C.J.; LOPES, J.S.; SOUZA, P.R.S. de. Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. **Ciência Rural**, v.37, p.809-814, 2007.
- KASS, R.E.; CARLIN, B.P.; GELMAN, A.; NEAL, R.M. Markov chain Monte Carlo in practice: a roundtable discussion. **American Statistician**, v.52, p.93-100, 1998.
- LOPES, J.S.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; DORNELLES, M. de A.; COMIN, J.G.; ARAÚJO, R.O. de. Parâmetros genéticos e tendências genética e fenotípica para características de crescimento em uma população da raça Brangus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.662-669, 2009.
- LUNA-NEVAREZ, P.; BAILEY, D.W.; BAILEY, C.C.; VANLEEUEWEN, D.M.; ENNS, R.M.; SILVER, G.A.; DEATLEY, K.L.; THOMAS, M.G. Growth characteristics, reproductive performance, and evaluation of their associative relationships in Brangus cattle managed in a Chihuahuan Desert production system. **Journal of Animal Science**, v.88, p.1891-1904, 2010.
- MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. **Livestock Production Science**, v.52, p.187-199, 1997.
- MISZTAL, I. **BLUPF90 – a flexible mixed model program in Fortran 90**. Available at: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/blupf90.pdf>>. Accessed on: 10 Sep. 2010.
- MORRIS, C.A.; WILSON, J.A.; BENNETT, G.L.; CULLEN, N.G.; HICKEY, S.M.; HUNTER, J.C. Genetic parameters for growth, puberty, and beef cow reproductive traits in a puberty

selection experiment. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, v.43, p.83-91, 2000.

MOTA, M.D.S. da. Genetic correlations between performance at different racing distances in Thoroughbreds. **Livestock Science**, v.104, p.227-232, 2006.

NESER, F.W.C.; WYK, J.B. van; FAIR, M.D.; LUBOUT, P.; CROOK, B.J. Estimation of genetic parameters for growth traits in Brangus cattle. **South African Journal of Animal Science**, v.42, p.469-473, 2012.

RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A.; NARDON, R.F.; CYRILLO, J.N.S.G.; RUGGIERI, A.C. Efeitos de raça e da seleção para peso

pós-desmame sobre características de confinamento e de carcaça da 15ª progênie dos rebanhos Zebu e Caracu de Sertãozinho (SP). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.115-124, 2001.

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc**. Version 8. Cary: SAS Institute, 2001.

TURNER, J.W. Genetic and biological aspects of zebu adaptability. **Journal of Animal Science**, v.50, p.1201-1205, 1980.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.

Recebido em 27 de fevereiro de 2012 e aprovado em 9 de julho de 2012