

Implementação de um serviço web para avaliação genética de pequenos ruminantes utilizando o Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

Otávio Cury da Costa Castro¹, Laylson da Silva Borges¹, Andreza Danielly Vieira Pereira¹, Marcos Joshua Oliveira Parentes¹, Francisco Albir Lima Júnior¹, Jose Lindenberg Rocha Sarmiento¹, Pedro de Alcantara dos Santos Neto¹

¹Universidade Federal do Piauí - UFPI - Brasil

otaviocury.oc@gmail.com, laylson_borges@hotmail.com

daniellyvpereira@gmail.com, joshua6@hotmail.com

albirjunior@hotmail.com, sarmiento@ufpi.edu.br, pasn@ufpi.edu.br

Abstract. *A key step in animal breeding programs is the genetic evaluation, that is, the identification of genetically superior individuals for certain traits. One of the consolidated methods for calculating the genetic values of animals in evaluations is the resolution of the Best Linear Unbiased Prediction (BLUP). However, due to the size of the system of linear equations that results from the BLUP resolution, it is necessary to use efficient computational systems. In this work, we present the implementation of a web service for the genetic evaluation of goat and sheep flocks using BLUP. To verify its functioning, an experiment was performed, where the results were compared with another tool used in genetic evaluations. The results of the experiment showed that the service implemented can be used by breeders and researchers, facilitating the evaluation stage in the genetic improvement process of small ruminants.*

Resumo. *Uma etapa fundamental em programas de melhoramento genético animal é a avaliação genética, isto é, a identificação de indivíduos geneticamente superiores para determinadas características. Um dos métodos consolidados para o cálculo dos valores genéticos dos animais em avaliações é a resolução do Best Linear Unbiased Prediction (BLUP). Porém, devido ao tamanho do sistema de equações lineares que resulta da resolução do BLUP é preciso a utilização de sistemas computacionais eficazes. Neste trabalho, é apresentada a implementação de um serviço web para a avaliação genética de rebanhos de caprinos e ovinos utilizando o BLUP. Para verificar seu funcionamento, foi realizado um experimento, onde os resultados foram comparados com outra ferramenta utilizada em avaliações genéticas. Os resultados do experimento mostraram que o serviço implementado pode ser utilizado por criadores e pesquisadores, facilitando a etapa de avaliação no processo de melhoramento genético de pequenos ruminantes.*

1. Introdução

A criação de caprinos e ovinos está passando por mudanças ao longo dos anos, exibindo um crescimento no mercado e obtendo posições relevantes no agronegócio do país

[de Lima and Barbosa Filho 2013]. Apesar das potencialidades existentes, ainda há gargalos que precisam ser superados. Dentre eles, destacam-se o baixo padrão tecnológico empregado que impacta as atividades envolvidas nos sistemas de criação.

Dentre essas atividades, a avaliação genética visando o melhoramento de características importantes economicamente em rebanhos é uma tendência mundial. Porém, para realizar uma avaliação genética é necessário identificar indivíduos portadores de genes relacionados com aumento na produção. Para isso, utiliza-se de modelos estatísticos conhecidos como modelos lineares mistos [Bourdon and Bourbon 2000].

Por meio de modelos lineares mistos é possível calcular o *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) [Jiang 2007] que representa o valor genético dos animais avaliados. Este método permite que os valores genéticos sejam preditos de forma não viesada, por considerar simultaneamente no processo de estimação os efeitos fixos como o sexo, e efeitos genéticos de cada animal, conhecidos como efeitos aleatórios. Porém, devido a quantidade de cálculos para a obtenção do BLUP, é necessário a utilização de soluções computacionais, que muitas vezes demandam dinheiro e/ou conhecimento técnico.

Nesse sentido, este trabalho justifica-se por apresentar o desenvolvimento e implementação de uma funcionalidade ao sistema web Capriovi para predição de valores genéticos via metodologia de modelos mistos para obtenção BLUP. O sistema utiliza informações fenotípicas e de parentesco cadastradas, e auxilia o usuário a identificar animais geneticamente superiores. Ressalta-se que, o sucesso do melhoramento genético animal depende, essencialmente, da adoção de métodos de seleção eficientes, os quais demandam a predição de valores genéticos dos animais que serão pais das futuras gerações.

O restante do artigo está estruturado da seguintes forma: na Seção 2 explica-se o que são os modelos mistos para obtenção do BLUP. Na Seção 3 é apresentado o sistema web Capriovi, onde a avaliação genética foi implementada. A Seção 4 discorre sobre soluções computacionais aplicadas à avaliação genética. Na Seção 5 é apresentado o que foi utilizado na implementação da avaliação genética. A Seção 6 apresenta o experimento realizado e seus resultados. Finalizando, a Seção 7 conclui este trabalho.

2. Metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP

A metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP tem como objetivo prever valores genéticos de animais para um determinado fim. A sigla BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) significa "Melhor Predição Linear Não Viesada" e tem como finalidade maximizar a relação entre o valor genético predito e o valor genético real do animal [Lôbo 2004]. Para a predição dos valores genéticos, o BLUP é o mais difundido e o que mais apresenta resultados significativos [Sarmiento et al. 2017].

Ressalta-se que, as soluções BLUP caracterizam-se por utilizar informações de parentesco entre todos os animais, informadas por meio da matriz de parentesco. O uso destas informações aumenta a acurácia das predições, levando ao produtor a uma tomada de decisão correta quanto a seleção dos animais.

Diferentes modelos podem ser empregados nas equações de modelos mistos. Atualmente, o mais adotado é o modelo animal, pois no mesmo é incluso, além dos efeitos fixos, o efeito do próprio animal, ou seja, a equação para uma observação contém um termo referente ao valor genético do animal que produziu a observação [Martins 1997].

3. Capriovi: visão geral

O Capriovi é um sistema web voltado para o gerenciamento de rebanhos caprinos e ovinos. Por meio desse sistema, o usuário é capaz de realizar o registro de informações referentes a um determinado rebanho como: mortes, nascimentos, medidas morfométricas, árvores genealógicas entre outras [Carvalho et al. 2016]. Baseado nessas informações, o Capriovi gera vários relatórios de produção, reprodução, além de relatórios genéticos. Para gerar relatórios relacionados a saúde dos animais, o Capriovi utiliza um sistema inteligente que recebe determinados valores como entrada e ordena os animais de acordo com sua necessidade de tratamento. O Capriovi pode ser acessado por meio da URL: easii.ufpi.br/capriovi.

Neste trabalho é apresentada a implementação de um módulo de avaliação genética no Capriovi. A avaliação realizada por meio do BLUP foi implementado na forma de um relatório, onde vários animais podem ser analisados simultaneamente.

4. Trabalhos relacionados

Com relação a software já existentes, o Genecoc promove avaliações genéticas na forma de diferença esperada na progênie (DEP). Essas avaliações utilizam a metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP, que são realizadas adotando o modelo animal [LOBO et al. 2011]. Porém, diferente do serviço web apresetado neste trabalho, o Genecoc é voltado para grupos de criadores e possui restrições quanto à coleta e processamento dos dados, que necessitam ser realizados por técnicos credenciados.

Outro software utilizado em análise estatística é o BLUPF90, um conjunto de programas escritos em FORTRAN que abrange modelos fixos, aleatórios e mistos. Pode ser utilizado para implementar a avaliação genética para uma variedade de modelos [Misztal et al. 2002]. Entretanto, o BLUPF90 tem restrições de funcionamento dependendo do sistema operacional, e requer determinado conhecimento técnico da ferramenta.

5. Materiais e métodos

Para o cálculo das matrizes envolvidas na obtenção do BLUP foi utilizada a linguagem JAVA versão 8. Com a implementação em JAVA, a integração com o sistema tornou-se facilitada, por ser a linguagem na qual o sistema Capriovi foi desenvolvido. Para realizar as várias operações com matrizes presentes na avaliação genética, foi utilizada a biblioteca EJML, que contém vários métodos para a resolução de sistemas lineares [Abeles 2010].

A característica de importância econômica analisada pelo sistema é o peso. Para padronizar, os pesos registrados para os animais são ajustados para 180 dias de idade. Se a mensuração mais próxima for posterior aos 180 dias, o software usará a Equação 1. Se a mensuração mais próxima for anterior aos 180 dias, o software usará a Equação 2.

$$P_{180} = P_p + \frac{(P_p - P_d)}{I_p} * (I_p - 180) \quad (1) \quad P_{180} = P_a + \frac{(P_a - P_d)}{I_a} * (180 - I_a) \quad (2)$$

em que:

- P_{180} = Peso aos 180 dias.

- P_p = Peso posterior a 180 dias.
- P_d = Peso a desmama.
- I_p = Idade do animal na mensuração posterior mais próxima (dias).
- I_a = Idade do animal na mensuração anterior mais próxima (dias).

No momento da análise, os animais são agrupados por efeitos fixos, isto é, animais que estão sujeitos aos mesmos fatores que influenciam o fenótipo observado mas não o valor genético. Assim, animais foram considerados do mesmo grupo se forem do mesmo sexo, rebanho, nasceram no mesmo ano, estação, e através do mesmo tipo de parto.

Neste trabalho, foi utilizado o modelo animal simples. Matricialmente, o modelo animal mencionado na Seção 2 pode ser escrito como na Equação 3.

$$y = X\beta + Za + \epsilon \quad (3)$$

em que:

- y = vetor $n \times 1$ de observações (fenótipo observado nos animais)
- X = matriz $n \times f$ relacionada a observações dos efeitos fixos (efeitos ambientais)
- β = vetor $f \times 1$ de efeitos fixos (efeitos ambientais)
- Z = matriz $n \times N$ de efeitos aleatórios (valores genéticos a serem preditos)
- a = vetor $N \times 1$ de efeitos genéticos aditivos (ou de valores genéticos)
- ϵ = vetor de resíduos de mesma dimensão de y

sendo:

- N = número de indivíduos
- n = número de observações
- f = número de grupos de efeitos fixos

Como a análise realizada é apenas de uma característica, as equações de modelos mistos definidas por Herderson [Henderson 1973], podem ser simplificadas. As equações simplificadas podem ser observadas em 4.

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad (4)$$

em que: $\alpha = \frac{1-h^2}{h^2}$ sendo:

- h^2 = herdabilidade da característica
- A = matriz de parentesco

A herdabilidade pode ser definida como a fração da variância fenotípica que é causada por diferença entre genes ou genótipos dos indivíduos, e mede o grau de correspondência entre fenótipo e valor genético do animal.

6. Resultados e Discussão

Para verificar o funcionamento da análise implementada, foi utilizado os dados de 7 caprinos do banco de dados de pesquisa da Universidade Federal do Piauí, sendo a característica analisada o peso do animal aos 180 dias e utilizando uma herdabilidade $h^2 = 0.45$. Esses dados podem ser observados na Tabela 1.

Tabela 1. Dados utilizados

Animal	Pai	Mãe	Peso ajustado	Sexo	Rebanho	Ano nascimento	Estação	Tipo de parto	GC
1	.	.	36	Macho	Rebanho1	2015	Seca	Simples	1
2	.	.	43	Macho	Rebanho1	2015	Seca	Simples	1
3	.	.	39	Fêmea	Rebanho1	2017	Seca	Duplo	2
4	1	3	49	Macho	Rebanho1	2017	Chuvosa	Duplo	3
5	1	3	34	Fêmea	Rebanho1	2017	Chuvosa	Duplo	4
6	1	.	37	Fêmea	Rebanho1	2017	Chuvosa	Duplo	4
7	.	3	45	Fêmea	Rebanho1	2017	Chuvosa	Duplo	4

Como comparação, os mesmos dados foram utilizados para realizar uma avaliação genética utilizando a ferramenta estatística SAS [Guide 2002]. Essa ferramenta é comumente utilizada para calcular modelos mistos, e possui módulos voltados para análise genética. Os valores genéticos de cada animal calculados pelo Capriovi e pelo SAS podem ser observados na Tabela 2.

Tabela 2. Resultados das avaliações realizadas

Animal	Capriovi	SAS
1	-2.6750	-2.6749
2	1.2557	1.2556
3	0.2394	0.2394
4	-1.2178	-1.2177
5	-2.3977	-2.3976
6	-1.6966	-1.6966
7	2.2487	2.2487

Os resultados mostram pequenas diferenças nos valores genéticos preditos pelo Capriovi e os valores calculados pelo SAS. Fato justificado pelas aproximações feitas pelo sistema, e variam com o tipo de dado e a linguagem de programação utilizada. Porém, essa diferença não tem significância ao ordenar e identificar animais geneticamente superiores. Na Figura 1 observa-se a página do sistema com os resultados obtidos.

Nome do animal	Sexo do animal	Rebanho	Valor genético
animal1	Macho	Rebanho Teresina	-2,6750
animal2	Macho	Rebanho Teresina	1,2557
animal3	Fêmea	Rebanho Teresina	0,2394
animal4	Macho	Rebanho Teresina	-1,2178
animal5	Fêmea	Rebanho Teresina	-2,3977
animal6	Fêmea	Rebanho Teresina	-1,6966
animal7	Fêmea	Rebanho Teresina	2,2487

Figura 1. Tela de resultado da avaliação genética

7. Conclusão

Neste trabalho foi apresentada a implementação de uma ferramenta web para avaliação genética de pequenos ruminantes. Foi realizado um experimento onde foram comparados

os valores genéticos calculados pela ferramenta com o software SAS, para dados de peso e parentesco de 7 animais. Os resultados obtiveram uma compatibilidade nos valores, mostrando que a ferramenta pode ser aplicada à programas de melhoramento genético.

Esta ferramenta web oferece uma forma de obter maiores informações de como melhorar o desempenho de rebanhos de caprinos e ovinos, partindo da identificação dos animais geneticamente superiores. Assim os criadores terão um aumento significativo de sua produtividade, e conseqüentemente um maior retorno econômico.

Como trabalhos futuros, pretende-se utilizar algoritmos genéticos para orientar as melhores combinações de acasalamento visando maximizar o ganho genético da prole, e minimizar o grau de parentesco entre os animais. Assim o produtor manterá o rebanho com um bom valor genético total, e manterá a variabilidade genética no rebanho.

Referências

- Abeles, P. (2010). Efficient java matrix library.
- Bourdon, R. M. and Bourbon, R. M. (2000). *Understanding animal breeding*, volume 2. Prentice Hall Upper Saddle River, NJ.
- Carvalho, T., Santos, N., Lira, W., Oliveira, P. A., Neto, P. S., Lindenberg, J., and Rabêlo, R. (2016). Um sistema de informação para melhoramento genético de caprinos e ovinos.
- de Lima, L. R. and Barbosa Filho, J. A. D. (2013). Impact of pre-slaughter management on the welfare of goats and sheep. *JABB-Online Submission System*, 1(2):52–60.
- Guide, S. S. U. (2002). Statistics (version 9.). Cary NC, USA: SAS Inst.
- Henderson, C. R. (1973). Sire evaluation and genetic trends. *Journal of Animal Science*, 1973(Symposium):10–41.
- Jiang, J. (2007). *Linear and generalized linear mixed models and their applications*. Springer Science & Business Media.
- LOBO, R., FACO, O., LOBO, A., and de MORAIS, O. (2011). Programa de melhoramento genético de caprinos e ovinos de corte (genecoc): capacitação gerencial de usuários. *Embrapa Caprinos e Ovinos-Documentos (INFOTECA-E)*.
- Lôbo, R. N. B. (2004). Metodologias aplicadas na estimativa de parâmetros genéticos e avaliações genéticas de caprinos e ovinos. In *Embrapa Caprinos e Ovinos-Artigo em anais de congresso (ALICE)*.
- Martins, E. (1997). *Uso de modelos mistos na avaliação genética animal*. UFV.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., and Lee, D. (2002). Blupf90 and related programs (bgf90). In *Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production*, volume 28.
- Sarmiento, J. L. R., Sena, L. S., et al. (2017). Advances in genetic improvement in Latin America and future perspectives. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 25(1/2):81–89.