

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA (UNESP)  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS  
CAMPUS DE DRACENA**

**Ellen Maria Bittencourt Pereira**

Zootecnista

**ESTIMAÇÃO DA HERDABILIDADE E PREDIÇÃO DE  
VALORES GENÉTICOS PARA A CARACTERÍSTICA  
LONGEVIDADE COMO INDICADOR DE BEM-ESTAR  
ANIMAL**

Dracena

2022

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA (UNESP)  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS  
CAMPUS DE DRACENA**

**Ellen Maria Bittencourt Pereira**

Zootecnista

**ESTIMAÇÃO DA HERDABILIDADE E PREDIÇÃO DE  
VALORES GENÉTICOS PARA A CARACTERÍSTICA  
LONGEVIDADE COMO INDICADOR DE BEM-ESTAR  
ANIMAL**

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado à Faculdade de Ciências  
Agrárias e Tecnológicas – Unesp, Câmpus  
de Dracena como parte das exigências  
para conclusão do curso.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo da Fonseca

Co-orientadora: Ligia Cavani

Dracena

2022

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
"JULIO DE MESQUITA FILHO"  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS  
UNESP – CÂMPUS DE DRACENA

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

Título: **Estimação da herdabilidade e predição de valores genéticos para a característica longevidade como indicador de bem-estar animal.**

Modalidade: Trabalho de atividades de pesquisa;

Autor: Ellen Maria Bittencourt Pereira


Orientador: Prof. Assoc. Ricardo da Fonseca

Co-orientador: Ligia Cavani

Número de Créditos: 15

Data da aprovação e correção de acordo com as sugestões da Banca: 15/12/2022

  
\_\_\_\_\_  
Ricardo da Fonseca

  
\_\_\_\_\_  
Flávia Thomaz Veréchia  
Rodrigues

  
\_\_\_\_\_  
Ricardo Velludo Gomes  
de Soutello

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

Ellen Maria Bittencourt Pereira, nascida em 15 de agosto de 1998, na cidade de São Paulo/SP-Brasil, filha de Eliane Aparecida Bittencourt e Marcos Pereira. Formada em Técnico em Agropecuária. Iniciou os estudos na Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", UNESP/FCAT Dracena-Sp-Brasil em 2018 no curso de Zootecnia. No ano de 2021 iniciou a participação no grupo de estudo LuCCA-Z (Laboratório da Ciência da Computação aplicada à Zootecnia), sendo orientado pelo professor Ricardo da Fonseca. No mesmo ano foi iniciado um projeto intitulado "Estimação da herdabilidade e predição de valores genéticos para a característica longevidade como indicador de bem-estar animal" que em 2022 gerou o Trabalho de Conclusão de Curso.

## DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho aos meus pais e ao Douglas que sempre me apoiaram e me incentivaram aos estudos, eles são as pessoas que mais torcem por mim e são partes essenciais de tudo realizado até o momento.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço imensamente aos meus pais Eliane Aparecida Bittencourt e Marcos Pereira, que sempre esteve ao meu lado, por sempre se esforçar para que eu pudesse ter concluído minha graduação, me apoiando e incentivando não só os estudos, mas tudo na vida. Agradeço imensamente.

Aos meus irmãos, Livia e Marcos, por me fazer sentir a irmã mais velha mais legal do mundo, e por muitas vezes me fazer esquecer das preocupações. Obrigada por serem minha alegria no dia a dia, e por me amarem tanto.

Ao Douglas Felipe Alves Ferreira, por ser meu maior apoiador, nunca deixando eu desistir e sempre me apoiando nas decisões, obrigada por cada palavra de incentivo e apoio depositada em mim, obrigada por tudo que fez e tem feito por mim, pelo companheirismo, força, paciência e por todo amor.

Ao Profº Drº Ricardo da Fonseca, agradeço imensamente pela orientação, empenho, por todo o conhecimento que adquiri, apoio, incentivo e a confiança depositada em mim e por toda paciência.

A Ligia Cavani pela colaboração e pela co-orientação do trabalho de pesquisa.

A todos os integrantes do LuCCA-Z (Laboratório da Ciência da Computação Aplicada à Zootecnia) por toda a colaboração no desenvolvimento dessa pesquisa. Em especial a Fraine, por todo apoio e incentivo, muito obrigada.

A Gabrielle Santinoni, por ser minha parceira desde da época do cursinho, e que por ordem do destino sempre estivemos juntas em todas as fases da graduação, obrigada por me ouvir, me apoiar, e sempre estar ao meu lado.

A Erica Souza, por sempre me dizer “amiga calma, vai dar certo, você consegue”, uma amizade que chegou devagar, e conquistou minha confiança, obrigada por tudo Ubatuba.

Aos amigos que fiz na faculdade, Michele Vello, Vinícius Laerte, por serem minha família dentro da universidade que sempre me ajudaram e me apoiaram. Agradeço por todos momentos juntos na graduação e fora da unidade, vocês foram importantes no meu processo de aprendizagem profissional e pessoal. Obrigada por sempre estarem ao meu lado desde do início da nossa graduação. Torço sempre pelo sucesso de vocês.

Agradeço a Fazenda Novo Mundo, pelo fornecimento do banco de dados de bovinos Nelore linhagem Lemgruber, utilizado neste trabalho.

Aos membros da minha banca examinadora, Prof<sup>a</sup> Associada Flávia Thomaz Veréchia Rodrigues, Prof<sup>o</sup> Dr<sup>o</sup> em Zootecnia Ricardo Velludo Gomes de Soutello.

Por fim sou grata por todos que fizeram parte da minha vida, e por todo processo de graduação, que me incentivaram e me apoiaram, mesmo que muitas vezes emocionalmente.

“A vida é curta, viva. O amor é raro, aproveite. O medo é terrível, enfrente. As lembranças são doces, aprecie.” (Caio Fernando Abreu)



## RESUMO

No Brasil a bovinocultura de corte está entre um dos principais setores de produção rural, e seu desenvolvimento e aperfeiçoamento se tornou um fator crucial para o aprimoramento da produção, o melhoramento genético e o bem-estar estão totalmente ligados a essa evolução. A bovinocultura de corte em sua maioria tem como a principal raça de criação o Nelore, por ter adquirido uma ótima adaptação às características de eficiência reprodutiva e permanência da vaca no rebanho, o que hoje vem ganhando espaço no mercado consumidor e por produtores. Portanto, objetivou-se avaliar a característica longevidade de fêmeas nelores. Os dados são oriundos da linhagem Lemgruber da Fazenda Mundo Novo localizada em Uberaba/MG, foi disponibilizado 44480 dados fenotípicos de 64100 dados de pedigree coletados entre os anos de 1950 e 2020. As análises consistiram em limpeza de dados irrelevantes, na formação dos grupos contemporâneos (GC), foram definidos de acordo com as estações de nascimento dos animais (Águas e secas), e retirada de GC com menos de 10 animais, a recodificação dos dados para estimar a herdabilidade foi feita através do programa BLUPF90, onde obtivemos a variância genética de 0.76 e a variância residual de 1.001 e a partir delas a herdabilidade de 0,43 para característica longevidade. Conclui-se que, dado o alto valor de herdabilidade para a característica longevidade, essa é possível de ser trabalhada dentro de índices de seleção do programa de melhoramento da fazenda Mundo Novo, com possibilidades de apresentar ganhos genéticos significativos.

**Palavras-chave:** Bovinocultura de corte, permanência de vacas, melhoramento genético animal.

## ABSTRACT

In Brazil, beef cattle is one of the main sectors of rural production, and its development and improvement has become a crucial factor for the improvement of production, genetic improvement and well-being are totally linked to this evolution. Most of the beef cattle breed has the Nelore as the main breeding breed, because it has acquired a great adaptation to the characteristics of reproductive efficiency and permanence of the cow in the herd, which today is gaining space in the consumer market and by producers. Therefore, the objective was to evaluate the longevity characteristic of Nelore females. The data come from the Lemgruber lineage of Fazenda Mundo Novo located in Uberaba/MG, 44480 phenotypic data of 64100 pedigree data collected between the years 1950 and 2020 were available. consisted of cleaning irrelevant data, forming contemporary groups (CG), defined according to the animals' birth seasons (Water and dry), and removing GC with less than 10 animals, recoding data to estimate the The heritability was performed using the BLUPF90 program, where we obtained the genetic variance of 0.76 and the residual variance of 1.001 and from them the heritability of 0.43 for the longevity trait. It is concluded that, given the high heritability value for the longevity trait, it is possible to work within the selection indices of the improvement program of the Mundo Novo farm, with possibilities of presenting significant genetic gains.

Keywords: Beef cattle, cow permanence, animal genetic improvement.

## LISTA DE TABELAS

**Tabela 1-** Método de formação de grupos contemporâneos, definidos por meses e estação de nascimento\_\_\_\_\_24

**Tabela 2-** Número de observações totais (N), número de observações codificadas como 0 (N0), número de observações codificadas com 1 (N1) e números de contemporâneos (GC), da característica longevidade\_\_\_\_\_24

**Tabela 3-** Média para a variância genética ( $\sigma_a^2$ ), variância residual ( $\sigma_e^2$ ), e herdabilidade ( $h^2$ ), para característica longevidade\_\_\_\_\_25

## SUMÁRIO

|  |    |
|--|----|
| 1 INTRODUÇÃO .....   | 15 |
| 2 OBJETIVOS .....  | 17 |
| 3 REVISÃO DE LITERATURA .....  | 18 |
| 3.1 Importância do Bem-estar animal na produção animal.....          | 18 |
| 3.2 Melhoramento genético de característica de bem-estar animal..... | 20 |
| 3.3 Tendência genética e estimação de valor genético .....           | 20 |
| 3.4 Longevidade associada ao melhoramento genético .....             | 22 |
| 4 MATERIAL E MÉTODOS.....  | 23 |
| 4.1 Animais e Coleta de Dados Fenotípicos .....                      | 23 |
| 4.2 Controle de Qualidade dos Dados Fenotípicos. ....                | 23 |
| 4.3 Modelo Estatístico .....   | 24 |
| 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....  | 25 |
| 6 CONCLUSÃO.....   | 26 |
| REFERÊNCIAS.....   | 27 |
| ANEXO 1.....   | 32 |

## 1 INTRODUÇÃO

Entre os setores produtivos do Brasil, o agronegócio se destaca devido à sua constante contribuição para a economia do país. De acordo com a Confederação de Agricultura e Pecuária do Brasil (CNA, 2021), em 2020, o Brasil ocupa nos rankings mundiais o segundo lugar como maior produtor e primeiro lugar como maior exportador de carne bovina, resultando em um valor bruto de produção da pecuária de corte de R\$ 192,6 bilhões de reais em 2020.

Na busca por produtividade, qualidade, sustentabilidade e bem-estar animal, somando os bens e serviços, a bovinocultura representou cerca de 27% do PIB nacional. Os dados reportados pela BEEF REPORT 2021 nos mostram que possivelmente o Brasil é o único país entre os produtores mundiais que tem nitidamente potencial de crescimento do rebanho bovino e condições de aumentar a quantidade de cabeças abatidas e seu índice de desfrute médio, pois somente na pecuária o valor bruto de produção chegou a R\$602,3 bilhões de reais.

Se o Brasil, pretende manter os seus altos níveis de produtividade e competitividade atuais, deve também se adequar aos valores e consciência da população de consumidores, a qual, em anos recentes, tem valorizado, sobremaneira, a adequação dos sistemas de produção para garantir o bem-estar aos animais.

Nos sistemas de produção, a característica bem-estar pode ser trabalhada por meio de melhorias no ambiente e também da genética das populações. O bem-estar é uma característica multifatorial e complexa (BRITO *et al.*, 2020) e portanto, apresentando grandes desafios às práticas de rotina dos programas de melhoramento genético animal. Fenótipos para características de saúde, comportamentais, fisiológicas e emocionais precisam ser coletados e trabalhados em conjunto para uma definição mais precisa da condição de bem-estar dos indivíduos. Entretanto, para grande parte dessas características, os fenótipos ainda não estão disponíveis, por serem difíceis e caros de serem medidos.

Sendo assim, a alternativa é trabalhar com características que já são registradas normalmente nos sistemas de produção e utilizá-las como características indicadoras de bem-estar, até que as características mais diretamente relacionadas ao bem-estar passem a ser coletadas por processos automatizados. Portanto, é importante que essas características sejam avaliadas quanto a sua qualidade na indicação da condição de bem-estar dos indivíduos.

O melhoramento genético pode contribuir para a questão do bem-estar por meio da seleção e acasalamentos estratégicos para a produção de animais mais resilientes, ou seja, que se mantêm produtivos mesmo sob condições adversas e desafiadoras. A condição de resiliência é, em parte, determinada geneticamente e pode ser explorada pelo melhoramento genético para auxiliar na adequação dos sistemas produtivos aos valores atuais dos consumidores.

Uma característica importante para a eficiência reprodutiva dos sistemas de produção, mas que também pode ser utilizada como indicador de bem-estar é a longevidade. Essa característica tem sido utilizada como critério de seleção nos programas de melhoramento genético, buscando a seleção de fêmeas e machos cujas filhas se mantenham com regularidade na produção de bezerros por vários anos. Se o indivíduo consegue se manter no rebanho por mais tempo produzindo bem, então é provável que esteja sob condições de bem-estar. Portanto, a seleção e acasalamentos visando a melhoria da longevidade devem também ter efeito, de forma correlacionada, em genes que determinam outros sistemas fisiológicos, comportamentais e emocionais, mantendo o indivíduo sob condição de bem-estar e com boa produção.

## **2 OBJETIVOS**

Estimar herdabilidade para a característica longevidade em uma população de bovinos de corte.

### 3 REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1 Importância do Bem-estar na produção animal

O aumento da demanda por proteínas de origem animal, incentivaram as cadeias produtivas de carne a adotarem sistemas intensivos resultando em aumento da produtividade e redução do espaço utilizado (VANHONACKER *et al.*, 2009). Contudo, aumentaram a preocupação das pessoas com a qualidade dos produtos, bem como o ambiente e o tratamento fornecido aos animais. A reação dos consumidores mudou com relação aos produtores rurais na sociedade e de seus produtos. De acordo com Reganold *et al.* (2011) a tendência é que a sociedade implique aos produtores rurais, metas por maiores responsabilidades ambientais e sociais, principalmente relacionadas ao bem-estar animal.

O bem-estar animal é um tema considerado complexo e multifacetado, que envolve dimensões científicas, éticas, econômicas, culturais, sociais, religiosas e políticas (OIE, 2015). O termo bem-estar é definido como o estado de um indivíduo em relação às suas tentativas de se adaptar ao meio em que vive (BROOM, 1986). De acordo com a OIE (2013), o bem-estar animal é como um animal responde às condições em que vive, considerando um alto grau de bem-estar quando está nutrido, saudável, confortável, seguro, capaz de expressar seu comportamento natural e não sentir dor, medo e angústia. Outra definição segundo Hurnik (1992), a qual o bem-estar animal é o estado de harmonia entre o animal e seu ambiente, caracterizado por condições físicas e fisiológicas ótimas e alta qualidade de vida do animal.

De acordo com Farias (2012) e Leal (2007), em 1979 foi criado o Conselho de Bem-estar dos Animais de Produção, onde foi criado as " Cinco Liberdades ", as quais os animais devem ter:

- Livres de fome, sede e desnutrição: os animais devem ter acesso a água limpa e alimentação de boa qualidade para o auxílio de sua condição física.
- Livres de desconforto: os animais devem ser acondicionados à ambientes que sejam apropriados e confortáveis;
- Livres de dor, injúria e doenças: os animais devem possuir disponibilidade de prevenção, de diagnóstico e de tratamento;



- Livres para expressarem comportamento natural: os animais devem ter socialização interespecífica e intraespecífica.
- Livres de medo e estresse negativo: devem ser minimizadas situações de estresse e condições devem ser disponibilizadas para tratamento de saúde mental dos animais.

O bem-estar animal é um assunto que hoje possui grande importância dentro de atividades que envolvem animais de produção. A preocupação do produtor é produzir de forma ética, respeitando o bem-estar dos animais. Sua definição está diretamente ligada à qualidade de vida em que o animal se encontra, levando em consideração a saúde, felicidade e a longevidade (MARTINS E PIERUZZI, 2012).

As tentativas de o animal tentar se adaptar a um ambiente desafiador resultam em alto custo biológico e riscos de comprometer os índices reprodutivos (BRAGA *et al.*, 2018). Segundo Braga 2018, as análises econômicas que envolvem a lucratividade, são de interesse nos sistemas produtivos, portanto, as possibilidades de conflitos entre os sistemas produtivos e a adaptação podem ser minimizados pelos benefícios provindos da melhoria no bem-estar dos animais, como exemplo redução da mortalidade e aumento da longevidade do rebanho, melhorias a saúde com resistência a doenças, menor uso de medicamentos, menor estresse.

Estudos têm demonstrado o impacto positivo da adoção de boas práticas de manejo no bem-estar e desempenho produtivo em bovinos de corte e leiteiros. A avaliação dos efeitos das boas práticas de manejo sobre o bem-estar de animais de produção não é simples de ser feita, devido à multidimensionalidade (FRASER, 1995). Tem sido recomendado o uso simultâneo de vários indicadores para que se tenha uma avaliação mais segura do estado de bem-estar de um dado animal em um dado momento (SORENSEN *et al.*, 2001, MARCHANT-FORDE *et al.*, 2003). A falta de cuidado e as falhas no manejo são ainda muito comuns na criação, resultando em comprometimento do bem-estar desses animais (WINDEYER *et al.*, 2014) e no aumento das taxas de morbidade e de mortalidade (ORTIZ-PELAEZO *et al.*, 2008) que implicam em perdas econômicas para todo setor (MEYER *et al.*, 2001, OSTERAS *et al.*, 2007, MEE *et al.*, 2008).

De acordo com OLIVEIRA, (2013) a eficiência reprodutiva pode ser um indicador do estado de saúde e bem-estar animal. O manejo inadequado e tratamento agressivo no curral podem gerar períodos de completa inatividade sexual ou intervalo pós-parto prolongado, baixas taxas de concepção, altas taxas de aborto e entre outros problemas.

### **3.2 Melhoramento Genético de características de bem-estar animal**

Os sistemas de produção animal apresentam maiores benefícios quando ocorre a utilização do melhoramento genético dos objetivos específicos e das condições de bem-estar e qualidade de carne, uma vez que estes não são analisados isoladamente, por isso necessita-se a realização de pesquisas multidisciplinares (MELO, 2018). A seleção genética para melhorar o bem-estar animal tem sido estudada e implementada em espécies pecuárias nas últimas décadas (RODENBURG E TURNER,2012; CANARIO *et al.*,2013).

O melhoramento animal, apesar de ter a fundamentação teórica desenvolvida há anos, tem atualmente, recebido grandes contribuições, conseqüentemente ocorre a necessidade de melhoria genética imposta pelo mercado, as principais responsáveis tanto pela expansão quanto pelos progressos genéticos que têm sido observados nas mais diferentes espécies de animais domésticos explorados comercialmente. (EUCLIDES, 1999).

Dentro da área de produção animal existem diversos fatores que influenciam o nível de bem-estar dos animais. Sendo que alguns causam um impacto direto no seu cotidiano, alterando seu bem-estar de longo e de curto prazo, podendo ser afetado por: Clima, Exposição ao perigo, Misturas de lote, Mudanças na rotina, entre outros. (DEL CAMPO *et al.* 2016). Quando existe uma utilização de métodos benéficos de bem-estar e aplicação de melhoramentos, garante-se um produto de melhor qualidade. (MELO, 2018).

### **3.3 Tendência genética e estimação de valor genético**

A produção bovina no Brasil vem crescendo gradualmente, fazendo com que sempre haja um processo de modernização, necessário para atender o aumento das demandas do mercado. Para o sucesso em um programa de melhoramento genético, é necessário maximizar a produção, onde serão

apuradas as características genéticas que apresentam uma vasta diversidade (GONÇALVES *et al.*, 2011).

Esse acompanhamento é realizado por meio dos parâmetros genéticos e de estimativas de mudança genética, essenciais para estabelecer as diretrizes que regem o melhoramento genético, esse progresso genético é avaliado ao longo do tempo, e os resultados servem como uma orientação para planos futuros (EUCLIDES; SILVA; FIGUEIREDO, 1997). Por meio da tendência genética permite-se a avaliação da mudança ocasionada pelo processo de seleção para determinada característica ao decorrer dos anos (HOLANDA *et al.*, 2004). Sendo assim, o melhor método para se observar o progresso genético (EUCLIDES; SILVA; FIGUEIREDO, 1997).

A tendência genética é composta por recursos estatísticos, onde são quantificados os efeitos e variações da seleção genética no melhoramento de cada característica a ser trabalhada, resultados vindos do valor genético médio dos reprodutores (PEREIRA, 2004). São utilizados diversos métodos para mensurar a resposta à seleção, como por exemplo: touros usados repetidamente em anos consecutivos; uso de observações repetidas em anos consecutivos da mesma raça; regressão linear das médias anuais das DEP's (diferenças esperadas na progênie) em relação ao ano de nascimento do animal (PEREIRA, 2004).

Qualquer característica, como peso, medidas corporais, medidas de fertilidade, cor de pelagem, são chamadas de fenótipos, mensuradas pelo genótipo (constituição genética) e pelo ambiente (clima, alimentação, saúde) (EUCLIDES, 1999).

A estimação genética para a característica permanência das fêmeas retrata uma oportunidade de reduzir custos e aumentar a seleção de animais para reprodução e produtividade persistentes. Características produtivas são de importância para permanência funcional da fêmea. Portanto, existem evidências de experimentos de seleção, destacando o antagonismo entre maturidade e longevidade (ESSL, 1982,1993, 1998; SOLKNER, 1989; STRANDBERG, 1992). A potencialização da longevidade gera melhoria dos lucros com a diminuição das taxas de descartes involuntários, possibilitando ao produtor realizar maior taxa de descarte voluntário, aumentando o ganho genético (VAN ARENDONK, 1986). Portanto, o declínio dos custos de reposição e o aumento do número de

vacas no rebanho, no ápice de produção, também geram maior rentabilidade (BOLDMAN *et al.*, 1992; ALLAIRE & GIBSON, 1992).

### **3.4 Longevidade associada ao melhoramento genético**

A habilidade de permanência é definida como a probabilidade de a fêmea estar presente no rebanho a uma idade específica, considerando que teve a possibilidade de alcançar esta idade (HUDSON & VAN VLEK, 1981).

Essa característica é de grande importância em gado de corte, pois tem relação com medidas reprodutivas o que vem ganhando atenção de produtores e pesquisadores. A inclusão desta característica tem sido utilizada como critério de seleção nos programas de melhoramento genético, permitindo a seleção de fêmeas que produzem filhas com maior probabilidade de permanecerem produtivas por um período mais longo contribuindo para um aumento da fertilidade do rebanho (SILVA *et al.*, 2003). A falha reprodutiva é a principal causa de descarte de fêmeas de corte, portanto, a lucratividade pode aumentar com melhoria na longevidade produtiva, diminuindo o descarte involuntário, reduzindo o custo anual com fêmeas para reposição e aumentando o rebanho produtivo (NEVES; CARVALHEIRO; QUEIROZ; 2012).

A permanência tem grande impacto econômico nos sistemas de produção, uma vez que concilia eficiência produtiva e longevidade da fêmea (MWANSA, CREWS, WILTON & KEMP, 2002). A medida de permanência mais comum normalmente é definida como uma característica binária, atribuindo como sucesso a vaca que teve três (ou mais) partos até 76 meses de idade (SCHMIDT *et al.*, 2018; SILVA e outros, 2017). Segundo Silva *et al.* (2003), a utilização da habilidade de permanência como critério de seleção de fêmeas que entraram em reprodução acarretaria ao aumento no tempo médio de permanência no rebanho e diminuiria o número de novilhas para reposição.

A herdabilidade desta característica no rebanho é de média a baixa magnitude (SILVA *et al.*, 2003, MARCONDES *et al.*, 2005, NIETO *et al.*, 2007). Segundo Silva *et al.* (2003), a utilização da habilidade de permanência como critério de seleção de fêmeas que entraram em reprodução acarretaria ao aumento no tempo médio de permanência no rebanho e diminuiria o número de novilhas para reposição.

Santana *et al.* (2013) atribuíram herdabilidade de 0,25 para habilidade de permanência e correlação alta (0,99) com a característica de produtividade anual em bovinos Nelore no Brasil. Valores de herdabilidade de 0,25, 0,22, e 0,28 para habilidade de permanência aos 5, 6 e 7 anos, foram estimados por Van Melis *et al.* (2007) para a mesma raça. Autores estimaram a mudança genética anual (1996 a 2010) que foi de 0,60, e concluíram que a seleção para essa característica tem sido eficaz. Silva *et al.* (2003), obtiveram herdabilidade de 0,21 para habilidade de permanência de vacas da raça Nelore com a probabilidade de parir, até a idade de 6 anos ou mais, desde que ela tenha tido uma parição anterior. Eler *et al.* (2014) reportaram herdabilidade de 0,19 e alta correlação com produtividade anual da vaca (0,94).

## **4 MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1 Animais e coleta de dados fenotípicos**

Os dados fenotípicos, foram provenientes de 44480 animais, sendo eles, 20567 machos, 23900 fêmeas, da fazenda Mundo Novo, localizada em Minas Gerais, entre os anos de 1950 e 2020. A pastagem utilizada foi *Urochloa brizantha ssp.* e suplementados com mistura mineral à vontade o ano todo. As informações referentes a cada animal consistiram de: pai, mãe, ano de nascimento e sexo.

### **4.2 Controle de Qualidade dos dados Fenotípicos**

Para a característica longevidade o valor 1 foi atribuído para as fêmeas que atingiram a idade de 6 anos com no mínimo 3 partos, e o valor 0 para as fêmeas que chegaram a essa idade com menos de 3 partos ou que foram descartadas.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos a partir de combinação de ano de nascimento e época de nascimento da matriz (seca ou água). GC com menos de 10 animais foram eliminados, assim como os GC sem variabilidade para a característica habilidade de permanência, ou seja, aqueles em que todos os animais apresentavam a mesma categoria de resposta (0 ou 1).

**Tabela 1.** Método de formação de grupos contemporâneos, definidos por meses e estação de nascimento.

| Meses                   | Estação |
|-------------------------|---------|
| Out,Nov,Dez,Jan,Fev,Mar | Água    |
| Abr,Mai,Jun,Jul,Ago,Set | Seca    |

As consistências dos dados assim como os testes de significância dos efeitos de ambiente para formação dos grupos de contemporâneos foram realizadas com o auxílio do software R. Foram retirados animais com dados de grupos contemporâneos perdidos.

O resumo descritivo dos dados está apresentado na tabela 2

**Tabela 2.** Número de observações totais (N), número de observações codificadas como 0 (N0), número de observações codificadas com 1 (N1) e números de contemporâneos (GC), da característica longevidade.

| Característica | N      | N0     | N1     | GC |
|----------------|--------|--------|--------|----|
| Longevidade    | 37.103 | 15.029 | 22.074 | 81 |

Os componentes de (co)variância foram estimados utilizando os programas GIBBSF90, da família BLUPF90 (MIZTAL *et al.*, 2002). Na implementação da amostragem de Gibbs para análises uni características foram utilizadas três cadeias de 300.000 interações para a característica com distintos valores iniciais de componentes de variância considerando herdabilidades de 0,10, 0,40 e 0,80. As análises de convergência foram realizadas utilizando diagnósticos de gráficos como abordagem empírica, teste de estacionalidade de Brooks, Gelman e Rubin (GELMAN; RUBIN, 1992) e Geweke (1992), e teste de convergência de médias de Heldelberger e Welch (HELDELBERGER, WELCH, 2006) utilizando o pacote coda (PLUMMER *et al.*, 2006) do software R.

### 4.3 Modelo estatístico

Para análise dos dados, os programas utilizados foram Blupf90 e postGSf90. Para a obtenção da estimativa de herdabilidade e valores genético aditivos, o modelo utilizado foi:

$$y = Xb + Za + e$$

onde,

- $y$ : vetor de observações;
- $b$ : vetor dos efeitos de ambiente identificável;
- $a$  : vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal;
- $e$ : vetor de efeitos aleatórios residuais;
- $X, Z$ , matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos de ambiente identificável e aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e permanente do meio, respectivamente.

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da estimativa de herdabilidade da característica longevidade foi de 0,43 (tabela 3), sendo um valor de magnitude relativamente alta.

**Tabela 3.** Média para a variância genética ( $\sigma^2_a$ ), variância residual ( $\sigma^2_e$ ), e herdabilidade ( $h^2$ ), para característica longevidade.

| Característica | $\sigma^2_a$ | $\sigma^2_e$ | $h^2$ |
|----------------|--------------|--------------|-------|
| Longevidade    | 0.76         | 1.001        | 0.43  |

Trabalhos no Brasil com fêmeas de várias raças bovinas de corte, principalmente nelore, reportam estimativas baixas de herdabilidade para características reprodutivas. Segundo Santana *et al.* (2013) atribuíram herdabilidade de 0,25; De acordo com Van Melis *et al.* (2007) obteve herdabilidade de 0,28; Silva *et al.* (2003), obtiveram herdabilidade de 0,21. Os autores estimaram a mudança genética anual para longevidade (1996 a 2010) que foi de 0,60, e concluíram que

a seleção para essa característica tem sido eficaz. (SANTANA *et al.*,2013; VAN MELIS *et al.*, 2007).

Para a população considerada no trabalho, a herdabilidade mais alta para a característica longevidade, fornece uma perspectiva de consideráveis ganhos genéticos pelo processo de seleção, devido à importância econômica desta característica grandes impactos econômicos seriam alcançados mesmo com modestas alterações nos valores genéticos.

A alta herdabilidade apresentada no trabalho, deve ser uma particularidade da população utilizada. A linhagem Nelore Lemgruber vem sendo selecionada há muitos anos com foco em animais adaptados a ambientes com criação a pasto; fertilidade atingindo a precocidade e longevidade; aptidão econômica por meio de ganho de peso, conformação e terminação da carcaça; temperamento; tolerância a parasitas. A estratégia de seleção particular para essa população e controle ambiental promovido na fazenda deve ter sido evidenciado no resultado. Outros fatores que podem ter contribuído para as diferenças encontradas em relação aos outros trabalhos da literatura são o modelo utilizado e a análise uni-característica realizada.

## **6 CONCLUSÃO**

Conclui-se que, dado o alto valor de herdabilidade para a característica longevidade, essa é possível de ser trabalhada dentro de índices de seleção do programa de melhoramento da fazenda Mundo Novo, com possibilidades de apresentar ganhos genéticos significativos.

Assumindo que fêmeas mais longevas têm essa característica por estarem em uma situação de bem-estar, a seleção para longevidade pode estar contribuindo indiretamente para o bem-estar das fêmeas da população.



## REFERÊNCIAS

- ABIEC. **Abiec**. Beef Report 2021. [S.l.]. Abiec, 2021. Disponível em: <http://abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2021/>. Acesso em: 24 mai. 2022.
- ALLAIRE, F.R.; GIBSON, J.P. **Genetic value of herd life adjusted for milk production**. Journal of Dairy Science, v.75, n.5, p.1349-1356, 1992.
- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E.; HARRIS, B.L. et al. **Prediction of sire transmitting abilities for linear type traits**. Journal of Dairy Science, v.75, n.2, p. 552-563, 1992.
- BOLIGON, A. A.; ALBULQUERQUE, L.G. **Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, DF, v. 45, n. 12, p. 1412- 1418, 2010.
- BRAGA, Janaina da Silva *et al.* **O modelo dos “Cinco Domínios” do bem-estar animal aplicado em sistemas intensivos de produção de bovinos, suínos e aves**. *Zoociências*, Revista Brasileira de Zoociências, ed. 19, ano 2018, p. 204-226, 7 jun.
- BRITO, Luiz. Et al. **Fenotipagem em larga escala do bem-estar animal em sistemas de produção comercial: Uma nova fronteira na criação animal. Fronteira em Genética**. P.793,2020
- BROOM, D.M. **Indicators of poor welfare**. 1986. The British Veterinary Journal 142 (6): 524-526.
- BUZANSKAS, M. E.; GROSSI, D. A.; BALDI, F.; BARROZO, D.; SILVA, L. O. C.; TORRES JUNIOR, R. A. A.; MUNARI, D. P.; ALENCAR, M. M. **Genetic associations between stayability and reproductive and growth traits in Canchim beef cattle**. *Livestock Science*, Amsterdam, v. 132, p. 107-112, 2010.
- CAETANO, S. L.; SAVEGNAGO, R. P.; BOLIGON, A. A.; RAMOS, S. B.; CHUD, T. C. S.; LOBO, R. B.; MUNARI, D. P. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. *Livestock Science*, Amsterdam, v. 155, p. 1- 7, 2013.
- CANARIO, L., MIGNON-GRASTEAU, S., DUPONT-NIVET, M., e PHOCAS, F. (2013). **Genética da adaptação**
- CNA BRASIL. **CNA Brasil**. Panorama do Agro. [S.l.]. CNA, 2021. Disponível em: <https://www.cnabrasil.org.br/cna/panorama-do-agro> . Acesso em: 24 mai. 2022.
- DEL CAMPO, M.2008.**EI Bienestar Animal y La Calidad de Carne de Novillos em Uruguay com Diferentes Sistemas de Terminación y Manejo Previo a LA FAENA**. Tese de doutorado. Universitat Politècnica de València, Valencia

ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S.; SANTANA JR, M. L. **Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. Theriogenology**, Philadelphia, v. 82, p. 708-714, 2014.

ESSL, A. **Estimation of population parameters for herd life, days open and 1 st, 2nd and 3 rd lactation milk yield.** Unpublished (results presented in Egger- Danner, 1993) 1993.

ESSL, A. **Longevity in dairy cattle breeding: a review.** Livestock Production Science, v.57, p.79-89, 1998.

ESSL, A. **Untersuchungen zur Problematik einer auf hobre lebensleistung ausgerichteteten zucht bei Milchkühen. Züchtungshisnde**, v.54, n.1, p.267-275, 1982.

EUCLIDES FILHO, KEPLER. Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância. **Embrapa Gado de Corte-Documentos (INFOTECA-E)**, 1999.

EUCLIDES, F. K.; SILVA, L. O. C.; FIGUEIREDO, G. R. **TENDÊNCIAS GENÉTICAS NA RAÇA GUZERA.** REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, V. 34, P. 173, 1997.

FARIAS, W. N. da. **Bem-estar animal na suinocultura.** Revista Campo, n. 203, p. 38, 2012.

FRASER, D. 1995. Science, **values and animal welfare: exploring the 'inextricable connection'**. Anim. Welfare 4 :103–117.

GELMAN, A.; RUBIN, D. B. **Inference from iterative simulation using multiple sequences. Statistical Science**, Hayward, v. 35, p. 1239-1335, 2006.

GOLÇALVES, F.M., PIRES, A.V., PEREIRA, I.G., GARCIA, D.A., FARAH, M.M., MEIRA, C.T., CRUS, V.A.R. **AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA PESO CORPORAL EM UM REBANHO NELORE.** ARQUIVO BRASILEIRO DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA, V. 63, P. 158-164, 2011.

HELDELBERGER, P.; WELCH, P. **Simulation run lenght control in the presence of an initial transient.** Operations Research, Catonsville, v. 31, p. 1109-1144, 1983.

HUDSON, G.F.S.; VAN VLECKVaN, L.D. **Relations between production and stayability in Holstein cattle. Journal of Dairy Science**, v.64, p.2246-2250, 1981.

HURNIK, J. F. Behaviour (Chapter 13). In: PHILLIPS, C.; PIGGINS, D. (Eds.). **Farm animals and the environment.** Wallingford: CAB International, 1992. pp. 235-244.

LEAL, B. B. **Avaliação do bem-estar dos equinos de cavalaria da Polícia Militar de Minas Gerais: indicadores etológicos, endocrinológicos e incidência de cólicas.** 2007. 121f. Dissertação (Mestrado em Medicina

Veterinária Clínica e Cirurgia de Grandes Animais) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2007.

MARCHANT-FORDE, J. N., BRADSHAW, R. H., MARCHANT-FORDE, R. M., BROOM, D. M. 2003. **A note on the effect of gestation housing environment on approach test measures in gilts.** *App. Anim. Behav.*, 80: 287-296.

MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. **Estudo de definição alternativa da probabilidade de permanência no rebanho para a raça Nelore.** *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, p.1563-1567, 2005

MARTINEZ, G. E.; KOCH, R. M.; CUNDIFF, L. V.; GREGORY, K. E.; VLECK, L. D. van. **Genetic parameters for six measures of length of productive life and three measures of lifetime production by 6 yr after first calving for Hereford cows.** *Journal of Animal Science*, Champaign, v. 82, p. 1912-1918, 2004

MARTINS, Maria de Fatima e PIERUZZI, PAULA A.P. **Bem estar animal na bovinocultura leiteira. Novos desafios da pesquisa em nutrição e produção animal.** Tradução . Pirassununga: 5D, 2012. . . Acesso em: 12 jul. 2022.

Mee, J.F., BERRY, D.P. and Cromie, A.R. 2008. **Prevalence of, and risk factors associated with, perinatal calf mortality in pasture-based Holstein-Friesian cows.** *Animal* 2: 613–620.

MELLO, S. P.; ALENCAR, M. M.; SANTOS, D. C. C.; TORAL, F. L. B. **Análise genética de características de fertilidade, de crescimento e de produtividade em vacas da raça Canchim.** *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, Belo Horizonte, v. 66, n. 2, p. 555-562, 2014.

MELO, Fabyane Alves. **Bem-estar animal: influencia na produção de bovinos de corte. 2018.**

Meyer, C.L., BERGER, P.J., KOEHLER, K.J., THOMPSON, J.R. and Sattler, C.G. 2001 **Phenotypic trends in incidence of stillbirth for Holsteins in the United States.** *J. Dairy Sci.* 84:515-523.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D. H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: **WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 7, 2002, Montpellier. Proceeding of the... Montpellier, 2002. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=28-07.pdf>>. Acesso em: 17 jul

MWANSA, PB, CREWS, DH, WILTON, JW, & KEMP, RA (2002). **Seleção múltipla de características para produtividade materna em bovinos de corte.** *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 119(6), 391–399. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2002.00363.x>

NEVES, H. H. R.; CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A. **Genetic parameters for an alternative criterion to improve productive longevity of Nelore cows.** Journal of Animal Science, Champaign, v. 90, p. 4209-4216, 2012.

NIETO, L.M.; SILVA, L.O.C. da; MARCONDES, C.R.; ROSA, A.N.; MARTINS, E.N.; TORRES JÚNIOR, R.A.A. (2007). **Herdabilidade da habilidade de permanência no rebanho em fêmeas de bovinos da raça Canchim.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.42, n.10, p.1407-1411, 2007

OIE (World Organization for Animal Health). 2013. **Terrestrial Animal Health Code.** Disponível em: [http://www.oie.int/index.php?id=169&htmfile=chapitre\\_aw\\_introduction.htm](http://www.oie.int/index.php?id=169&htmfile=chapitre_aw_introduction.htm). Acesso em: 27 jun. 2022.

OIE. In: **Código sanitário** para los animales terrestres. [S. l.], 2015. Disponível em: <http://www.oie.int/es/nor-internacionales/codigoterrestre/>. Acesso em: 27 jun. 2022.

OLIVEIRA, M. E. F. **Bem-estar no manejo reprodutivo.** 2013. Disponível em: Acesso em: 16 jul 2022.

ØSTERÅS, O. *et al.* Perinatal deaths in production animals in the Nordic countries: incidence and costs. **Acta Vet. Scand.**, [S.l.], v.49, n.14, 2007. PEREIRA, JONAS CARLOS CAMPOS. MELHORAMENTO GENÉTICO APLICADO À PRODUÇÃO ANIMAL. 4. ED. BELO HORIZONTE: FEPMVZ EDITORA, 2004.

PLUMMER, M.; BEST, N.; COWLES, K.; VINES, K. **Coda: Convergence diagnosis and output analysis for mcmc.** R News, v. 6, n. 1, p.7-11, 2006.

SANTANA JÚNIOR, M. L.; ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S. **Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: A parallel between Nelore and composite beef cattle.** Journal of Animal Science, CHAMPAIGN, v. 91, p. 2566-2574, 2013.

SCHMIDT, PI, CAMPOS, GS, LÔBO, RB, SOUZA, FRP, BRAUNER, CC, & BOLIGON, AA (2018). **Análise genética da idade ao primeiro parto, produtividade acumulada, permanência e peso maduro de fêmeas Nelore.** Theriogenology, 108, 81-87. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenologia.2017.11.035>

SILVA, DO, SANTANA, ML, AYRES, DR, MENEZES, GRO, SILVA, LOC., Nobre, RPC, & Pereira, RJ (2017). **Parâmetros genéticos para permanência a partos consecutivos em bovinos zebuínos.** Animal, 12(09), 1807-1814. <https://doi.org/10.1017/s1751731117003457>

SILVA, J. A.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, H. N. **Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore.** Revista Brasileira de Zootecnia, Viçosa, v. 32, n. 3, p. 598-604, 2003

SÖLKNER, J. **Genetic relationships between level of production in different lactations, rate of maturity and longevity in a dual purpose cattle population.** *Livestock Production Science*, v.23, p.33-45, 1989.

SORENSEN, J.T, SANDOE, P, HALBERG, N. 2001. **Animal welfare as one among several values to be considered at farm level: the idea of an ethical account for livestock farming.** *Acta Agric. Scand., Sect. A, Anim. Sci., Suppl.* 30: 11–18

STRANDBERG, E. **Lifetime performance in dairy cattle.** *Acta Agriculturae Scandinavica*, v.42, p.71-81, 1992.

VAN ARENDONK, J.A.M. **Economic importance and possibilities for improvement of dairy cow herd life.** In: WORLD CONGRESS OF GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 3., 1986, Lincoln. Proceedings... Lincoln: IX Breeding Programs for Dairy and Beef Cattle, Water Buffalo. Sheep and Goats, 1986. p.95-100.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; ROSA, G. J. M.; FERRAZ, J. B. S.; FGUEIREDO, L. G. G.; MATOS, E. C.; OLIVEIRA, H. N. **Additive genetic relationships between scrotal circumference, heifer pregnancy, and stayability in Nelore cattle.** *Journal of Animal Science*, Champaign, v. 88, p. 3809-3813, 2010.

VANHONACKER, F.; VERBEKE, W.; VANPOUCKE, E.; BUIJS, S. & TUYTTENS, F.A.M. 2009. **Societal concern related to stocking density, pen size and group size in farm animal production.** *Livestock Science* 123 (1): 16-22.

YOKOO, M. J.; MAGNABOSCO, C. U.; ROSA, G. J. M.; LOBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. **Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore.** *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, Belo Horizonte, v. 64, n. 1, p. 91-100, 2012.

## ANEXOS

### Anexo 1

#### Script do Software R- Manipulação de Dados

```

#substituir data#
MN$datanas<-as.Date(MN$datanas,format = c("%d/%m/%Y"))

#Grupos Contemporâneos#
#adicionar coluna#
MN<-data.frame(MN,ano=NA)
MN<-data.frame(MN,estacao=NA)

#colocar somente o ano e mês na coluna#
MN$ano<-format(MN$datanas,"%Y")
MN$estacao<-format(MN$datanas,"%m")

MN<-data.frame(MN,mes=dadosM)
dm<-data.frame(MN,mes=dadosM)

dm$mesa<-as.numeric(dm$mes)

MN$estacao<-ifelse(dm$mesa>=4&dm$mesa<=9,"seca","aguas")

# Coluna do Grupo Contemporâneo#
MN$GC<-paste(MN$ano,MN$estacao,sep = "")

#Frequência dos GC##
tgc<-table(MN$GC)
names(tgc)
##Soma##
sum(tgc)
sum(tgc[tgc<10])
###Limpendo##
t<-tgc[tgc>10]
sel<-MN$GC%in%names(t)
MN<-MN[sel,]

#Encontrando NA#
sc<-MN[is.na(MN$idf),]
# juntando os NA e colocando nomes
ind<-row.names(sc)
for(g in 1:nrow(sc)){sc$idf[g]<-paste("individuo",g,sep = "")}
MN[ind,]<-sc

```

```

#substituindo ids por cod#
#mundoN#
k<-match(fenotipico1$idf,ped2$idf)
fenotipico1$idf<-ped2$cod[k]

k<-match(fenotipico1$idfpai,ped2$idf)
fenotipico1$idfpai<-ped2$cod[k]

k<-match(fenotipico1$idfmae,ped2$idf)
fenotipico1$idfmae<-ped2$cod[k]

#selecionando grupos de contemporâneos#
grupo<-table(fenotipico1$GC)

#selecionar os grupos que interessa#
grupo<-grupo[grupo>=10]

#retirando as linhas que possuem os grupos contemporâneos que não vou
utilizar#
fenotnovo<-fenotgc[fenotgc$GC!='1978seca',]
fenotnovo<-fenotnovo[fenotnovo$GC!='1979aguas',]
fenotnovo<-fenotnovo[fenotnovo$GC!='1979seca',]
fenotnovo<-fenotnovo[fenotnovo$GC!='1980aguas',]
fenotnovo<-fenotnovo[fenotnovo$GC!='1980seca',]

###Calcular a coluna de Longevidade###

#Selecionar fêmeas#
#long <- Mundo_Novo[Mundo_Novo$sexo == "F", ]
long<-Mundo_Novo

#Adicionar colunas na tabela#
long<-data.frame(long,stay=NA)
long<-data.frame(long,ldade=NA)

#Selecionar apenas as colunas que interessa#
long1<-data.frame
(idf=long$idf,idfpai=long$idfpai,idfmae=long$idfmae,datanas=long$datanas,sex
o=long$sexo,idamae_par=long$idamae_par,stay=long$stay,ldade=long$ldade)

#transformar os meses em dias#
long1$idamae_par<-long1$idamae_par*12

#Transformar a data correta#

```

```

long1$datanas<-as.Date(long1$datanas,format = "%d/%m/%Y")

##ordem de parto##
orparto<- split(long1,long1$idfmae)

novo<-lapply(orparto,eop)

#Retirar o split#
longnovo<-unsplit(novo,long1$idfmae)

#referência utilizar o idfmãe#
longnovo1<-longnovo1[longnovo$idfmae%in%longnovo$idf, ]

###função utilizada para calcular longevidade###
eop<-function(dfe){
  dfe<-dfe[order(dfe$datanas,decreasing = FALSE), ]
  dfe$op<-1:nrow(dfe)
  dfe$idade<-dfe$idamae_par[nrow(dfe)]
  dfe$stay<-ifelse(dfe$idade>=2180&dfe$op>=3,1,0)
  return(dfe)
}

###PEDIGREE###
#Limpar Dados para tirar os animais sem qualquer id#
pednovo<-
pedigreeC[!is.na(pedigreeC$idf)&!is.na(pedigreeC$idfpai)&!is.na(pedigreeC$idf
mae),]

#criando DF para cada um#
ped.pai<-
data.frame(idf=pednovo$idfpai,idfpai=NA,idfmae=NA,sexo="M",nascto=NA,stri
ngsAsFactors = FALSE)
ped.mae<-
data.frame(idf=pednovo$idfmae,idfpai=NA,idfmae=NA,sexo="F",nascto=NA,stri
ngsAsFactors = FALSE)

# limpando IDs#
Tpais<-rbind(ped.pai,ped.mae)
iguais<-Tpais$idf%in%pednovo$idf

#juntando dados ja limpados#
em<-Tpais[!iguais, ]
MundoN<-rbind(pednovo,em)

#pedigree passo 1#

```



```
MundoN<-MundoN[!(MundoN$idfpai%in%MundoN$idfmae),]
```

```
# passo 2#
```

```
MundoN<-MundoN[!(MundoN$idf==MundoN$idfpai),]
```

```
MundoN<-MundoN[!(MundoN$idf==MundoN$idfmae),]
```

```
#passo 3#
```

```
MundoN<-MundoN[!(MundoN$idfpai==MundoN$idfmae),]
```

```
# passo 4#
```

```
MundoN<-MundoN[order(MundoN$nascto),]
```

```
###criando código, para substituir os nomes dos animais###
```

```
#criando um data frame para cada coluna#
```

```
df1<-data.frame(idf=MundoN$idf,nascto=MundoN$nascto)
```

```
df2<-data.frame(idf=MundoN$idfpai,nascto=NA)
```

```
df3<-data.frame(idf=MundoN$idfmae,nascto=NA)
```

```
df4<-data.frame(idf=MN$idf,nascto=MN$datanas)
```

```
df5<-data.frame(idf=MN$idfpai,nascto=NA)
```

```
df6<-data.frame(idf=MN$idfmae,nascto=NA)
```

```
#juntar os df# a e b#
```

```
ped1pais<-rbind(df2,df3,df5,df6)
```

```
ped1filhos<-rbind(df1,df4)
```

```
ped1filhos<-unique(ped1filhos)
```

```
ped1pais<-unique(ped1pais)
```

```
#verificar duplicacao#
```

```
i<-ped1pais$idf%in%ped1filhos$idf
```

```
ped1pais[!i,]
```

```
#juntar pais e filhos# seria c#
```

```
ped2<-rbind(ped1filhos,ped1pais)
```

```
#ordenar datas#
```

```
ped2<-ped2[order(ped2$datanas),]
```

```
#criar uma coluna para a cod#
```

```
ped2<-data.frame(ped2,cod=1:nrow(ped2))
```

```
###Análise de convergência de cadeias###
#Importando as cadeias#
cadeia1<-read.table("postgibbs_samples",header=FALSE)

#install.packages("coda")
require("coda")

# Burn-in
burn.in<-30000
thin<-10
nit<-300000

#retirando as colunas que não vamos usar (usaremos somente as duas ultimas
colunas)#
cadeia1<-cadeia1[,-c(1:3)]
names(cadeia1)<-c("va", "ve") #va=variancia genetica / ve=variancia residual

#transformar o data frame em uma MCMC#
MCMC1<-mcmc(cadeia1,start=(burn.in+1),end=nit,thin=thin)

#criando uma lista com as 3 cadeias juntas#
MCMCt<-mcmc.list(MCMC1)

##Distribuição Estacionária##

#Trace plot #
traceplot(MCMCt[,1],main="Genetic variance bovis",ylim=c(0,2))
traceplot(MCMCt[,2],main="Residual variance bovis",ylim=c(0.5,1.5))

# Teste Heidelberguer e Welch#
heidel.diag(MCMCt)

#Teste de Geweke#
geweke.diag(MCMCt)

#Cadeia 1#
par<-MCMC1[,1]/(MCMC1[,1]+MCMC1[,2])
HPDinterval(MCMC1)
summary(MCMC1)
effectiveSize(MCMC1)
```

HPDinterval(par)  
summary(par)  
effectiveSize(par)