



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
DOUTORADO EM CIÊNCIA ANIMAL

LAYLSON DA SILVA BORGES

**CAPRIOVI 2.0: PREDIÇÃO DE VALOR GENÉTICO E INTELIGÊNCIA
COMPUTACIONAL PARA SELEÇÃO DE ACASALAMENTOS EM
PEQUENOS RUMINANTES**

TERESINA

2021

LAYLSON DA SILVA BORGES

**CAPRIOVI 2.0: PREDIÇÃO DE VALOR GENÉTICO E INTELIGÊNCIA
COMPUTACIONAL PARA SELEÇÃO DE ACASALAMENTOS EM
PEQUENOS RUMINANTES**

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em
Ciência Animal - PPGCA da Universidade Federal
do Piauí - UFPI, na área de concentração Produção
animal, como requisito para obtenção do título de
Doutor em Ciência Animal.

Orientador: Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento

TERESINA

2021

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Comunitária Jornalista Carlos Castello Branco
Serviço de Processamento Técnico

B732c Borges, Layson da Silva.
Capriovi 2.0 : predição de valor genético e inteligência computacional para seleção de acasalamentos em pequenos ruminantes / Layson da Silva Borges. – 2021.
67 f.

Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2021.

“Orientador: Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento”

1. Ciência Animal. 2. Avaliação Genética. 3. Caprinocultura. 4. Ovinocultura. Zootecnia de Precisão. I. Título.

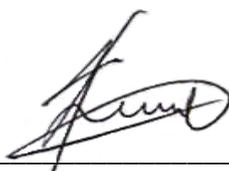
CDD 636.089

**CAPRIOVI 2.0: PREDIÇÃO DE VALOR GENÉTICO E INTELIGÊNCIA
COMPUTACIONAL PARA SELEÇÃO DE ACASALAMENTOS EM
PEQUENOS RUMINANTES**

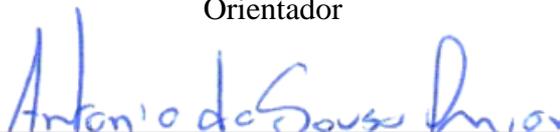
LAYLSON DA SILVA BORGES

Tese aprovada em 22 de dezembro de 2021

Banca Examinadora:



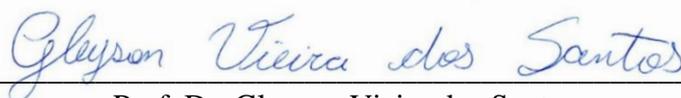
Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento
CCA/DZO - Universidade Federal do Piauí
Orientador



Prof. Dr. Antônio de Sousa Junior
CCA/CTT - Universidade Federal do Piauí
Membro Externo ao Programa



Dr. Luciano Silva Sena
Membro Externo a Instituição



Prof. Dr. Gleyson Vieira dos Santos
Campus Corrente - Universidade Estadual do Piauí
Membro Externo a Instituição



Dr. Luiz Antonio Silva Figueiredo Filho
Campus Caxias - Instituto Federal do Maranhão
Membro Externo a Instituição

Aos meus pais, Maria de Jesus e Luiz Filho, e aos meus irmãos, Laylton, Luan e Mikaelle, fontes inesgotáveis de carinho familiar.

(Dedico e ofereço)

AGRADECIMENTO

Agradeço a Deus por sua existência em meu viver, por ter me guiado durante essa jornada e em todas as outras pelas quais tenho passado durante minha trajetória acadêmica.

Aos meus pais, Maria de Jesus Pereira da S. Borges e Luiz Filho da S. Borges, e aos meus irmãos, Laylton da S. Borges, Luan da S. Borges e Mikaelle P. dos Santos, por estarem presentes em todos os momentos da minha vida, sejam eles de alegria, tristeza ou ausência física. Saibam que vocês são essenciais na minha vida, obrigado por sempre me incentivarem a ser uma pessoa melhor e não desistir dos meus sonhos.

À minha companheira, Fernanda Samara B. Rocha, pela dádiva da sua companhia diária repleta de amor, tornando meus dias mais fáceis, pelo simples fato de existir, e à sua família, pelos momentos de carinho, compreensão e incentivo.

À Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, por me proporcionar o privilégio de me tornar Zootecnista, Mestre e agora Doutor em Ciência Animal.

Ao professor José Lindenberg R. Sarmiento, pela orientação. Obrigado por ser um exemplo de dedicação, paciência e sabedoria para todos nós.

Ao Professor José Elivalto G. Campelo, pelas contribuições para esse trabalho e pelos momentos de discussões valiosos, passei a ter grande admiração como pessoa e profissional.

Aos amigos, Otávio Cury da C. Castro e Thasciano L. Carvalho, obrigado pelo apoio e incentivo, pelas conversas, discussões e amizade que nasceu em meio a projetos acadêmicos em comum e que perdurará para sempre.

Aos colegas do Programa de Pós-graduação em Ciência Animal e do Grupo de Estudo em Genética e Melhoramento Animal, obrigado pelos momentos de descontração e debates acadêmicos.

Aos membros da banca examinadora pela disponibilidade e pelas valiosas sugestões para o enriquecimento deste trabalho.

À CAPES, pelo suporte financeiro para o desenvolvimento deste trabalho.

Enfim, a todos que direta ou indiretamente contribuíram de alguma forma, fosse por uma palavra amiga ou de incentivo, para a realização deste trabalho, MEU MUITO OBRIGADO!

“Não importa quanto tempo vai levar, o importante é o quanto você se dedica para tornar tudo possível e o quanto acredita em si mesmo. A mágica está em si e nos detalhes que você compõe o seu mundo.”

(Driu Kilberg)

“Temos nosso próprio tempo.”

(Legião Urbana)

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação das etapas para o melhoramento genético de caprinos e ovinos	16
Figura 2 - Representação da estrutura de funcionamento de alguns <i>softwares</i> disponíveis para o controle zootécnico e genético de caprinos e ovinos	20
Figura 3 - Representação da estrutura de funcionamento de um algoritmo genético	24

CAPÍTULO I

Figura 1 - Interface dos parâmetros de entrada para execução da ferramenta disponível no Capriovi 2.0 para predição de valores genéticos de caprinos e ovinos de corte	37
Figura 2 - Fluxograma das etapas do processo para predição de valores genéticos de caprinos e ovinos com uso do Capriovi 2.0	38
Figura 3 - Interface da predição dos valores genéticos dos animais para características de carcaça mensuradas <i>in vivo</i> em ovinos Santa Inês com uso da ferramenta desenvolvida e implementada no Capriovi 2.0	42
Figura 4 - Interface dos valores do índice de seleção genética (ISG) de ovinos Santa Inês calculados com uso do Capriovi 2.0	44
Figura 5 - Interface da ficha técnica do animal disponível na ferramenta para predição de valores genéticos de caprinos e ovinos de corte	46

CAPÍTULO II

Figura 1 - Fluxograma das etapas do processo para seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos com uso do Capriovi 2.0	53
Figura 2 - Interface dos parâmetros de entrada para execução da ferramenta disponível no Capriovi 2.0 para Seleção de Acasalamentos em caprinos e ovinos de corte	56
Figura 3 - Interface da predição dos valores genéticos dos animais submetidos à ferramenta disponível no Capriovi 2.0 para Seleção de Acasalamentos em caprinos e ovinos de corte	58
Figura 4 - Interface da ficha técnica do animal disponível na ferramenta para Seleção de Acasalamentos em caprinos e ovinos de corte	59
Figura 5 - Interface das recomendações de acasalamentos realizadas com uso do algoritmo genético <i>NSGA – II</i> a partir de ovinos Santa Inês selecionados com os maiores valores genéticos para a característica área de olho de lombo (AOL)	61

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Efetivo de caprinos e ovinos em estabelecimentos agropecuários nas grandes regiões brasileiras	14
---	----

CAPÍTULO I

Tabela 1 - Estatística descritiva para características de carcaça mensuradas <i>in vivo</i> em ovinos Santa Inês	40
Tabela 2 - Estimativas de componentes de variância, covariância e herdabilidade resultante para características de carcaça mensuradas <i>in vivo</i> em ovinos Santa Inês	41

CAPÍTULO II

Tabela 1 - Tabela descritiva dos parâmetros para execução das etapas da ferramenta para Seleção de Acasalamentos em caprinos e ovinos de corte	57
--	----

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AG	Algoritmo Genético
AOL	Área de Olho de Lombo
ARCO	Associação Brasileira de Criadores de Ovinos
BLUP	<i>Best Linear Unbiased Predictor</i> (Melhor Preditor Linear Não Viesado)
CEUA	Comitê de Ética no Uso de Animais
cm	Centímetro
cm²	Centímetro Quadrado
COV_a	Covariância Genética Aditiva
COV_e	Covariância Residual
CV	Coefficiente de Variação
DEP	Diferença Esperada na Progênie
DP	Desvio Padrão
EGS	Espessura de Gordura Subcutânea
EJML	<i>Efficient Java Matrix Library</i> (Biblioteca Java Matriz Eficiente)
GC	Grupo de Contemporâneos
h²	Herdabilidade
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
ISG	Índice de Seleção Genética
LOST	Laboratório de Otimização de <i>Softwares</i> e Tecnologias
mm	Milímetro
PERPe	Perímetro da Perna
UFPI	Universidade Federal do Piauí
VG	Valor Genético
ZP	Zootecnia de Precisão
σ_a²	Variância Genética Aditiva
σ_e²	Variância Residual

BORGES, Laylson da Silva. **Capriovi 2.0: Predição de valor genético e inteligência computacional para seleção de acasalamentos em pequenos ruminantes**. 2021. 67f. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2021.

RESUMO

A caprinocultura e a ovinocultura são exploradas em praticamente todas as regiões do Brasil, principalmente para a produção de carne. No entanto, a criação de pequenos ruminantes, em sua maioria, é realizada de forma extensiva, sem uso de controle zootécnico e tecnologias modernas. Esses fatores limitam o registro de dados no campo e impossibilitam a aplicação de técnicas de melhoramento genético, como a seleção e direcionamento dos acasalamentos com base nas relações de parentesco. Dado esse contexto, objetivou-se com esta pesquisa desenvolver e disponibilizar a versão 2.0 do *software* Capriovi, para predição de valores genéticos e seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos. A programação das ferramentas ocorreu no Laboratório de Otimização de *Softwares* e Tecnologias da Universidade Federal do Piauí e será disponibilizada para uso em ambiente Web no *software* Capriovi 2.0. Todo o desenvolvimento ocorreu em linguagem de programação *JAVA* (Versão 8), com acesso a banco de dados *MySQL*. Com a finalidade de aferir as rotinas desenvolvidas, foram utilizadas informações do banco de dados de ovinos da raça Santa Inês gerenciado pelo Grupo de Estudo em Genética e Melhoramento Animal da Universidade Federal do Piauí. Foram utilizadas informações das características área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e perímetro da perna (PERPe). No Capítulo I, foi desenvolvida uma ferramenta para predição de valores genéticos por meio da metodologia de modelos mistos, com uso de modelo animal em análise multicaracterística. A fim de auxiliar os criadores na correta utilização dos valores genéticos preditos com o uso do Capriovi 2.0, foi implementado o cálculo do índice de seleção genética. A ferramenta desenvolvida possibilitou realizar a predição dos valores genéticos e o cálculo do índice de seleção genética dos animais avaliados. Isso poderá proporcionar aos criadores a possibilidade de identificar e selecionar animais que apresentem potencial genético superior no rebanho. No Capítulo II, foi desenvolvida uma ferramenta para seleção de acasalamentos, tendo em vista maximizar os ganhos genéticos do rebanho dentro de um limite de endogamia pré-estabelecido pelo criador, por meio de algoritmo genético. A ferramenta desenvolvida recomendou um total de 125 acasalamentos, de modo que os machos com maiores valores genéticos para AOL foram recomendados para acasalar com maior número de fêmeas. As recomendações de acasalamentos proporcionaram zero de endogamia prevista para as futuras progênes. O Capriovi 2.0 mostrou-se adequado para predição de valores genéticos e seleção de acasalamentos em pequenos ruminantes.

Palavras-chave: acasalamentos otimizados, avaliação genética, caprinocultura, ovinocultura, zootecnia de precisão.

BORGES, Laylson da Silva. **Capriovi 2.0: Prediction of genetic value and computational intelligence for mating selection in small ruminants**. 2021. 67f. Thesis (DSc. in Animal Science) - Federal University of Piau , Teresina, 2021.

ABSTRACT

Goat and sheep farming are exploited in virtually all regions of Brazil, mainly for meat production. However, the creation of small ruminants, for the most part, is carried out extensively, without the use of zootechnical control and modern technologies. These factors limit the recording of data in the field and make it impossible to apply genetic improvement techniques, such as the selection and targeting of matings based on kinship relationships. Given this context, the objective of this research was to develop and make available version 2.0 of the Capriovi software, for the prediction of genetic values and selection of matings in goats and sheep. The programming of the tools took place at the Software and Technology Optimization Laboratory of the Federal University of Piau  and will be available for use in a web environment in the Capriovi 2.0 software. All development took place in JAVA programming language (Version 8), with access to MySQL database. In order to assess the developed routines, information from the database of Santa In s sheep managed by the Study Group on Genetics and Animal Breeding at the Federal University of Piau  was used. Information on the characteristics of the loin eye area (LEA), subcutaneous fat thickness (SFT) and leg perimeter (LEC) were used. In Chapter I, a tool for predicting genetic values was developed using the mixed model methodology, using an animal model in multi-trait analysis. In order to help breeders in the correct use of the genetic values predicted with the use of Capriovi 2.0, the calculation of the genetic selection index was implemented. The developed tool made it possible to perform the prediction of genetic values and the calculation of the genetic selection index of the evaluated animals. This may provide breeders with the possibility to identify and select animals that have superior genetic potential in the herd. In Chapter II, a tool for mating selection was developed, with a view to maximizing the herd's genetic gains within an inbreeding limit pre-established by the breeder, through a genetic algorithm. The developed tool recommended a total of 125 matings, so that males with higher genetic values for LEA were recommended to mate with a greater number of females. The mating recommendations provided zero predicted inbreeding for future progenies. Capriovi 2.0 proved to be suitable for predicting breeding values and mating selection in small ruminants.

Keywords: optimized matings, genetic evaluation, goat farming, sheep farming, precision animal Production.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	vii
LISTA DE TABELAS.....	vii
LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS	ix
1 INTRODUÇÃO GERAL	13
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	15
2.1 Panorama da criação de caprinos e ovinos no Brasil.....	15
2.2 Escrituração zootécnica e avaliação genética de caprinos e ovinos	17
2.3 Zootecnia de precisão aplicada a criação de caprinos e ovinos.....	20
2.4 Seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos	22
2.5 Algoritmos genéticos para seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos	24
3 REFERÊNCIAS	28
4 CAPÍTULO I	33
Desenvolvimento de uma ferramenta para predição de valores genéticos em pequenos ruminantes de corte	34
Resumo	34
Introdução.....	35
Material e Métodos.....	35
Resultados e Discussão.....	41
Conclusão	48
Agradecimentos	48
Referências	48
5 CAPÍTULO II.....	51
Desenvolvimento de uma ferramenta para seleção de acasalamentos dentro de rebanhos de pequenos ruminantes utilizando algoritmo genético	52
Resumo	52
Introdução.....	53
Material e Métodos.....	54
Resultados e Discussão	58
Conclusão	64
Agradecimentos	64
Referências	65
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	67

1 INTRODUÇÃO GERAL

A criação de caprinos e ovinos tem se destacado no agronegócio brasileiro e a tendência é que se mantenha em expansão. Todavia, os sistemas de produção desses animais ainda apresentam índices zootécnicos muito aquém do seu potencial, principalmente em decorrência da carência no uso de tecnologias capazes de facilitar, otimizar e auxiliar os produtores em tomadas de decisão mais assertivas no dia a dia das propriedades (FERNANDES; CHINA, 2020).

O uso de tecnologias da ciência da computação, como os *softwares* voltados para o controle zootécnico informatizado, aliado a métodos eficientes para predição de valores genéticos, como a metodologia de modelos mistos para obtenção do Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP), e o uso de algoritmos de inteligência computacional para seleção de acasalamentos podem contribuir para sanar o problema dos baixos índices zootécnicos nos rebanhos de pequenos ruminantes. Porém, apesar das potencialidades existentes com o uso de tecnologias como essas, ainda há carência do desenvolvimento de pesquisas que demonstrem a aplicação dessas ferramentas nos sistemas de produção de caprinos e ovinos.

Visando suprir essa necessidade, foi desenvolvido o *software* Capriovi (SARMENTO et al., 2017), que é uma ferramenta tecnológica que auxilia o produtor no controle zootécnico e genético de rebanhos caprinos e ovinos. A partir das informações existentes nos registros dos animais de diferentes rebanhos, é possível adotar métodos de seleção, como a metodologia de modelos mistos (HENDERSON, 1973), para identificar animais portadores de genes favoráveis para o aumento na produção de características de interesse econômico.

A metodologia de modelos mistos, de forma genérica, possibilita estimar, simultaneamente, efeitos fixos e aleatórios por meio de um modelo misto. Quando comparado a outros métodos de predição, esta metodologia possibilita a obtenção de valores genéticos mais acurados para cada animal, uma vez que estes são preditos com base nas informações de todos os seus parentes e levam em conta os efeitos fixos que influenciam na expressão do fenótipo (BASTOS et al., 2020).

O excesso do uso de animais com valores genéticos superiores na reprodução, bem como acasalamentos mal planejados pode acarretar em perda de variabilidade genética dos rebanhos (SARMENTO et al., 2021). Partindo desse pressuposto, o uso de algoritmos de inteligência computacional apresenta-se como uma importante opção para

contornar esse problema. Com o uso de algoritmos computacionais, é possível realizar a seleção de acasalamentos de forma a potencializar os ganhos genéticos dentro de um limite de endogamia pré-estabelecido (MONTENEGRO et al., 2019).

Dado esse contexto, objetivou-se com esta pesquisa desenvolver a versão 2.0 do *software* Capriovi, para predição de valores genéticos e seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos. A Tese está estruturada com base no manual de normalização de monografia, dissertação e tese estabelecida pelo Sistema Integrado de Bibliotecas da Universidade Federal do Piauí (SIBi/UFPI).

A estrutura é apresentada da seguinte forma: Parte introdutória, constituída pela Introdução Geral e Revisão de Literatura, em que consta a descrição da proposta geral do trabalho e tópicos de grande relevância pertinentes ao tema da pesquisa; Capítulo I, referente ao artigo intitulado “Desenvolvimento de uma ferramenta para predição de valores genéticos em pequenos ruminantes de corte” e Capítulo II, constituído pelo artigo “Desenvolvimento de uma ferramenta para seleção de acasalamentos dentro de rebanhos de pequenos ruminantes utilizando algoritmo genético”. Ambos os capítulos mencionados foram elaborados com base nas normas da revista *Acta Scientiarum. Agronomy* (ISSN: 1807-8621). A finalização desta pesquisa é alcançada com as Considerações Finais.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Panorama da criação de caprinos e ovinos no Brasil

A criação de caprinos e ovinos tem se consolidado nas últimas décadas como uma importante atividade econômica, servindo como fonte de renda para os produtores e como meio para a diminuição do êxodo rural (MAIA et al., 2019). De acordo com dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística publicados no ano de 2020, o rebanho nacional de caprinos e ovinos alcançou, respectivamente, 12.101.298 e 20.628.699 milhões de cabeças. Deste total, aproximadamente 95,01% dos caprinos e 70,59% dos ovinos são criados na região Nordeste do Brasil (Tabela 1).

Tabela 1 - Efetivo de caprinos e ovinos em estabelecimentos agropecuários nas grandes regiões brasileiras.

Regiões do País	Tipo de rebanho	
	Caprinos	Ovinos
Norte	161.368	571.266
Nordeste	11.498.124	14.561.928
Sudeste	154.894	616.517
Sul	188.186	3.864.369
Centro-Oeste	98.726	1.014.619
Total	12.101.298	20.628.699

Fonte: IBGE (2020) - Pesquisa agropecuária municipal.

Apesar das potencialidades existentes na criação de pequenos ruminantes, o Brasil ainda apresenta índices produtivos e reprodutivos abaixo do seu potencial. Kato et al. (2019) relataram que esses baixos índices são decorrentes, principalmente, do sistema extensivo de exploração adotado pela grande maioria dos criadores, sobretudo na região Nordeste do país, associado ao baixo nível tecnológico e a carência de acompanhamento técnico especializado.

Para os produtores que adotam algum nível de controle zootécnico e/ou genético nos seus sistemas de produção, é evidente a melhoria nos índices produtivos e reprodutivos, criando perspectivas de organização empresarial na atividade (FRANÇA et al., 2016). Porém, para que isso ocorra é necessária uma mudança na mentalidade dos produtores, e que estes passem a enxergar a sua criação como um empreendimento,

tomando consciência de que através do gerenciamento adequado é possível obter o retorno financeiro esperado (RODRIGUES et al., 2012).

Pesquisadores como Batista e Sousa (2015) e Cruz et al. (2019) destacaram que a criação de pequenos ruminantes é uma atividade econômica de grande potencialidade no Brasil, devido ao seu papel socioeconômico, a capacidade de acumulação de renda em pequena escala e a oferta de produtos diferenciados para atender novos mercados. Nesse sentido, Borges et al. (2019) asseguram que a criação desses animais é vista como uma fonte sustentável com excelentes possibilidades de rentabilidade econômica.

Apesar dessas potencialidades, a cadeia produtiva de caprinos e ovinos no Brasil é caracterizada pela desestruturação organizacional, instabilidade do mercado e falta de padronização dos produtos, o que acarreta em escassez de oferta ao mercado interno e leva à importação de produtos oriundos de outros países (LOBO, 2019). Alguns dos caminhos que podem possibilitar a superação deste entrave na cadeia produtiva consistem na formação e/ou fortalecimento de associações e cooperativas de criadores e contratação de assistência técnica especializada por parte dessas entidades (AQUINO et al., 2016). Além disso, é de suma importância o desenvolvimento de políticas públicas que estimulem a criação, associado a um consistente plano de marketing que instigue a população a aumentar o consumo de proteínas oriundas de pequenos ruminantes.

Costa et al. (2019) ainda destacam que a oferta de produtos com padrão diferenciado de qualidade com a certificação de indicação geográfica é mais uma alternativa para agregar valor aos produtos da caprino e ovinocultura. Além disso, esta alternativa facilita a inserção desses produtos no mercado e os protege, fortalecendo ainda as associações dos produtores e, sobretudo, promovendo a valorização da região pela promoção e preservação da cultura e da identidade local. Para Moraes et al. (2020), isso possibilitará a inserção dos produtos caprinos e ovinos em novos mercados, abrindo uma gama de oportunidades para esse setor atingir o seu máximo potencial.

Para que a produção de caprinos e ovinos faça frente a um mercado mais competitivo, é necessário que os produtos oriundos dessas atividades apresentem parâmetros de qualidade desejáveis e que possam ser mais bem aproveitados, através de cortes diferenciados ou nas formas de novos produtos processados que possam agregar valor ao produto final (MAYSONNAVE et al., 2017). No entanto, para gerar produtos de qualidade a fim de atender as exigências do mercado consumidor é necessário que os criadores adotem técnicas de manejo eficientes, desde tomadas de decisões assertivas acerca da escolha do sistema de criação, das instalações, do manejo nutricional e

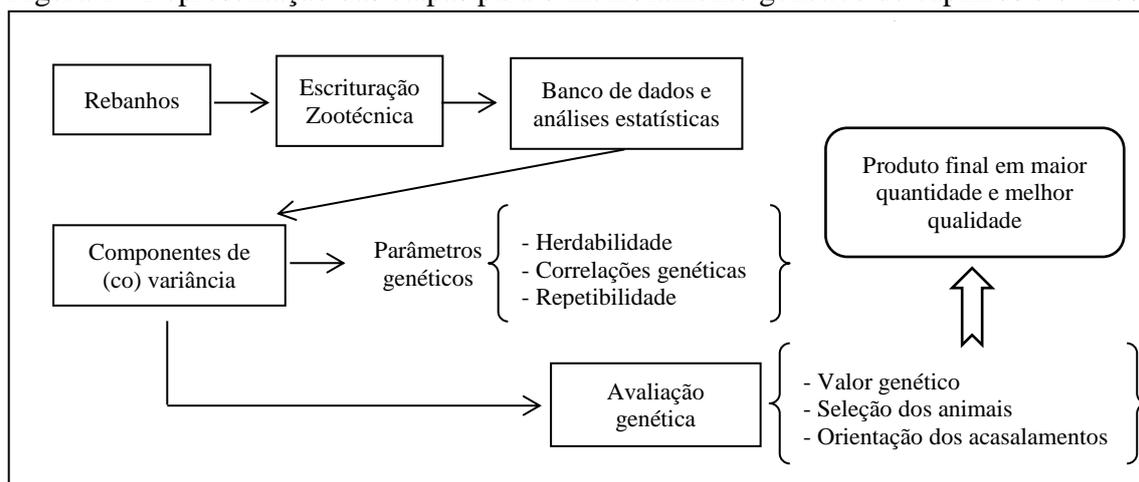
sanitário, do bem-estar e, até o estabelecimento de programas de melhoramento genético para características de interesse econômico.

2.2 Escrituração zootécnica e avaliação genética de caprinos e ovinos

O sucesso do melhoramento genético das espécies de produção animal depende, em grande parte, do uso de métodos de seleção eficientes, os quais demandam a predição do mérito genético de cada animal. Na forma tradicional, o valor genético é estimado com base em informações fenotípicas e de pedigree (SARMENTO; SENA, 2017). Porém, para identificar de modo mais acurado animais com potencial genético superior dentro dos sistemas de produção animal, faz-se necessário a existência de grande número de fenótipos.

A escrituração zootécnica dos rebanhos caprinos e ovinos é o ponto de partida para aqueles produtores que desejam adotar técnicas de melhoramento genético (Figura 1). A escrituração zootécnica consiste nas anotações de controle do rebanho, com fichas individuais de cada animal, em que são registradas sua genealogia, ocorrências gerais e fenótipos para as características de importância econômica (SCHMOELLER et al., 2017). A principal importância desta prática é manter sob controle tudo o que ocorre dentro do sistema de produção, contribuindo para as tomadas de decisão do dia a dia da propriedade.

Figura 1 - Representação das etapas para o melhoramento genético de caprinos e ovinos.



Apesar das inúmeras vantagens obtidas com o emprego da escrituração zootécnica, no Brasil, é relativamente baixo o uso dessa ferramenta nos sistemas de produção que se dedicam a criação de pequenos ruminantes (ALVES et al., 2017).

Borges et al. (2019) ressaltam que, para os produtores que realizam o controle zootécnico dos rebanhos, outro desafio é como proceder diante da grande quantidade de dados gerados e como utilizá-los para auxiliar nas tomadas de decisão quanto a seleção de animais portadores de genes relacionados com o aumento da produção.

Destaca-se que o maior entrave nesta seleção consiste na identificação, baseada no valor fenotípico, de quais animais apresentam os melhores valores genéticos para serem utilizados na reprodução. Com o advento da tecnologia computacional, tornou-se possível o uso de técnicas estatísticas como a metodologia de modelos mistos para obtenção do Melhor Predição Linear Não Viesada (*Best Linear Unbiased Predictor - BLUP*) do mérito genético dos animais. Esta metodologia foi desenvolvida por Henderson em 1949 e apresentada formalmente em 1973 (HENDERSON, 1973; 1984) a fim de estimar, simultaneamente, quanto das diferenças de desempenho observadas entre os animais são oriundas do ambiente e quanto são, de fato, genéticas.

Resende e Perez (1999) destacaram que a metodologia de modelos mistos associada ao modelo animal representa o procedimento padrão de avaliação genética das espécies de produção animal. Matricialmente, o modelo animal pode ser descrito da seguinte forma:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que y é o vetor de fenótipos que foram mensurados nos animais, de dimensão $n \times 1$; β é o vetor de efeitos ambientais identificáveis ou efeitos fixos do modelo, com dimensão $p \times 1$; a é o vetor de efeitos genéticos aditivos, com dimensão $q \times 1$; e é o vetor de efeitos ambientais não identificáveis ou erros aleatórios, de dimensão $n \times 1$; X e Z são matrizes de delineamento ou de incidência, contendo apenas valores 0 e 1, as quais associam os fenótipos (y) aos efeitos fixos (β) e aos valores genéticos aditivos dos animais (a), em que X tem dimensão $n \times p$ e Z tem dimensão $n \times q$; n , p e q representam o número de registros, o número de níveis de efeitos fixos e o número de níveis para os efeitos aleatórios, respectivamente.

Com base neste modelo, os valores genéticos são preditos resolvendo-se o sistema de equações de modelos mistos, que poderá sofrer alterações a depender da quantidade de características que está sendo analisada. Carolino et al. (2017) ainda ressaltam que, com o uso deste procedimento estatístico, os valores genéticos de um indivíduo são obtidos com a máxima precisão para as diversas características de importância econômica. Isto se deve ao fato de que, nas análises são considerados, em

termos práticos, o mérito genético de todos os parentes, a partir da inclusão na matriz de parentesco; todos os registros zootécnicos disponíveis, incluindo o pedigree e os dados produtivos; bem como os efeitos ambientais identificáveis que influenciam na expressão do fenótipo dos animais.

Os valores genéticos preditos para pequenos ruminantes podem ser expressos na forma de Diferença Esperada na Progênie (*DEP*), que representa a metade do valor genético do animal e prediz a habilidade de transmissão genética de um animal avaliado como progenitor. A *DEP* é utilizada como ferramenta para comparação e classificação, maximizando o poder de decisão do criador na escolha dos melhores reprodutores e matrizes para serem os pais da próxima geração e, assim, promover o melhoramento ou progresso genético dos rebanhos (LOBO; LOBO, 2007).

As *DEPs* podem ser calculadas para qualquer característica de importância econômica, desde que a mesma possa ser mensurada nos animais, como por exemplo, *DEPs* para peso ao desmame, para peso a um ano de idade, para idade ao primeiro parto, para o intervalo de parto e para área de olho de lombo. Cabe salientar que os valores das *DEPs* podem sofrer alterações à medida que são adicionadas novas informações nos modelos de avaliação genética. Sendo assim, é de suma importância que no momento da identificação dos animais com maior potencial genético, os produtores utilizem sumários com *DEPs* atualizadas.

Destaca-se que, quanto maior o número de informações a ser analisado nos modelos de avaliação genética, como o número de fenótipos avaliados e de progênes, por exemplo, maior a acurácia do valor genético predito (EVANGELISTA et al., 2019). Esta acurácia expressa a confiabilidade na predição dos valores genéticos e representa a correlação entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros dos animais. A acurácia pode variar de zero a um ou zero a 100%, de modo que quanto mais próximo de um ou 100%, maior a confiança na avaliação e no valor genético predito dos animais, acarretando em menores mudanças futuras, à medida que aumentam as informações a serem analisadas. A acurácia da predição dos valores genéticos dos animais pode ser dada pela seguinte fórmula (VAN VLECK et al., 1987):

$$r_{\hat{a}a} = 1 - \sqrt{\frac{PEV}{\sigma_a^2}}$$

em que *PEV* é a variância do erro de predição e σ_a^2 é a variância genética aditiva da característica de interesse.

Apesar do uso constante de modernas tecnologias de avaliação genética no Brasil, ainda são escassos trabalhos envolvendo algumas espécies pecuárias, como caprinos e ovinos, o que revela que ainda há muito a ser feito em termos de melhoramento genético para essas espécies no país. Lôbo et al. (2010) enfatizam que é de suma importância o desenvolvimento de trabalhos de extensão rural para fins de divulgação das tecnologias geradas pelo melhoramento animal, os quais devem acompanhar os avanços gerados no âmbito das academias científicas, pois os maiores interessados, os produtores rurais, muitas vezes assimilam essas tecnologias de forma inadequada ou tardiamente.

2.3 Zootecnia de precisão aplicada à criação de caprinos e ovinos

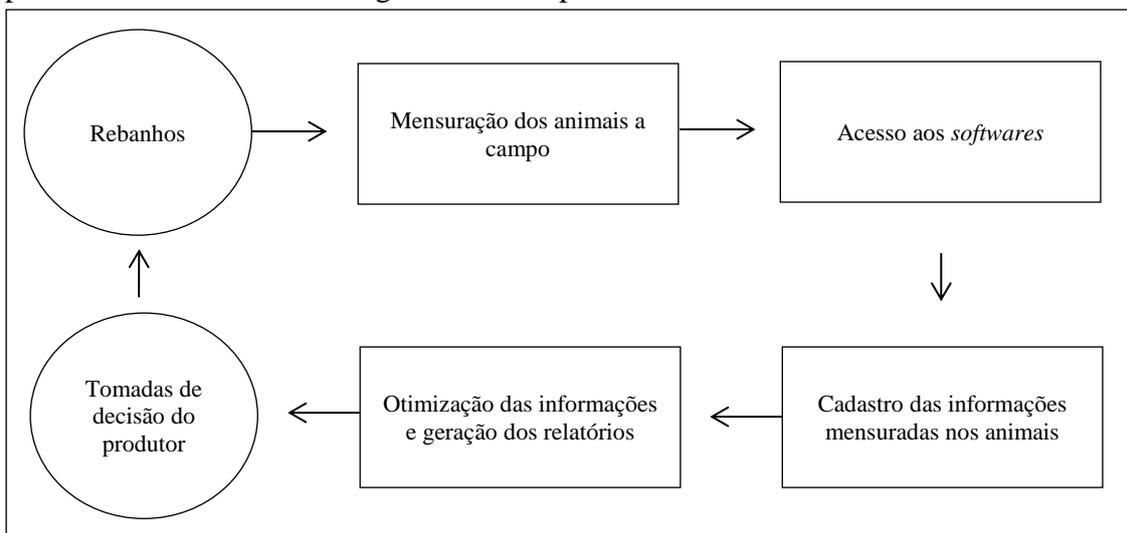
O mercado consumidor está cada vez mais exigente por produtos de qualidade, saudáveis e seguros. Isso tem exigido o desenvolvimento de inovações tecnológicas que possibilitem aos pecuaristas maior controle sobre todos os aspectos relacionados à criação dos animais (RAMOSA et al., 2019). Ao encontro dessa afirmativa, Martelo (2017) destaca a importância da adoção de um modelo mais empresarial dos sistemas de produção que, na grande maioria das vezes, requer o uso de tecnologias nas áreas de nutrição, reprodução, genética ou gerenciamento da produção.

O gerenciamento empresarial, por sua vez, tem impulsionado a demanda por sistemas informatizados ou automatizados aplicados à zootecnia, surgindo assim o conceito de Zootecnia de Precisão (ZP). A ZP é definida como um conjunto de tecnologias passíveis de serem aplicadas na criação das diferentes espécies de produção animal a fim de proporcionar um manejo mais eficiente e preciso em situações de campo (PANDORFI et al., 2012; TULLO et al., 2017; BOS et al., 2018).

O desenvolvimento de pesquisas relacionadas à ZP já é realidade para algumas espécies de animais ruminantes, como aquelas relacionadas ao uso de redes neurais para avaliação do estresse térmico em bovinocultura de corte (SOUSA et al., 2018); a predição do peso de bovinos de leite por meio de medidas corporais extraídas por imagens (WEBER et al., 2020); ou o uso de algoritmos de inteligência computacional para medição da estrutura corporal de ovinos com base na análise de imagens (ZHANG et al., 2018). Em pequenos ruminantes, essas pesquisas têm estimulado o maior desenvolvimento de inovações tecnológicas que possam ser aplicadas em situações reais de campo.

Como exemplo, tem-se o desenvolvimento de *softwares*, como o Capriovi, que é administrado por pesquisadores da Universidade Federal do Piauí e foi desenvolvido em linguagem de programação *JAVA*. Este *software* possibilita ao produtor o acesso e cadastro de informações relacionadas ao sistema de produção, a partir das quais são gerados relatórios zootécnicos, reprodutivos e genéticos que auxiliam nas tomadas de decisão rotineiras da propriedade (SARMENTO et al., 2017). Outros exemplos são o *Software* Pecuária Brasil Ovinos desenvolvido pela empresa Pecuária Brasil Assessoria, o Sistema de Gerenciamento de Rebanhos (SGR) e o Genecoc, ambos desenvolvidos pela Embrapa Caprinos e Ovinos. Os *softwares* supracitados apresentam semelhanças nas suas estruturas de funcionamento (Figura 2).

Figura 2 - Representação da estrutura de funcionamento de alguns *softwares* disponíveis para o controle zootécnico e genético de caprinos e ovinos.



Apesar das semelhanças, o *software* Capriovi apresenta um diferencial em relação aos demais, que é disponibilizar aos criadores ferramentas de melhoramento genético. Dentre essas ferramentas tem-se o índice de seleção baseado em ganhos desejados (PESEK; BAKER, 1969), seleção individual ou massal (fenotípica), bem com a metodologia de modelos mistos com modelo animal em análise unicaracterística, bicaracterística, com medidas repetidas e com inclusão do efeito materno.

Outro diferencial deste *software* é ofertar uma ferramenta para indicação de tratamento anti-helmíntico dos animais (vermifugar, alerta e não vermifugar) com base na combinação da contagem de ovos por grama de fezes (OPG), coloração da mucosa ocular avaliada com base no método FAMACHA[®] e escore de condição corporal

(ECC), utilizando a Lógica Fuzzy. Com essa indicação de tratamento o produtor poderá realizar o tratamento seletivo dos animais, amenizando o problema do uso indiscriminado de anti-helmínticos que tem ocasionado o aumento da resistência parasitária. Outro ponto de suma importância é que, com base no histórico de análise dos animais, ainda pode ser possível realizar a identificação daqueles que apresentam um perfil para resistência a verminose.

O uso de tecnologias a campo constitui um marco no processo de inovação tecnológica, além de proporcionar aos produtores uma melhoria na gestão zootécnica dos rebanhos (SUGUISAWA et al., 2009; ANDRADE et al., 2021). Autores como Pandorfi et al. (2012) e Teixeira et al. (2013) ainda ressaltam que a informatização dos processos produtivos permite visualizar os sistemas de produção por uma ótica mais ampla, possibilitando assim o monitoramento eficiente das atividades, a correta análise dos dados e geração de informações seguras para tomadas de decisão mais assertivas.

É relevante citar que, as ferramentas de ZP vêm ganhando força como aliadas aos criadores de caprinos e ovinos e, se desenvolvidas e utilizadas corretamente, podem oferecer oportunidades reais de ganhos de produtividade (BERCKMANS, 2014). Esse fato tem demonstrado a importância de investimentos em pesquisas, bem como em trabalhos que expõem a aplicação na prática dessas ferramentas.

2.4 Seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos

Nos sistemas de produção animal, o uso de ferramentas de melhoramento genético, como a seleção de acasalamentos pode contribuir para melhoria nos índices de produtividade dos rebanhos e melhorar a qualidade dos produtos gerados, garantindo maior retorno financeiro aos produtores. Essa seleção consiste na escolha dos reprodutores, que ao serem utilizados com cada matriz irão maximizar o valor genético das progênes, além de controlar a endogamia do rebanho.

Na seleção de acasalamentos, o uso de informações genéticas baseadas nas *DEPs* e também nas características produtivas de interesse econômico de cada animal pode contribuir para definir os acasalamentos mais adequados, a fim de potencializar o progresso genético no rebanho, além de contribuir para o uso mais racional de animais geneticamente superiores (VIEIRA et al., 2014).

É importante ressaltar que a seleção de acasalamentos na caprino e ovinocultura deverá ser adotada levando-se em consideração a demanda do mercado ao qual o sistema de produção está voltado. Isto visa gerar incrementos de forma expressiva nos

índices produtivos e reprodutivos com a finalidade de obter ganhos genéticos contínuos, através do resultado de cada matriz acasalada com determinado reprodutor para produzir animais comerciais e com máximos valores genéticos para determinada característica de interesse. Dessa forma, as estratégias utilizadas devem estar de acordo com a realidade de cada propriedade, no que diz respeito ao controle zootécnico, capacitação dos técnicos, número de fêmeas e machos aptos a acasalar.

Na criação de pequenos ruminantes e de outras espécies de produção animal existe a possibilidade de aplicação de diferentes sistemas de acasalamentos. Dentre os sistemas relacionados ao desempenho fenotípico ou genético dos animais, tem-se os acasalamentos aleatórios (AA), acasalamentos entre semelhantes ou preferências positivos (APP) e os acasalamentos entre dessemelhantes ou preferências negativos (APN).

Os AA são os mais simples de operacionalizar e caracterizam-se pela igual probabilidade de um determinado reprodutor acasalar com qualquer fêmea do rebanho, além de não considerar o fenótipo ou o relacionamento genético entre os animais (BOURDON, 2000). Cabe salientar que os acasalamentos realizados nas propriedades rurais que adotam o sistema de produção extensivo com pouco ou nenhum controle reprodutivo é uma aproximação dos AA, visto que a formação dos pares reprodutivos ocorre em função da preferência dos animais, o que viola o preceito da aleatoriedade (JIANG et al., 2013).

Os APP e os APN são mais refinados e exigem maior controle operacional do sistema de produção. O APP caracteriza-se pela formação de pares entre os animais fenotipicamente ou geneticamente semelhantes, ou seja, os melhores machos acasalam com as melhores fêmeas e os piores machos com as piores fêmeas (ELER, 2017). Este sistema de acasalamento aumenta as chances de obter animais com alto mérito genético (extremos ótimos), favorecendo a seleção dos futuros reprodutores. Além disso, a progênie tem alta variabilidade, contribuindo para o processo de seleção.

Ao encontro dessa afirmativa, Neves et al. (2009), ao avaliarem estratégias alternativas de acasalamentos dirigidos, a fim de aumentar a probabilidade de produzir animais superiores e reduzir a variabilidade da progênie em bovinos em uma única geração, constataram que os acasalamentos entre animais semelhantes resultaram em maior variabilidade da progênie e, conseqüentemente, alguns animais com maiores valores genéticos.

Em relação ao APN, este se caracteriza pela formação de pares entre animais fenotipicamente ou geneticamente diferentes, ou seja, os melhores machos acasalam com as piores fêmeas e vice-versa (ELER, 2017). Esse tipo de acasalamento resulta em uma progênie mais uniforme (valores médios), o que facilita o manejo dos animais criados em lotes. Seu uso é mais recomendado em situações em que é mais rentável produzir animais homogêneos. Neves et al. (2009) relataram que essa estratégia de acasalamento já é adotada empiricamente por alguns criadores que procuram combinar reprodutores e matrizes com características diferentes para gerar progênies mais uniformes entre si.

Montenegro et al. (2019) destacam que um dos pressupostos para a escolha de qual estratégia de acasalamento adotar consiste em determinar a finalidade da produção, bem como os critérios a serem utilizados para selecionar as matrizes e reprodutores para posteriormente atribuir os pares reprodutivos. Porém, a formação dos pares reprodutivos é uma operação complexa, uma vez que estes devem ser planejados simultaneamente dentro de cada geração. Assim, o uso de tecnologias da ciência da computação, como os algoritmos genéticos, apresenta-se como uma importante opção para auxiliar os produtores na seleção de acasalamentos, contribuindo para maximizar o ganho genético dos rebanhos dentro de um limite de endogamia pré-estabelecido.

2.5 Algoritmos genéticos para seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos

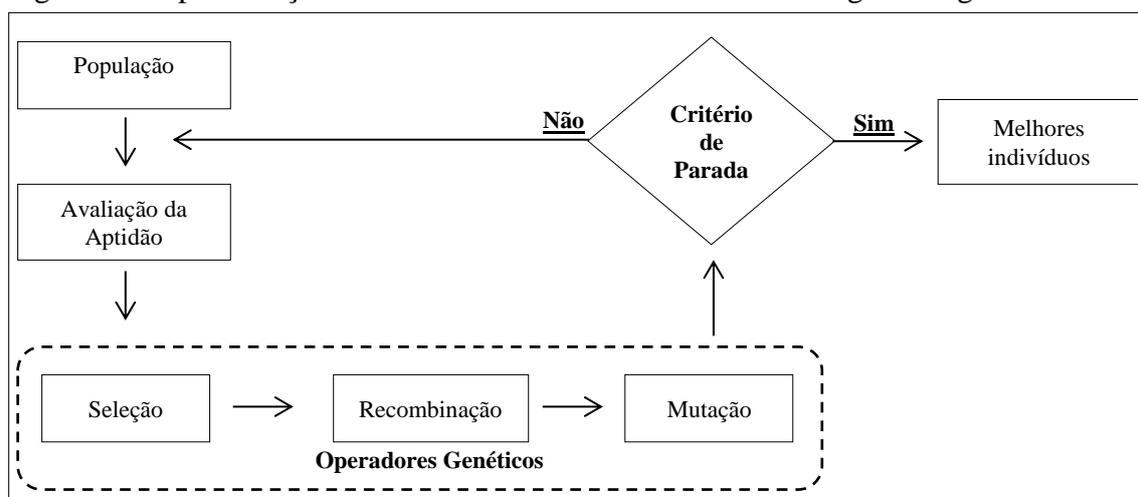
O desenvolvimento de pesquisas que envolvem o uso de ferramentas de inovações tecnológicas para a formação de pares reprodutivos nos sistemas de produção de pequenos ruminantes ainda é bastante limitado. Entretanto, Carvalho et al. (2016) demonstraram as potencialidades do uso de algoritmos genéticos (AGs) como ferramenta para facilitar e otimizar a seleção de acasalamentos em caprinos e ovinos.

Os AGs são procedimentos computacionais inspirados na teoria da evolução de Charles Darwin, utilizando conceitos de indivíduos, seleção, recombinação e mutação. A partir desses processos os AGs realizam uma otimização no espaço de busca do problema a fim de encontrar soluções ótimas ou aproximadamente ótimas. Os AGs caracterizam-se por empregar estratégia de busca paralela e estruturada, porém aleatória, que é voltada em direção ao reforço da busca de pontos de "alta aptidão", ou seja, pontos nos quais a função a ser maximizada/minimizada tem valores relativamente altos/baixos (LINDEN, 2006). Santos et al. (2012) ressaltam que, apesar de aleatórios, os AGs exploram informações históricas para encontrar novos pontos de busca onde são

esperados melhores desempenhos. Isso é feito através de processos iterativos, onde cada iteração é chamada de geração.

De maneira geral, no funcionamento dos AGs (Figura 3), inicialmente é gerada uma população formada por um conjunto aleatório de indivíduos que podem ser vistos como possíveis soluções do problema. Durante o processo evolutivo, esta população é avaliada de modo que, para cada indivíduo é dada uma nota ou índice que reflete sua habilidade de adaptação a determinado ambiente. Uma porcentagem dos indivíduos mais adaptados será selecionada, enquanto os outros serão descartados (Darwinismo). Os membros mantidos pela seleção têm a chance de perpetuar seu material genético, através da aplicação dos operadores genéticos de recombinação e mutação, gerando descendentes para a próxima geração. O critério de parada dos AGs é caracterizado pela obtenção de uma solução satisfatória ou pelo término do tempo computacional pré-estabelecido (LINDEN, 2012).

Figura 3 - Representação da estrutura de funcionamento de um algoritmo genético.



A efici ncia do uso de algoritmos evolucion rios, como o de evolu o diferencial, foi apresentada por Carvalheiro et al. (2010), ao desenvolverem um programa para contribui o gen tica  tima na sele o de animais candidatos a reprodu o. Para isso, foram usados dados simulados e reais de popula es com gera es sobrepostas e a fun o-objetivo otimizada foi composta pelo m rito gen tico esperado da futura prog nie e pela coascend ncia m dia dos animais em reprodu o. Esses autores afirmaram que o programa foi capaz de proporcionar uma melhoria na resposta gen tica futura e controle mais eficiente da taxa de endogamia, quando

comparado a procedimentos empíricos de controle da endogamia e/ou com a seleção baseada apenas no valor genético esperado.

Nessa mesma ótica, Santos et al. (2016) avaliaram estratégias de seleção simulada pela contribuição genética ótima quanto ao ganho genético, com restrição para coancestria, para a característica peso aos 84 dias de idade, em ovinos Santa Inês. Os autores supracitados destacaram que a seleção de ovinos pela contribuição genética ótima oferece diferentes níveis de ganho genético, que são atingíveis a partir de restrições sobre a coancestria. Sendo assim, é possível minimizar a coancestria, ou restringi-la em um valor pré-definido, e maximizar o ganho genético simultaneamente com o uso da contribuição genética ótima.

A viabilidade do uso de AGs para a seleção de acasalamentos em pequenos ruminantes foi apresentada por Carvalho et al. (2016). Esses autores desenvolveram e implementaram no *Software* Capriovi um módulo a fim de realizar orientações de acasalamentos visando maximizar ganhos genéticos e minimizar a endogamia média do rebanho.

Para isso, os autores supracitados segmentaram a abordagem proposta em quatro fases. Na primeira fase são inseridos os parâmetros de entrada necessários para execução da abordagem, que são: definir a idade mínima para acasalamento dos machos e fêmeas; escolha da característica a ser analisada e o seu valor de herdabilidade. Na fase dois, são calculadas as relações de parentesco de cada animal em relação aos demais animais do rebanho e a predição das suas *DEPs*. Na terceira fase, denominada “Seleção dos animais aptos a acasalar” é realizada a seleção dos animais que devem obedecer a dois critérios de inclusão: estarem vivos e possuir a idade mínima para acasalamento. Na quarta e última fase é realizada a orientação de acasalamentos. Para isto, foi implementado o algoritmo genético com função multiobjetivo para maximizar os ganhos genéticos e minimizar a endogamia do rebanho. Carvalho et al. (2016) destacaram que o AG foi capaz de realizar orientações de acasalamentos que resultaram em progênies com maiores valores genéticos e menores valores de endogamia.

Apesar dos avanços nas pesquisas relacionadas à seleção de acasalamentos mediante o uso de ferramentas de inovação tecnológica, é de suma importância que o registro das informações a nível de campo seja realizado de forma correta. Isto porque erros no pedigree, somado a informações errôneas, perdidas ou desconhecidas, por exemplo, podem resultar em estimativas viesadas dos coeficientes de parentesco, de endogamia e dos valores genéticos preditos dos animais (VASCONCELOS et al., 2005;

JOEZY-SHEKALGORABI et al., 2016). Predições errôneas poderão resultar, por exemplo, na atribuição de um determinado reprodutor sem registro de pedigree a várias fêmeas, já que essa combinação, teoricamente, vai gerar uma progênie com baixo valor de endogamia individual.

3 REFERÊNCIAS

- ALVES, A. R.; VILELA, M. S.; ANDRADE, M. V. M.; PINTO, L. S.; LIMA, D. B.; LIMA, L. L. L. Characterization of the goat and sheep production system in the south region of the state of Maranhão, Brazil. **Veterinária e Zootecnia**, v.24, p.515-524, 2017.
- ANDRADE, M. V. V.; BRITO, J. A.; MONTEIRO, W. M.; MOREIRA, J. A. Validation of tools for the management of goat and sheep herds in the Pernambuco hinterland. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v.14, p.1-11, 2021.
- AQUINO, R. S.; LEMOS, C. G.; ALENCAR, C. A.; SILVA, E. G.; LIMA, R. S.; GOMES, J. A. F.; SILVA, A. F. The reality of sheep and goat production in Brazilian Semiarid: a picture of Araripe Sertao, Pernambuco. **Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.10, p.271-281, 2016.
- BASTOS, C. R.; CARDOSO, F. F.; YOKOO, M. J. I.; CAMARGO, S. S. Prediction of genetic values by means of robust models. **Conferências IADIS Ibero-Americanas**, p.157-164, 2020.
- BATISTA, N. L.; SOUZA, B. B. Caprinovinocultura in the Brazilian semiarid region - limiting factors and mitigation actions. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v.11, p.01-09, 2015.
- BERCKMANS, D. Precision livestock farming technologies for welfare management in intensive livestock systems. **Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)**, v.33, p. 189-196, 2014.
- BORGES, L. S.; ROCHA, F. S. B.; NERI, V. S.; MAIA, F. S. P.; CASTRO, O. C. C.; CAMPELO, J. E. G.; SARMENTO, J. L. R.; Computerized zootechnical and genetic management in small ruminants: a review. **Medicina Veterinária (UFRPE)**, v.13, p.251-257, 2019.
- BOS, J. M.; BOVENKERK, B.; FEINDT, P. H.; VAN DAM, Y. K. The Quantified Animal: Precision Livestock Farming and the Ethical Implications of Objectification. **Food Ethics**, v.2, p.77-92, 2018.
- BOURDON, G. E. P. **Understanding animal breeding**. Upper Saddle River: Prentice-Hall, 2000. 538p.
- CAROLINO, N.; SANTOS-SILVA, F.; CAROLINO, I. Genetic evaluation - Selection of sires in livestock species. **Agrociência**, v.5, p.1-2, 2017.
- CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, SANDRA A.; KINGHORN, B. Optimum contribution selection using differential evolution. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1429-1436, 2010.
- CARVALHO, T.; SANTOS, N.; LIRA, W.; OLIVEIRA, P. A.; SANTOS NETO, P.; SARMENTO, J. L.; RABÊLO, R. An Information System for Genetic Improvement of Goats and Sheep. **Sociedade Brasileira de Computação**, v.1, p.100-107, 2016.

COSTA, R. G.; RIBEIRO, N. L.; CAVALCANTE, I. T. R.; ROBERTO, F. F. S.; LIMA, P. R. Beef of goats and sheep of the Northeast: Differentiation and aggregation of value. **Revista Científica de Produção Animal**, v.21, p.25-33, 2019.

CRUZ, G. R. B.; BARROS, J. R. L.; SANTOS, D. G.; LIMA, A. M.; SILVA, A. C. R. Sanitary aspects in the production of goats and sheep by family producers in the semiarid region of Paraíba. **Revista Conexão UEPG**, v.15, p.129-134, 2019.

ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal**: sistemas de acasalamentos. Pirassununga : Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, 129p. 2017.

EVANGELISTA, A. F.; CAVALCANTE, D. H.; FONSECA, W. J. L.; BARROS JUNIOR, C. P.; CAMPELO, J. E. G.; SOUSA JÚNIOR, S.C. Heritability of growth traits in Nellore cattle using Restricted Maximum Likelihood and Bayesian inference methods. **Archivos de Zootecnia**, v.68, p.440-445, 2019.

FERNANDES, L. M.; CHINA, A. P. Z. Development of software for sheep management. **Interface Tecnológica**, v.17, p.166-178, 2020.

FRANÇA, F. M. C.; HOLANDA JÚNIOR, E. V.; SOUSA NETO, J. M. Financial viability analysis and economics of the exploration model of sheep and goats in Ceará through the agroforestry System. **Revista Econômica do Nordeste**, v.42, p.287-308, 2016.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: Animal Breeding Genetic Symposium in Honor of Dr. J. L. Lush, 1973, Champaign, **Proceedings...** Champaign, ASAS/ADSA, p.10-28.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph, Guelph. 462p, 1984.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Pesquisa Pecuária Municipal**. 2020. Acesso em: 25/03/2022. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado>.

JIANG, Y.; BOLNICK, D. I.; KIRKPATRICK, M. Assortative Mating in Animals. **The American Naturalist**, v.181, p.1-14, 2013.

JOEZY-SHEKALGORABI, S.; MAGHSOUDI, A.; TAHERI-YEGANEH, A.; RAJABI-MARAND, B. Pedigree analysis of Cashmere goat breed of South Khorasan. **Italian Journal of Animal Science**, v.15, p.590-594, 2016.

KATO, H. C. A.; BELCHIOR, E. B.; SOUSA, D. N.; MORAIS, O. R. Technological profile of caprinovinoculture production in the municipality of Tauá - CE. **Revista Desafios**, v.6, p.10-17, 2019.

LINDEN, R. **Algoritmos genéticos**: uma importante ferramenta da inteligência computacional. Rio de Janeiro: Brasport Livros e Multimídias Ltda, 348p. 2006.

LINDEN, R. **Algoritmos genéticos**. Rio de Janeiro: Editora Ciência Moderna, 428p. 2012.

LÔBO, R. B.; BITTNECOURT, T. C. B. S. C.; PINTO, L. F. B. Scientific progress in animal breeding during the first decade of XXI century. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.223-235, 2010.

LOBO, R. N. B. Opportunities for investment into small ruminant breeding programmes in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.136, p.313-318, 2019.

LOBO, R. N. B.; LOBO, A. M. B. O. Animal breeding as a tool for upgrowth and development of meat sheep sector. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.31, n.2, p.247-253, 2007.

MAIA, F. S. P.; CAMPELO, J. E. G.; SARMENTO, J. L. R.; SILVA, C. S.; MARQUES, J. R. F.; ALVES, F. A. S.; GUIMARÃES, R. C.; SILVA FILHO, R. Association of polymorphisms of the β - defensin 1 gene with nematode and protozoan infection traits in goat. **Parasite Immunology**, v.41, p.1-7, 2019.

MARTELO, L. S. Precision animal production: Concepts, applications and challenges. **Zootecnia Brasileira**, v.1, p.58-61, 2017.

MAYSONNAVE, G. S.; CAMPARA, J. M.; VAZ, F. N.; PASCOAL, L. L.; MELLO, R. O.; VARGAS, F. V.; PACHECO, P. S. Exploratory study of pricing of sheep and lamb meats sold in on line markets across different countries. **Archivos de Zootecnia**, v.66, p.405-413, 2017.

MONTENEGRO A. R.; SILVA, L. P.; LÔBO, R. N. B. Effect of different mating systems on population structure and genetic progresso of a simulated small flock. **International Journal of Environmental Sciences & Natural Resources**, v.21, p.1-14, 2019.

MORAES, R. E.; SOARES, M. F.; NOSCHANG, J. P.; RODRIGUES, D. S.; SILVA, D. S. C.; KOMMLING, S.; BORGES, V. L.; SILVEIRA, I. D. B. Sheep meat production from the perspective of animal welfare. **Brazilian Journal of Development**, v.6, p.21900-21911, 2020.

NEVES, H. H. R.; CARVALHEIRO, R.; CARDOSO, V.; FRIES, L. A.; QUEIROZ, S. A. Mating strategy for increasing the probability of producing outstanding animals and reducing progeny variability. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.1201-1204, 2009.

PANDORFI, H.; ALMEIDA, G. L. P.; GUISELINI, C. Precision animal production: basic principles and news in the swine production. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.13, p.558-568, 2012.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal Plant Science**, v.49, p.803-804, 1969.

- RAMOSA, I. O.; REZENDEA, M. P. G.; CARNEIRO, P. L. S.; SOUZA, J. C.; SERENOC, J. R.; BOZZID, R.; MALHADO, C. H. M. Body conformation of Santa Inês, Texel and Suffolk ewes raised in the Brazilian Pantanal. **Small Ruminant Research**, v.172, p.42-47, 2019.
- RESENDE, M. D. V.; PEREZ, J. R. H. R. Melhoramento animal: predição de valores genéticos pelo modelo animal - BLUP em Bovinos de leite, Bovinos de corte, Ovinos e Suínos. **Archives of Veterinary Science**, v.4, p.17-29, 1999.
- RODRIGUES, C. F.C.; IAPICHINI, J. E. C. B.; CHIEBAO, D. P.; GABRIEL, F. H. L. Well - being animal, management practices and good health in the production of sheep and goats. **Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.6, p.1-17, 2012.
- SANTOS, N. P. S.; SARMENTO, J. L. R.; CAMPELO, J. E. G.; REGO NETO, A. A.; NERI, V. S.; TORRES, T. S. Assisted selection: proposal optimization using Genetic Algorithms. **Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.6, p.1-16, 2012.
- SANTOS, N. P. S.; SARMENTO, J. L. R.; CARVALHEIRO, R.; CAMPELO, J. E. G.; SOUSA, W.; FIGUEIREDO FILHO, L. A. S.; REGO NETO, A. A.; BIAGIOTTI, D. Optimum genetic contribution applied to the selection of Santa Ines sheep. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.51, p.745-750, 2016.
- SARMENTO, J. L. R.; BARBOSA, L. T.; BARRETO NETO, A. D.; CELESTE, A. B.; SANTOS, N. P. S. Optimum contribution for mate selection in Santa Inês sheep. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.50, p.1-9, 2021.
- SARMENTO, J. L. R.; BORGES, L. S.; CASTRO, O. C. C.; SANTOS NETO, P. A.; CARVALHO, T. L. Capriovi. Programa de Computador, número de registro BR517000024-7, **Instituto Nacional de Propriedade Industrial**, 2017.
- SARMENTO, J. L. R.; SENA, L. S. Advances in genetic improvement in Latin America and future perspectives. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.25, p.81-89, 2017.
- SCHMOELLER, R. P.; PERON, V. D.; MENDONÇA, S. N. T. G.; VICENZI, S. L. Analysis of the practice of bookkeeping zootechnical and use of information systems in 100 milk properties the west of Paraná. **Revista Espacios**, v.38, p.23-35, 2017.
- SOUSA, R. V.; RODRIGUES, A. V. S.; ABREU, M. G.; TABILE, R. A.; MARTELLO, L. S. Predictive model based on artificial neural network for assessing beef cattle thermal stress using weather and physiological variables. **Computers and Electronics in Agriculture**, v.144, p.37-43, 2018.
- SUGISAWA, L.; MARQUES, A. C. W.; BARDI, A. E.; FAUSTO, D. Utilization of ultrasonography as a tool for standardization of commercial carcasses. **Revista Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v.3, p.55-65, 2009.
- TEIXEIRA, I. A. M.; GOMES, R. A.; CASTAGNINO, D. S.; FIGUEIREDO, F. O. M.; HÄRTER, C. J.; BIAGIOLI, B.; SILVA, S. P.; RIVERA, A. R. Technological

innovation in goat production. **Revista Brasileira de Saúde Produção Animal**, v.14, p.104-120, 2013.

TULLO, E.; FONTANA, I.; DIANA, A.; NORTON, T.; BERCKMANS, D.; GUARINO, MARCELLA. Application note: Labelling, a methodology to develop reliable algorithm in PLF. **Computers and Electronics in Agriculture**, v.142, p.424-428, 2017.

VAN VLECK, L. D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal sciences**. W.H. Freeman, New York. 391p, 1987.

VASCONCELOS, J.; MARTINS, A.; FERREIRA, A.; PINTO, S.; CARVALHEIRA, J. Inbreeding and inbreeding depression in portuguese dairy catt. **Revista Portuguesa de Ciências Veterinária**, v.100, p.33-38, 2005.

VIEIRA, C. V.; ANDRADE, W. B. F.; FARIA, C. U.; SILVA, N. A. M.; LÔBO, R. B. The efficiency of optimized mating analysis in obtaining genetic progress in Nelore cattle. **Bioscience Journal**, v.30, p.816-822, 2014.

WEBER, V. A. M.; WEBER, F. L.; GOMES, R. C.; OLIVEIRA JUNIOR, A. S.; MENEZES, G. V.; ABREU, U. G. P.; BELETE, N. A. S.; PISTORI, H. Prediction of Girolando cattle weight by means of body measurements extracted from images. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.49, p.1-10, 2020.

ZHANG, A. L.; WUA, B. P.; WUYUNA, C. T.; JIANGC, D. X.; XUANA, E. C.; MAA, F. Y. Algorithm of sheep body dimension measurement and its applications based on image analysis. **Computers and Electronics in Agriculture**, v.153, p.33-45, 2018.

4 CAPÍTULO I

Desenvolvimento de uma ferramenta para predição de valores genéticos em pequenos ruminantes de corte

*De acordo com as normas da Revista Acta Scientiarum. Agronomy, ISSN: 1807-8621.

1 **Desenvolvimento de uma ferramenta para predição de valores genéticos**
2 **em pequenos ruminantes de corte**

3
4 Laylson da Silva Borges^{1*}, Otávio Cury da Costa Castro²,
5 José Lindenberg Rocha Sarmiento³

6
7 ¹Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Campus Universitário Ministro Petrônio
8 Portella, CEP 64049-550, Teresina, Piauí, Brasil.

9 ²Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências da Natureza, Campus Universitário Ministro Petrônio
10 Portella, CEP 64049-550, Teresina, Piauí, Brasil.

11 ³Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Campus
12 Socopo, CEP 64049- 550 Teresina, Piauí, Brasil. *Autor para correspondência/Corresponding author: E-
13 mail: laylson_borges@hotmail.com.

14
15 **Resumo**

16 Objetivou-se com esta pesquisa desenvolver e disponibilizar uma ferramenta no
17 *software* Capriovi 2.0 para predição de valor genético aplicada a caprinos e ovinos de
18 corte. A programação da ferramenta ocorreu no Laboratório de Otimização de *Softwares*
19 e Tecnologias da Universidade Federal do Piauí e será disponibilizada para uso em
20 ambiente Web no *software* Capriovi 2.0. Para a predição dos valores genéticos dos
21 animais, foi implementada a metodologia de modelos mistos para obtenção de soluções
22 tipo BLUP com modelo animal em análise multicaracterística. Com a finalidade de
23 aferir as rotinas desenvolvidas, foram utilizadas as características área de olho de
24 lombo, espessura de gordura subcutânea e perímetro da perna, mensurados em ovinos
25 da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo. O efeito fixo considerado foi o
26 grupo contemporâneo, definido por sexo, estação de coleta, ano de coleta e fazenda. Os
27 componentes de (co) variância foram estimados utilizando o programa
28 THRGIBBS1F90 e adotados como valores para predição dos valores genéticos dos
29 animais com o uso da ferramenta desenvolvida. A fim de auxiliar os criadores na correta
30 utilização dos valores genéticos preditos, foi implementado o cálculo do índice de
31 seleção genética. A ferramenta desenvolvida e implementada no Capriovi 2.0
32 possibilitou realizar a predição dos valores genéticos e o cálculo do índice de seleção
33 genética dos animais avaliados, podendo assim contribuir diretamente no processo de
34 identificação e seleção de animais geneticamente superiores para características de
35 carcaça, melhorando a qualidade e, como consequência, a aceitação comercial da carne
36 de pequenos ruminantes. A ferramenta desenvolvida mostrou-se eficiente para a
37 predição dos valores genéticos e para o cálculo do índice de seleção genética dos
38 animais.

39
40 **Palavras-chave:** avaliação genética, BLUP, modelo animal, ovinocultura, *software*
41 capriovi.
42

INTRODUÇÃO

43

44 A região Nordeste do Brasil destaca-se pelo efetivo de caprinos e ovinos, todavia
45 a maior parte da criação desses animais ocorre sem controle zootécnico adequado e com
46 baixo nível tecnológico. Isto resulta em níveis reduzidos de desempenho e impossibilita
47 a aplicação de técnicas de melhoramento genético, como a seleção (Carvalho et al.,
48 2020). Essa situação tem demandado o desenvolvimento de ferramentas informatizadas
49 para auxiliar no controle zootécnico dos rebanhos, como o *software* Capriovi (Sarmiento
50 et al., 2017). Com as informações registradas nessa ferramenta, é possível prever o
51 valor genético dos animais, contribuindo assim para o estabelecimento de programas de
52 melhoramento genético de pequenos ruminantes.

53

A predição de valores genéticos pode ser realizada com o uso da metodologia de
54 modelos mistos para a obtenção do Melhor Preditor Linear Não Viesado (*Best Linear*
55 *Unbiased Predictor* - BLUP). De modo geral, essa metodologia pode ser definida como
56 uma série de procedimentos estatísticos utilizados para estimar simultaneamente os
57 efeitos fixos e valores genéticos de todos os animais na base de dados, desde que
58 tenham parentescos com indivíduos que possuam registros (Martins et al., 2019).

59

A aplicação da metodologia de modelos mistos já é realidade nas cadeias
60 produtivas de bovinos, suínos e aves (Sena et al., 2021), porém a sua utilização nos
61 sistemas de criação de caprinos e ovinos ainda parece limitada. Devido à importância da
62 produção de pequenos ruminantes para o fornecimento de proteína e à necessidade de
63 melhorias para tornar este setor mais competitivo, faz-se necessário o desenvolvimento
64 de ferramentas tecnológicas para predição dos valores genéticos e seleção de animais
65 com potencial genético superior. Isso, por sua vez, poderá permitir ao criador modelar
66 geneticamente seu rebanho de acordo com as necessidades do mercado consumidor e
67 com os recursos de sua propriedade (Gadelha et al., 2020).

68

Dado o exposto e anteendo as necessidades dos criadores por ferramentas de
69 inovação tecnológica para avaliação genética em pequenos ruminantes, objetivou-se
70 com esta pesquisa desenvolver e disponibilizar uma ferramenta no *software* Capriovi
71 2.0 para predição de valor genético aplicada a caprinos e ovinos de corte.

72

73

MATERIAL E MÉTODOS

74

Esta pesquisa foi realizada após aprovação pelo Comitê de Ética no Uso de
75 Animais da Universidade Federal do Piauí (CEUA/UFPI), sob o nº 337/17. A
76 ferramenta para predição de valores genéticos (*VGs*) de caprinos e ovinos foi

77 desenvolvida no Laboratório de Otimização de *Softwares* e Tecnologias da
 78 Universidade Federal do Piauí, e será disponibilizada para uso em ambiente Web no
 79 *software* Capriovi 2.0. Todo o seu desenvolvimento ocorreu em linguagem de
 80 programação *JAVA* (Versão 8), com a finalidade de facilitar a integração com as demais
 81 rotinas já desenvolvidas e implementadas na primeira versão deste *software*.

82 Para a predição dos *VGs* de pequenos ruminantes, foi implementada a
 83 metodologia de modelos mistos para obtenção de soluções tipo BLUP (*Best Linear*
 84 *Unbiased Predictor*) (Henderson, 1973), com modelo animal em análise
 85 multicaracterística. O modelo animal adotado, em notação matricial, é descrito como:

$$86 \quad y = X\beta + Z_a + e$$

87 em que y é um vetor para as n observações, de dimensão $n \times 1$; β é um vetor de p
 88 grupos contemporâneos (*GCs*), com dimensão $p \times 1$; X é uma matriz de incidência de
 89 ordem $n \times p$, associando cada observação a um *GC*; a é o vetor de efeitos aleatórios,
 90 que representa o valor genético aditivo direto de cada animal, com dimensão $q \times 1$; Z é
 91 uma matriz de incidência, de dimensão $n \times q$, que associa cada observação ao animal
 92 que a produziu; e é um vetor de resíduos não conhecidos, de dimensão $n \times 1$; n , p e q
 93 representam o número de registros, o número de níveis de efeitos fixos e o número de
 94 níveis para os efeitos aleatórios, respectivamente.

95 Os *VGs* dos animais foram preditos resolvendo-se o sistema de equações de
 96 modelos mistos, representadas da seguinte forma:

$$97 \quad \begin{array}{ccc} & C & s \quad r \\ 98 \quad \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} & \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{a} \end{bmatrix} & \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \end{array}$$

99 em que G^{-1} e R^{-1} representam as inversas das matrizes de variância e covariância
 100 genética aditiva e residual, respectivamente.

101 A estrutura de covariância entre as características foi modelada como:

$$102 \quad Var \begin{bmatrix} \alpha \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G_0 & 0 \\ 0 & I \otimes R_0 \end{bmatrix}$$

103 em que

$$104 \quad G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 & & \\ & \sigma_{a2}^2 & \\ & & \sigma_{a3}^2 \\ & & & \text{Simétrica} \end{bmatrix}$$

105 é a matriz de (co) variância devido aos efeitos aditivos genéticos de animal; A é a matriz
 106 de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright,

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e12} & \sigma_{e13} \\ & \sigma_{e2}^2 & \sigma_{e23} \\ & \text{Simétrica} & \sigma_{e3}^2 \end{bmatrix}$$

108 é a matriz de (co) variância entre as características devido aos efeitos residuais; I é a
109 matriz identidade ($n \times n$, em que n representa o número de observações para cada
110 característica), e \otimes é o operador do produto Kronecker.

111 A solução desse sistema de equações de modelos mistos é dada por:

$$112 \quad s = C^{-1}r$$

113 em que s é o vetor de soluções, C^{-1} é a inversa da matriz de coeficientes e r é o vetor
114 das somas parciais em y .

115 A matriz A utilizada nas equações de modelos mistos indica o grau de
116 parentesco entre os indivíduos e foi construída de modo que seus elementos da diagonal
117 (a_{ii}) para cada indivíduo i seja igual a $1 + F_i$, onde F_i é o coeficiente de endogamia do
118 indivíduo i . Os elementos fora da diagonal (a_{ij}) referem-se ao coeficiente de parentesco
119 entre os indivíduos i e j . Para sua construção foi desenvolvido um algoritmo que segue
120 os passos definidos por Henderson (1976). Inicialmente, o algoritmo codifica os animais
121 de 1 a N , e ordena de forma que os parentais precedam suas progênes. Posteriormente,
122 o algoritmo busca as seguintes situações:

123 Se ambos os parentais (s e d) do indivíduo i são conhecidos, fazer:

$$124 \quad a_{ii} = 1 + 0,5 (a_{sd})$$

$$125 \quad a_{ji} = a_{ij} = 0,5 (a_{js} + a_{jd}), j = 1 a (i - 1)$$

126 Se somente um parental (s) é conhecido e supostamente não aparentado com a
127 fêmea com quem acasalou, fazer:

$$128 \quad a_{ii} = 1$$

$$129 \quad a_{ji} = a_{ij} = 0,5 (a_{js}), j = 1 a (i - 1)$$

130 Se ambos os parentais são desconhecidos e supostamente não aparentados, fazer:

$$131 \quad a_{ii} = 1$$

$$132 \quad a_{ji} = a_{ij} = 0, j = 1 a (i - 1)$$

133 A solução do sistema de equações que permite a predição dos VGs dos animais
134 requer o uso de bibliotecas de programação eficientes e robustas. Para isto, foi adotada a
135 biblioteca *Efficient Java Matrix Library* (EJML), versão 0.40, com uso do método de
136 Cholesky. Essa biblioteca é escrita 100% em *JAVA* para executar operações de álgebra

137 linear, ofertada de forma gratuita, apresenta múltipla interface gráfica e é acessível a
 138 todos os públicos, sejam iniciantes ou especialistas em programação.

139 Durante o desenvolvimento, foram criadas telas de entrada e saída de dados com
 140 uma interface gráfica simples e didática a fim de facilitar a interação com o usuário. Na
 141 tela de entrada, o usuário interage com o *software* inserindo os parâmetros necessários
 142 para predição dos *VGs*, ilustrado na Figura 1.

143

144 Figura 1 - Interface dos parâmetros de entrada para execução da ferramenta disponível
 145 no Capriovi 2.0 para predição de valores genéticos de caprinos e ovinos de corte.

146

147

148

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

161

162

163

164

165

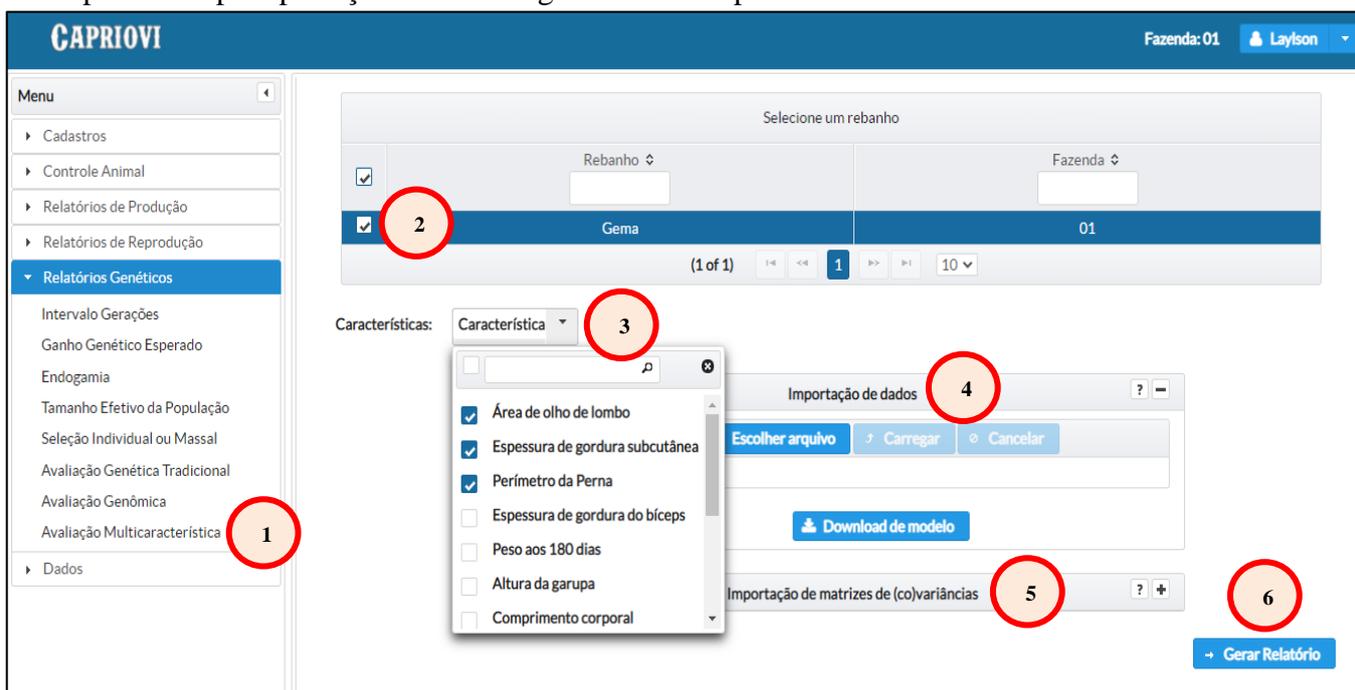
166

167

168

169

170

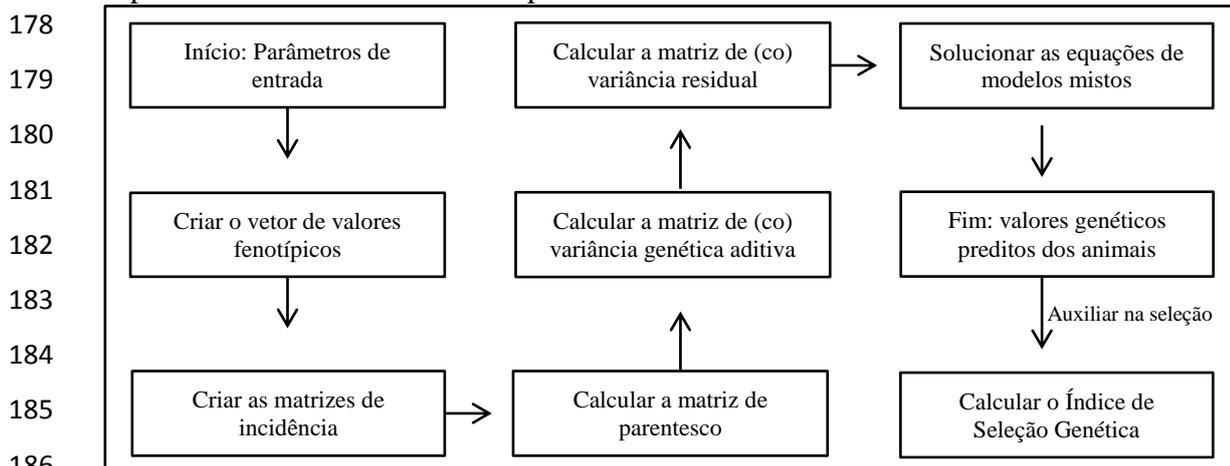


1 - Clicar na opção “Análise Multicaracterística”, localizado no Menu Relatórios Genéticos; 2 - Marcar o rebanho que deseja realizar a análise; 3 - Marcar as características a serem avaliadas; 4 - Importar dados para análise, para correta leitura dos dados, o usuário deverá estrutura-los nessa sequência: identificação do animal, pai e mãe, sexo, data da coleta, fazenda e variável resposta (AOL, EGS e PERPe). Observação: Esta opção é destinada àqueles usuários que pretendem usar a ferramenta para predição de *VGs*, porém ainda não possuem informações cadastradas no *software* Capriovi 2.0; 5 - Fazer o *download* do arquivo modelo, adicionar as variâncias e covariâncias genéticas aditivas e residuais das características a serem avaliadas (este é um pressuposto para a predição dos *VGs* dos animais), e realizar o *upload* do arquivo no modelo a ser analisado; 6 - Clicar em gerar relatório.

171 Após seguir esses passos, é solucionado o sistema de equações de modelos
 172 mistos e o usuário é direcionado para a tela de saída (relatório), na qual são
 173 apresentados os valores genéticos preditos dos animais avaliados. O fluxograma de
 174 execução da ferramenta é representado pela Figura 2.

175

176 Figura 2 - Fluxograma das etapas do processo para predição de valores genéticos de
 177 caprinos e ovinos com uso do Capriovi 2.0.



187

188 Com a finalidade de aferir as rotinas desenvolvidas, foram utilizadas
 189 informações do banco de dados de ovinos da raça Santa Inês gerenciado pelo Grupo de
 190 Estudo em Genética e Melhoramento Animal da Universidade Federal do Piauí. As
 191 coletas de dados foram realizadas em 18 fazendas localizadas na sub-região Meio-Norte
 192 do Brasil (estados do Piauí e Maranhão), em animais registrados junto à Associação
 193 Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO, <http://www.arcoovinos.com.br/index.php>)
 194 ou pertencentes ao núcleo de conservação de caprinos e ovinos da Embrapa Meio-Norte
 195 (Campo Maior, Piauí).

196 Os dados fenotípicos utilizados foram coletados entres os anos de 2012 e 2018 e
 197 são referentes às características de carcaça mensuradas por ultrassonografia *in vivo*
 198 sobre o músculo *Longissimus dorsi*, entre a 12ª e 13ª vértebras lombares, a saber: área
 199 de olho de lombo (AOL, cm²) e espessura de gordura subcutânea (EGS, mm). Também
 200 foram utilizadas informações da característica perímetro da perna (PERPe, cm),
 201 mensurada com uso de fita métrica na parte intermediária entre os ossos do jarrete
 202 (tarso) e ísquio, próximo à parte distal do fêmur (região tibiofemural), na perna direita
 203 do animal.

204 As medidas de carcaça obtidas por ultrassonografia foram aferidas por um
205 técnico treinado, com uso de um aparelho Aloka SSD500 (Corometrics Medical
206 System, Wallingford, CT), equipado com um transdutor linear de 3,5MHz. Para a
207 obtenção das imagens, cada animal foi contido individualmente, permitindo adequada
208 captura da imagem ultrassonográfica. Em seguida, foi realizada a limpeza da pele do
209 indivíduo e, com auxílio de pente, foi feita a separação de pelos na região anatômica
210 indicada para a mensuração (perpendicular ao comprimento do músculo *Longissimus*
211 *dorsi*), no lado esquerdo do corpo do animal. Logo após, foi aplicado gel incolor
212 específico para ultrassonografia no local, sobre o qual foi posicionado o transdutor. A
213 leitura das medidas (AOL e EGS) coletadas em cada animal foi realizada no momento
214 da coleta, após congelamento da imagem pelo operador do aparelho de ultrassom.

215 Os animais eram criados em sistema semi-intensivo, em que recebiam
216 suplemento nutricional em época de escassez de pastagem. Foram considerados como
217 efeitos fixos para formação dos *GCs* os efeitos de sexo do animal (1 = macho e 2 =
218 fêmea), período de coleta (1 = coletas realizadas de janeiro a maio – estação chuvosa; e
219 2 = coletas realizadas de junho a dezembro – estação seca), ano de coleta (2012, 2013,
220 2014, 2017 e 2018) e fazenda (1 a 18). Apenas observações de *GCs* com no mínimo
221 dois animais foram mantidas e amostras com valores acima ou abaixo de três desvios
222 padrão da média de cada *GC* foram removidas. No total, 977, 894 e 882 observações de
223 AOL, EGS e PERPe, respectivamente, foram utilizadas para a predição do *VGs* dos
224 animais com o uso da ferramenta desenvolvida.

225 O arquivo de dados de pedigree incluiu 1.637 animais, dos quais 206 indivíduos
226 eram pais e 713 eram mães. A profundidade do pedigree utilizado foi de oito gerações,
227 em que 933 indivíduos tinham informação de pai e mãe, 40 indivíduos tinham apenas
228 mãe conhecida e 664 não tinham ancestrais conhecidos.

229 A predição dos *VGs* dos animais requer estimativas de componentes de (co)
230 variância para as características estudadas. Esses componentes foram estimados via
231 inferência Bayesiana, por meio de análise multicaracterística, usando o modelo animal.
232 Para isso, foi utilizado o programa THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2018). Essa análise
233 foi realizada com todas as características simultaneamente, a saber: AOL, EGS e
234 PERPe.

235 Para as estimativas da distribuição *a posteriori* dos componentes de (co)
236 variância, foi utilizado o programa POSTGIBBSF90 (Misztal et al., 2018), que permite
237 verificar a convergência da cadeia de Monte Carlo por meio de análises gráficas,

238 diagnóstico de Geweke (Geweke, 1992) e erro de Monte Carlo (Sorensen e Gianola,
239 2002). Foi utilizada uma cadeia de 1.000.000 de ciclos, com descarte inicial de 200.000
240 (*burn-in*) e intervalo de amostragem (*thinning interval*) a cada 100 ciclos, totalizando
241 8.000 amostras para a análise multicaracterística, a partir das quais as inferências foram
242 realizadas.

243 As abordagens utilizadas para as estimativas de componentes de (co) variância e
244 *VGs* basearam-se na utilização da matriz *A*. As estimativas de componentes de (co)
245 variância obtidas na análise multicaracterística foram utilizadas como valores para
246 predição dos *VGs* com o uso do Capriovi 2.0. A fim de auxiliar os criadores na correta
247 utilização dos valores genéticos preditos, foi implementado no Capriovi 2.0 o cálculo do
248 índice de seleção genética (ISG) dos animais avaliados. O ISG pode ser representado
249 como segue:

$$250 \quad ISG = a_1VG_1 + a_2VG_2 + a_3VG_3$$

251 em que a_1 , a_2 e a_3 representam, respectivamente, os ponderadores empíricos para as
252 características AOL, EGS e PERPe, e VG_1 , VG_2 e VG_3 representam, nessa mesma
253 ordem, os valores genéticos dos animais para as características AOL, EGS e PERPe
254 preditos com o uso do Capriovi 2.0. Os ponderadores empíricos para as características
255 avaliadas podem ser alterados a depender do interesse dos criadores.

256

257

RESULTADOS E DISCUSSÃO

258 O número de fenótipos, as médias, desvio padrão (DP), coeficiente de variação
259 (CV), valores mínimos e máximos para as características de carcaça de ovinos da raça
260 Santa Inês consideradas para testar a ferramenta desenvolvida estão apresentados na
261 Tabela 1. Os maiores valores de CV (%) foram encontrados para as características
262 mensuradas por ultrassonografia, as quais estão mais sujeitas a variações ambientais,
263 como por exemplo, nutrição e idade dos animais, em relação à circunferência da perna.

264

265 Tabela 1 - Estatística descritiva para características de carcaça mensuradas *in vivo* em
266 ovinos Santa Inês.

Característica	N	Média	DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
AOL (cm ²)	977	8,99	3,11	34,58	2,55	23,07
EGS (mm)	894	1,69	1,04	61,14	0,00	6,55
PERPe (cm)	882	38,76	4,42	11,41	22,00	55,00

267 AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; PERPe: perímetro
268 da perna; DP: desvio padrão; CV: coeficiente de variação.

269

270 Os componentes de variância e covariância estimados via inferência Bayesiana e
 271 adotados como valores para predição dos valores genéticos dos animais no Capriovi 2.0,
 272 estão sumarizados na Tabela 2. De modo geral, as estimativas desses componentes são
 273 importantes para subsidiar a escolha apropriada da estratégia de melhoramento a ser
 274 empregada nos rebanhos, além de permitir a obtenção de estimativas de ganhos com a
 275 seleção (Figueiredo Filho et al., 2017). Também é importante ressaltar que a acurácia
 276 das estimativas desses componentes depende de alguns fatores, como por exemplo,
 277 número de informações, qualidade do pedigree e do modelo estatístico, assim como o
 278 método de estimação adotado nas análises (Sarmiento et al., 2006).

279

280 Tabela 2 - Estimativas de componentes de variância, covariância e herdabilidade
 281 resultante para características de carcaça mensuradas *in vivo* em ovinos Santa Inês.

Característica	Componentes de variância e herdabilidade		
	σ_a^2	σ_e^2	h^2
AOL	1,5570	4,0394	0,28
EGS	0,1061	0,5921	0,15
PERPe	2,9079	11,2450	0,20
Componentes de covariância			
Aditiva			
$COV_{AOL \times EGS}$	0,39493		
$COV_{AOL \times PERPe}$	0,79361		
$COV_{EGS \times PERPe}$	0,18259		
Residual			
$COV_{AOL \times EGS}$	0,68659		
$COV_{AOL \times PERPe}$	1,91340		
$COV_{EGS \times PERPe}$	0,41033		

282 AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; PERPe: perímetro
 283 da perna; σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_e^2 : variância residual; h^2 : herdabilidade;
 284 $COV_{AOL \times EGS}$: covariância entre AOL e EGS; $COV_{AOL \times PERPe}$: covariância entre AOL e
 285 PERPe; $COV_{EGS \times PERPe}$: covariância entre EGS e PERPe.
 286

287 As estimativas de herdabilidade para AOL, EGS e PERPe variaram de baixa a
 288 moderada magnitude. Isso denota que os fenótipos mensurados nos animais não
 289 apresentam boa correspondência com seus valores genéticos. Assim, recomenda-se que
 290 a identificação e seleção de animais que tenham genes que promovam maior deposição
 291 de gordura entre os músculos e maior rendimento muscular de carcaça sejam realizadas
 292 com o uso de informações de parentesco, por meio da metodologia de modelos mistos
 293 para a obtenção do BLUP. Isto pode ser feito de forma simples e precisa com o uso da
 294 ferramenta desenvolvida no presente estudo.

295 Mousquer et al. (2013) ressaltaram que a seleção de animais com base apenas no
 296 seu valor fenotípico, prática comumente adotada em pequenas e médias propriedades
 297 rurais, pode resultar em ganhos genéticos muito aquém dos ganhos que poderiam ser
 298 obtidos se porventura os animais fossem selecionados com base no seu valor genético.
 299 Diante disso, o desenvolvimento de ferramentas de inovação tecnológica, como o
 300 *software* Capriovi 2.0, torna-se de suma importância para auxiliar os criadores nas
 301 tomadas de decisão acerca da seleção de animais melhoradores nos rebanhos, com base
 302 no seu valor genético.

303 Na Figura 3 estão sumarizados os valores genéticos dos animais submetidos à
 304 ferramenta desenvolvida e implementada no Capriovi 2.0. Neste caso, os valores
 305 genéticos representam uma estimativa do somatório do efeito de todos os genes
 306 presentes no genoma do animal relacionados com a expressão das características AOL,
 307 EGS e PERPe, analisadas simultaneamente.

308

309 Figura 3 - Interface da predição dos valores genéticos dos animais para características
 310 de carcaça mensuradas *in vivo* em ovinos Santa Inês com uso da ferramenta
 311 desenvolvida e implementada no Capriovi 2.0.

312

313

314

315

316

317

318

319

320

321

322

323

324

325

326

327

328

329

The screenshot displays the CAPRIOVI software interface for genetic evaluation. At the top, there is a header with the logo 'CAPRIOVI' and user information 'Fazenda: 01' and 'Layson'. Below the header, a navigation menu includes 'Rebanho', 'Análise genética', and 'Relatório de Índice de Seleção Genética (ISG)'. A red box highlights the 'Relatório de Índice de Seleção Genética (ISG)' menu item with the text: 'Interface com a identificação, sexo e valores genéticos dos animais.'

The main content area is titled 'Relatório de avaliação genética multicaracterística' and contains a table of genetic values. The table has the following columns: 'Identificação do animal', 'Sexo do animal', 'Valor Genético AOL', 'Valor Genético EGS', and 'Valor Genético PERPe'. The data rows are as follows:

Identificação do animal	Sexo do animal	Valor Genético AOL	Valor Genético EGS	Valor Genético PERPe
19	Fêmea	3,4297	0,7133	15,3487
33	Fêmea	6,0531	1,2789	24,4434
46	Fêmea	2,5598	0,5049	13,7191
54	Fêmea	4,5796	0,9651	21,3854
56	Fêmea	3,6075	0,7138	19,9395
61	Fêmea	2,1712	0,4452	11,6763
63	Fêmea	5,5213	1,1263	26,0624
64	Fêmea	2,2805	0,4417	14,3814
65	Fêmea	3,3592	0,6977	15,0296
99	Fêmea	3,4710	0,7289	15,0908

Below the table, there is a section titled 'Índice de Seleção Genética (ISG)' with three input fields for empirical weights: 'Área de Olho de Lombo (AOL): 40%', 'Espessura de Gordura Subcutânea (EGS): 35%', and 'Perímetro da Perna (PERPe): 25%'. A red box highlights these fields with the text: 'Ponderadores empíricos para execução do cálculo do ISG dos animais.'

At the bottom of the interface, there are two buttons: 'Voltar' (Back) and 'Gerar Relatório' (Generate Report).

Continua

330 Continuação da Figura 3

331 CAPRIOVI Fazenda: 01 Layslon

332 Relatório de avaliação genética multicausal

333 Rebanho Análise genética Relatório de Índice de Seleção Genética (ISG)

334

335 Tabela de valores genéticos

336 Identificação do animal	336 Sexo do animal	336 Valor Genético AOL	336 Valor Genético EGS	336 Valor Genético PERPe
337 116	Fêmea	4,4053	0,8944	21,6498
337 117	Fêmea	3,2311	0,6629	15,7609
338 118	Fêmea	2,3565	0,4582	12,9802
339 119	Fêmea	3,8544	0,7782	20,1804
339 249	Macho	6,5416	1,4094	23,4345
340 252	Fêmea	3,4774	0,7652	13,4028
341 258	Fêmea	3,1047	0,7248	8,6378
341 264	Fêmea	3,7173	0,7736	17,8483
342 269	Fêmea	3,1530	0,6723	15,5834
342 272	Fêmea	3,3916	0,6706	19,2981
343 274	Fêmea	3,3216	0,6812	15,7738
344 275	Fêmea	2,6599	0,4967	16,2903
344 276	Fêmea	2,9667	0,6462	11,4353
345 282	Fêmea	3,4231	0,6804	18,7358
346 284	Fêmea	2,5802	0,5096	13,9943
346 285	Fêmea	4,7984	1,0298	20,8774
347 286	Fêmea	4,0771	0,8680	17,5390
348 288	Fêmea	2,3708	0,4902	12,6242
348 289	Fêmea	4,2306	0,8774	19,3721
349 290	Fêmea	3,1870	0,6567	16,3590

350 (2 of 21) 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 20

351 AOL: área de olho de lombo; EGS: espessura de gordura subcutânea; PERPe: perímetro

352 da perna

353

354 Os dados apresentados na Figura 3 podem ser exportadas pelo usuário do

355 Capriovi 2.0 em extensão .xlsx, .pdf ou .csv, facilitando e tornando mais flexível o

356 acesso das informações por todos os profissionais envolvidos no sistema de produção.

357 Após a predição dos valores genéticos dos animais com o uso da ferramenta

358 desenvolvida, o criador com auxílio de um técnico capacitado deverá identificar e

359 priorizar a seleção e reprodução daqueles animais (machos e fêmeas) que apresentarem

360 os maiores valores genéticos para as características de carcaça avaliadas.

361 Brito et al. (2017) e Lazar et al. (2020) ressaltaram que para a carne de ovinos se

362 tornar mais atrativa ao consumidor e aumentar sua competitividade frente a outras

363 cadeias produtivas, como aves, suínos e bovinos, faz-se necessário avanços no

364 melhoramento genético de características relacionadas à maior deposição de gordura na
 365 carcaça, principalmente a intramuscular, e o maior rendimento de carcaça. Partindo
 366 desse pressuposto, o Capriovi 2.0 apresenta-se como um *software* que pode auxiliar os
 367 criadores na seleção de animais com boa condição corporal de abate e, possivelmente,
 368 com uma carne mais suculenta e atrativa ao mercado consumidor.

369 É imprescindível salientar que o Capriovi 2.0 não constitui apenas uma
 370 tecnologia destinada a prever os valores genéticos dos animais, mas também visa
 371 fornecer subsídios para que os criadores possam aplicar esse conjunto de informações
 372 genéticas. Sabe-se que a correta utilização dessas informações pode resultar em grandes
 373 benefícios para o melhoramento genético de pequenos ruminantes, da mesma forma, o
 374 mau uso destas pode trazer sérios prejuízos. Assim, o cálculo do ISG dos animais
 375 (Figura 4) pode contribuir para facilitar o processo de decisão do criador na seleção dos
 376 animais melhoradores, haja vista que é possível resumir em um único valor as
 377 qualidades dos animais, além de possibilitar a atribuição de um grau de importância às
 378 características avaliadas.

379

380 Figura 4 - Interface dos valores do índice de seleção genética (ISG) de ovinos Santa
 381 Inês calculados com uso do Capriovi 2.0.

382

383

384

385

386

387

388

389

390

391

392

393

394

395

396

Relatório de avaliação genética multicaracterística

Rebanho Análise genética **Relatório de Índice de Seleção Genética (ISG)**

Interface com a identificação, sexo, ISG e a opção para buscar a ficha técnica do animal.

Tabela de valores de ISG Colunas

Identificação do animal	Sexo do animal	ISG	Ficha técnica do animal
115	Macho	15,3655	
295	Macho	12,7928	
1488	Fêmea	12,1689	
1487	Fêmea	12,1418	
305	Fêmea	12,1260	
858	Fêmea	12,0040	
1486	Fêmea	11,9462	
839	Fêmea	11,8360	
840	Fêmea	11,7836	
838	Fêmea	11,6452	

(1 of 41) 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 10

Opções de exportação:

397

Continua

398 Continuação da Figura 4

399 CAPRIOVI Fazenda: 01 Layson

400 Relatório de avaliação genética multicaracterística

401 Rebanho Análise genética Relatório de Índice de Seleção Genética (ISG)

402 Tabela de valores de ISG

Identificação do animal	Sexo do animal	ISG	Ficha técnica do animal
1433	Fêmea	11,5800	
1490	Fêmea	11,5423	
846	Fêmea	11,4890	
1541	Fêmea	11,4806	
860	Fêmea	11,4529	
842	Fêmea	11,4385	
1457	Fêmea	11,4374	
1448	Fêmea	11,3356	
841	Fêmea	11,3106	
1540	Fêmea	11,3003	
298	Fêmea	11,2534	
1446	Fêmea	11,1739	
1456	Fêmea	11,0718	
1450	Fêmea	11,0383	
1445	Fêmea	10,9263	
1447	Fêmea	10,9006	
828	Fêmea	10,7967	
1470	Fêmea	10,7113	
837	Fêmea	10,6634	
1449	Fêmea	10,6608	

403 (2 of 21) 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 20

404 Opções de exportação:

420 ISG: índice de seleção genética.

421

422 O ISG dos animais apresentados na Figura 4 foi calculado pelo Capriovi 2.0
 423 utilizando a fórmula abaixo, em que se utilizam os ponderadores empíricos para cada
 424 característica avaliada e os valores genéticos preditos dos animais:

$$425 \quad ISG_i = 40\%VG_{1i} + 35\%VG_{2i} + 25\%VG_{3i}$$

426 em que ISG_i é o índice de seleção genética calculado para o i -ésimo animal; VG_{1i} , VG_{2i}
 427 e VG_{3i} são os valores genéticos preditos para AOL, EGS e PERPe para o i -ésimo
 428 animal.

429 As ponderações adotadas para as características avaliadas podem ser
 430 modificadas, proporcionando maior flexibilidade à ferramenta desenvolvida. Byrne et
 431 al. (2016) e Oliveira et al. (2020) ressaltam que essas ponderações podem diferir de

432 acordo com o sistema de produção e demandas do mercado consumidor. Mas, de modo
 433 geral, a aplicação dessas é necessária para garantir que a ênfase da seleção seja
 434 proporcional à importância econômica de cada uma das características incluídas no ISG.

435 Considerando-se os valores de ISG, nota-se que os animais identificados com os
 436 números 115, 295, 1488, 1487, 305 e 858 destacaram-se em relação aos demais por
 437 apresentarem maiores valores de ISG. Se esses animais forem selecionados e destinados
 438 à reprodução, espera-se que as progênes resultantes desses acasalamentos produzam
 439 carcaça de melhor qualidade, uma vez que no momento da construção do ISG foram
 440 atribuídos os maiores ponderadores para as características AOL e EGS.

441 As informações apresentadas na interface do ISG também podem ser exportadas
 442 pelo usuário em extensão .xlsx, .pdf ou .csv. Ademais, nessa interface ainda é possível
 443 buscar a ficha técnica do animal, clicando no ícone em azul (lupa). Nessa ficha técnica
 444 (Figura 5) são apresentadas informações adicionais dos animais, como por exemplo, a
 445 sua genealogia, que podem auxiliar os criadores sobre quais decisões tomar no dia a dia
 446 da propriedade.

447

448 Figura 5 - Interface da ficha técnica do animal disponível na ferramenta para predição
 449 de valores genéticos de caprinos e ovinos de corte.

450

451

452

453

454

455

456

457

458

459

460

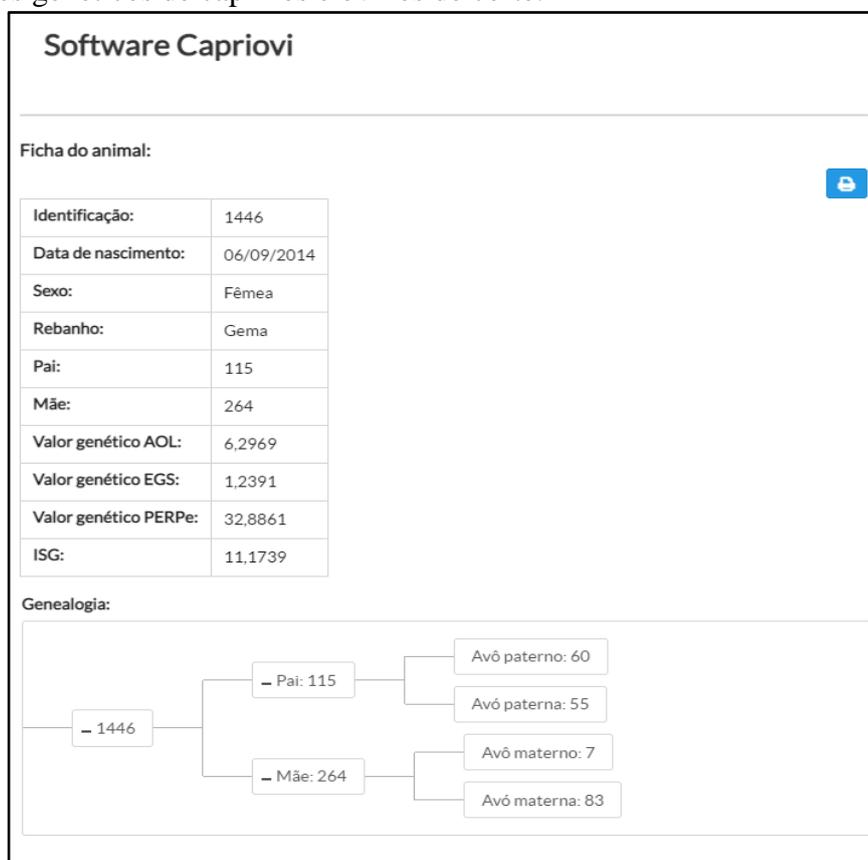
461

462

463

464

465



466 O desenvolvimento de ferramentas tecnológicas que possibilitem a predição dos
467 valores genéticos e o cálculo do ISG de pequenos ruminantes, como aquelas
468 desenvolvidas e implementadas no Capriovi 2.0, podem contribuir para a seleção dos
469 melhores animais do rebanho. Diante disso, fica evidente que a incorporação dessas
470 ferramentas no dia a dia da propriedade rural terá impacto considerável nos índices
471 zootécnicos dos rebanhos, pois agem diretamente no auxílio à tomada de decisões, além
472 de tornar o gerenciamento do sistema de produção mais eficaz (Fernandes, Severo e
473 Antunes, 2018; Silva et al., 2021).

474

475 **CONCLUSÃO**

476 A ferramenta desenvolvida e implementada no Capriovi 2.0 mostrou-se eficiente
477 para predição dos valores genéticos e para o cálculo do índice de seleção genética dos
478 animais avaliados. Essa ferramenta traz inovações tecnológicas para auxiliar na
479 identificação e seleção de animais geneticamente superiores para características de
480 carcaça.

481

482 **AGRADECIMENTOS**

483 Os autores agradecem o apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento
484 de Pessoal do Nível Superior (CAPES).

485

486 **REFERÊNCIAS**

487 Brito, L.F., Clarke, S.M., McEwan, J.C., Miller, S.P., Pickering, N.K., Bain, W.E., ...
488 Schenkel, F.S. (2017). Prediction of genomic breeding values for growth, carcass and
489 meat quality traits in a multi-breed sheep population using a HD SNP chip. *BMC Genet*,
490 18(7), 1-17. DOI: 10.1186/s12863-017-0476-8.

491

492 Byrne, T.J., Santos, B.F.S., Amer, P.R., Martin-Collado, D., Pryce, J.E., & Axford, M.
493 (2016). New breeding objectives and selection indices for the Australian dairy industry.
494 *Journal of Dairy Science*, 99(10), 8146-8167. DOI: 10.3168/jds.2015-10747

495

496 Carvalho, J. S., Silva, T. R., Santos, P. V. M., Almeida, F. F., Jesus, T. K. S., & Rizzo,
497 H. (2020). Characterization of goat and sheep production in the state of Sergipe,
498 Northeast of Brazil. *Acta Veterinaria Brasilica*, 14(1), 121-131. DOI:

499 10.21708/avb.2020.14.2.9247

- 500 Fernandes, R.A., Severo, J.A., & Antunes, L.W. (2018). The use of technology and
501 innovation in the management of rural properties and its relationship with productivity
502 and profitability. *Unoesc & Ciência - ACSA*, 9(2), 145-153.
503
- 504 Figueiredo Filho, L.A.S., Sarmiento, J.L.R., Ó, A.O., Santos, N.P.S., Sena, L.S., &
505 Sousa Júnior, A. (2017). Estimate of genetic parameters for carcass traits and visual
506 scores in meat sheep using Bayesian inference via threshold and linear models. *Ciência*
507 *Rural*, 47(03), 1-6. DOI: 10.1590/0103-8478cr20160174
508
- 509 Gadelha, J. A. F., Silva, R. A., Marques, A. V. M. S., Gadelha, H. S., Melo, W. F.,
510 Dantas, O. K. M., ... Maracajá, P. B. (2020). Influence of genetic improvement in beef
511 sheep flocks. *Research, Society and Development*, 9(10), 1-22. DOI: 10.33448/rsd-
512 v9i10.7774
513
- 514 Geweke, J. (1992). Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the
515 calculation of posterior moments. In: Bernardo, J.M., Berger, J.O., David, A.P., Smith,
516 A.F.M. (Ed.). *Bayesian statistics*. New York: Oxford University. Cap.4, 625-631.
517
- 518 Henderson, C. R. (1976). A simple method for computing the inverse of a numerator
519 relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics*, 32(1), 69-83.
520 DOI: 10.2307/2529339
521
- 522 Henderson, C. R. (1973). Sire evaluation and genetic trends. In: *Animal Breeding*
523 *Genetic Symposium in Honor of Dr. J. L. Lush, Champaign, Proceedings...* Champaign,
524 ASAS/ADSA, 10-28. DOI: 10.1093/ansci/1973.Symposium.10
525
- 526 Lazar, C., Pelmus, R. S., Gras, A. M., Rotar, M. C., & Popa, F. A. (2020). Review
527 Regarding the Evolution of Ultrasound Technique and the Impact on Selecting Animals
528 for Carcass Meat Quality. *Scientific Papers: Animal Science and Biotechnologies*,
529 53(1), 1-8.
530
- 531 Martins, A. M. F., Santos, V. A. C., Silvestre, A. M. D. (2019). The history of animal
532 breeding. *História da Ciência e Ensino: construindo interfaces*, 20(1), 106-114. DOI:
533 10.23925/2178-2911.2019v20espp106-114

534

535 Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D.A.L., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., &
536 Vitezica, Z. (2018). Manual for BLUPF90 family of programs.
537 http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf. Acessado em 20
538 de Agosto de 2021.

539

540 Mousquer, C. J., Hoffmann, A., Silva, M. R., Fernandes, G. A., Fernandes, F. F. D.,
541 Silva Filho, A. S., ... Ferreira, V. B. (2013). Benefits of using genetically superior
542 animals to increase production efficiency. *Publicações em Medicina Veterinária e*
543 *Zootecnia*, 7(21), 1-23.

544

545 Oliveira, W.P.S., Borges, L.S., Evangelista, A.F., Cavalcante, D.H., Castro, G.C.,
546 Oliveira, M.R.A., ... Campelo, J.E.G. (2020). Selection index for replacement of
547 females in herd of cut goats. *Brazilian Journal of Development*, 6(12), 95081-95096.

548

549 Sarmiento, J. L. R., Borges, L. S., Castro, O. C. C., Santos Neto, P. A., & Carvalho, T.
550 L. (2017). Capriovi. Programa de Computador, número de registro BR517000024-7,
551 *Instituto Nacional de Propriedade Industrial*.

552

553 Sarmiento, J. L. R., Torres, R. A., Sousa, W. H., Pereira, C. S., Lopes, P. S., & Breda, F.
554 C. (2006). Estimation of genetic parameters for growth traits of Santa Inês sheep using
555 single and multiple-trait models. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e*
556 *Zootecnia*, 58(), 581-589. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-09352006000400021>.

557

558 Sena, L. S., Borges, L. S., Rocha, A. O., Castro, G. C., & Sarmiento, J. L. R. (2021).
559 Advances in genetic improvement of the Santa Inês sheep breed. *Revista Científica de*
560 *Produção Animal*, 23(1), 37-45, 2021. DOI: 10.5935/2176-4158/rcpa.v23n1p37-45

561

562 Silva, R.T.N., Borges, D.M., Marques, J.W.R., & Fontenele, R.M. (2021). Identification
563 of technological management tools used by sheep producers in Quixeramobim, Ceará.
564 *Brazilian Journal of Development*, 7(8), 79516-79527. DOI: 10.34117/bjdv7n8-251

565

566 Sorensen, D.A., & Gianola, D. (2002). Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in
567 quantitative genetics, first ed. Springer, New York.

5 CAPÍTULO II

Desenvolvimento de uma ferramenta para seleção de acasalamentos dentro de rebanhos de pequenos ruminantes utilizando algoritmo genético

*De acordo com as normas da Revista Acta Scientiarum. Agronomy, ISSN: 1807-8621.

1 **Desenvolvimento de uma ferramenta para seleção de acasalamentos dentro** 2 **de rebanhos de pequenos ruminantes utilizando algoritmo genético**

3
4 Laylson da Silva Borges^{1*}, Otávio Cury da Costa Castro²,
5 José Lindenberg Rocha Sarmiento³

6
7 ¹Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Campus Universitário Ministro Petrônio
8 Portella, CEP 64049-550, Teresina, Piauí, Brasil.

9 ²Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências da Natureza, Campus Universitário Ministro Petrônio
10 Portella, CEP 64049-550, Teresina, Piauí, Brasil.

11 ³Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Campus
12 Socopo, CEP 64049- 550 Teresina, Piauí, Brasil. *Autor para correspondência/Corresponding author: E-
13 mail: laylson_borges@hotmail.com.

14 15 **Resumo**

16 Objetivou-se com esta pesquisa desenvolver e disponibilizar uma ferramenta para
17 Seleção de Acasalamentos aplicados a caprinos e ovinos de corte, tendo em vista
18 maximizar os ganhos genéticos em rebanho dentro de um limite de endogamia pré-
19 estabelecido pelo criador, por meio de algoritmo genético. A programação da
20 ferramenta ocorreu no Laboratório de Otimização de *Softwares* e Tecnologias da
21 Universidade Federal do Piauí e será disponível para uso em ambiente Web no *software*
22 Capriovi 2.0. A abordagem desenvolvida para realizar a Seleção de Acasalamento inclui
23 as seguintes etapas: 1) Predição dos valores genéticos dos animais e composição da
24 matriz de parentesco; 2) Seleção dos animais para acasalamento, aplicando intensidade
25 de seleção para machos e fêmeas; e 3) Simular acasalamentos nos animais selecionados,
26 a partir do uso do algoritmo genético *NSGA – II*. Com a finalidade de aferir as rotinas
27 desenvolvidas, foram utilizadas informações da característica Área de Olho de Lombo
28 (AOL) de 247 ovinos da raça Santa Inês, sendo 39 machos e 208 fêmeas. A ferramenta
29 desenvolvida realizou de forma eficiente a predição dos valores genéticos dos animais
30 avaliados, proporcionando ao criador a possibilidade de selecionar animais que
31 apresentem potencial genético superior no rebanho. O algoritmo genético recomendou
32 um total de 125 acasalamentos, de modo que os machos com maiores valores genéticos
33 para AOL, como os animais 814, 1407, 1418, 1302 e 1408, com valores genéticos
34 preditos de 17,43, 16,84, 16,84, 16,66 e 16,58 cm², nessa mesma ordem, foram
35 recomendados para acasalar com um maior número de fêmeas. As recomendações de
36 acasalamentos foram satisfatórias, pois proporcionaram combinações que irão produzir
37 endogamia igual à zero para as futuras progênies. A ferramenta desenvolvida mostrou-
38 se adequada para predição dos valores genéticos e seleção de acasalamentos em
39 pequenos ruminantes.

40
41 **Palavras-chave:** acasalamentos otimizados, endogamia, NSGA-II, *software* capriovi.

42
43

INTRODUÇÃO

44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77

A criação de pequenos ruminantes no Brasil vem passando por transformações importantes ao longo dos anos, o que tem permitido o uso de ferramentas de melhoramento genético nos sistemas de produção a fim de proporcionar melhorias nos rebanhos e, conseqüentemente, nos produtos gerados. Entre essas ferramentas, a seleção e os acasalamentos merecem atenção e, quando adotados de maneira simultânea, por meio da Seleção de Acasalamentos, proporcionam aumento no ganho genético dos rebanhos, além de minimizar efeitos indesejáveis sobre o sistema de criação.

A Seleção de Acasalamentos, de modo geral, consiste em realizar a melhor combinação de reprodutores e matrizes, a fim de gerar progênes geneticamente superiores ao mesmo tempo em que se busca controlar ou minimizar a endogamia do rebanho (Carthy, Mccarthy e Berry, 2019). Esta ferramenta, quando adotada de forma adequada, pode apresentar diferentes efeitos sobre os componentes ligados ao progresso genético dos rebanhos, como a endogamia a curto (coeficiente de endogamia na progênie) e longo (parentesco médio da população) prazo.

Apesar das potencialidades com o seu uso, a Seleção de Acasalamentos em pequenos ruminantes é uma operação complexa, haja vista que os valores dos acasalamentos estão relacionados entre si, ou seja, todos os pares reprodutivos devem ser planejados simultaneamente a cada geração (Montenegro, Silva e Lôbo, 2019). Por essa razão, a formação dos pares reprodutivos nesses animais ainda tem sido praticada de forma empírica e não sistematizada. Isso tem resultado em diminuição do ganho genético anual dos rebanhos e aumento da endogamia (Sarmiento et al., 2021).

Nessa ótica, o uso de algoritmos de inteligência computacional, como os algoritmos genéticos (AGs), apresenta-se como uma importante opção para contornar a complexidade da Seleção de Acasalamentos em pequenos ruminantes, principalmente quando a estratégia de otimização é maximizar o progresso genético dos rebanhos dentro de um limite de endogamia pré-estabelecido. Os AGs são técnicas computacionais inspiradas nos processos de evolução Darwiniana que utilizam conceitos como indivíduos, seleção, recombinação e mutação. Esses AGs são utilizados como ferramentas para resolver problemas de otimização (Mirjalili, 2019).

Dado o contexto e anteendo as necessidades dos criadores por ferramentas de inovação tecnológica para Seleção de Acasalamento dentro de rebanhos de pequenos ruminantes, objetivou-se com esta pesquisa desenvolver e disponibilizar uma ferramenta no *software* Capriovi 2.0 para Seleção de Acasalamentos aplicados a caprinos e ovinos

78 de corte, tendo em vista maximizar os ganhos genéticos dentro de um limite de
79 endogamia pré-estabelecido pelo criador, por meio de algoritmo genético.

80

81 MATERIAL E MÉTODOS

82 Esta pesquisa foi realizada após aprovação pelo Comitê de Ética no Uso de
83 Animais da Universidade Federal do Piauí (CEUA/UFPI), sob o nº 337/17. O
84 desenvolvimento da ferramenta para Seleção de Acasalamentos ocorreu no Laboratório
85 de Otimização de *Softwares* e Tecnologias da Universidade Federal do Piauí e será
86 disponível para uso em ambiente Web no *software* Capriovi 2.0. Todo o seu
87 desenvolvimento ocorreu em linguagem de programação *JAVA* (Versão 8), com acesso
88 a banco de dados *MySQL*, a fim de facilitar a integração com as demais rotinas já
89 desenvolvidas e implementadas neste *software*. O fluxograma de execução da
90 ferramenta é representado pela Figura 1.

91

92 Figura 1 - Fluxograma das etapas do processo para seleção de acasalamentos em
93 caprinos e ovinos com uso do Capriovi 2.0.

94

95 Início: Parâmetros de entrada

96

97
98 Composição da matriz de
99 numeradores dos coeficientes de
parentesco de Wright

100

101
102 Predição de valor genético dos
animais

103

Fim: Relatório com as recomendações
de acasalamentos dos animais

Simulação dos acasalamentos dos
animais selecionados, com uso de
algoritmo *NSGA-II*

Seleção dos animais

104

105 A abordagem desenvolvida para solucionar o problema da Seleção de
106 Acasalamento, a fim de maximizar o ganho genético dentro de um limite de endogamia
107 pré-estabelecido pelo criador, inclui as seguintes etapas:

- 108 1) Composição da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright
- 109 (Matriz *A*) e predição dos valores genéticos dos animais;
- 110 2) Seleção dos animais para acasalamento;
- 111 3) Simulação dos acasalamentos dos animais selecionados.

112 Na “Etapa 1” a Matriz A foi confeccionada com base em informações do
 113 pedigree dos animais. Esta matriz é simétrica e foi construída de tal modo, que seus
 114 elementos da diagonal (a_{ii}) para cada indivíduo i é igual a $1 + F_i$, onde F_i é o
 115 coeficiente de endogamia do indivíduo i . Os elementos fora da diagonal (a_{ij}) referem-
 116 se ao coeficiente de parentesco entre os indivíduos i e j . Para sua construção foi
 117 desenvolvido um algoritmo que segue os passos definidos por Henderson (1976).
 118 Inicialmente, o algoritmo codifica os animais de 1 a N , e ordena de forma que os
 119 parentais precedam suas progênes. Posteriormente, o algoritmo busca as seguintes
 120 situações:

121 Se ambos os parentais (s e d) do indivíduo i são conhecidos, fazer:

$$122 \quad a_{ii} = 1 + 0,5 (a_{sd})$$

$$123 \quad a_{ji} = a_{ij} = 0,5 (a_{js} + a_{jd}), j = 1 a (i - 1)$$

124 Se somente um parental (s) é conhecido e supostamente não aparentado com a
 125 fêmea com quem acasalou, fazer:

$$126 \quad a_{ii} = 1$$

$$127 \quad a_{ji} = a_{ij} = 0,5 (a_{js}), j = 1 a (i - 1)$$

128 Se ambos os parentais são desconhecidos e supostamente não aparentados, fazer:

$$129 \quad a_{ii} = 1$$

$$130 \quad a_{ji} = a_{ij} = 0, j = 1 a (i - 1)$$

131 Para predição dos valores genéticos (VGs) foi adotada a seguinte equação:

$$132 \quad VG = h^2 * (P_i - \mu_{GC})$$

133 em que h^2 representa a herdabilidade da característica avaliada, P_i representa o fenótipo
 134 do animal para a característica avaliada e μ_{GC} representa a média fenotípica da
 135 característica avaliada para o grupo de contemporâneo (GC) ao qual o animal pertence.

136 Durante a formação dos GC para predição dos VGs dos animais, faz-se
 137 necessário a inclusão dos efeitos fixos para modelagem do fenótipo. Tais efeitos podem
 138 sofrer alterações a depender da característica a ser analisada. Para tornar o procedimento
 139 mais simples e didático para o usuário do Capriovi 2.0, foi desenvolvido e
 140 disponibilizado para *download* no *software* um modelo padrão em extensão .xlsx para
 141 uma característica de cada componente funcional, a saber: peso ao 180 dias
 142 (desenvolvimento ponderal), ovos por gramas de fezes (sanidade), circunferência
 143 torácica (tamanho corporal) e área de olho de lombo (carcaça).

144

145 Na “Etapa 2”, é realizada a seleção dos animais que apresentam os melhores
 146 *VGs* preditos na etapa anterior. Para isso, é necessário que o usuário do *software*
 147 informe a proporção de animais (machos e fêmeas) a serem selecionados e destinados à
 148 reprodução. Além disso, foram introduzidos dois critérios para a seleção dos animais
 149 aptos a acasalar, que são: animais precisam estar vivos e ter a idade mínima para
 150 acasalamento de seis meses, para machos e fêmeas.

151 Na “Etapa 3”, é realizado o acasalamento daqueles animais selecionados na
 152 etapa anterior. Para isso, foi utilizado o algoritmo genético (*AG*) multiobjetivo *NSGA –*
 153 *II* proposto por Deb et al. (2000), a fim de indicar a formação de pares reprodutivos que
 154 maximizem o valor genético da progênie dentro de um limite de endogamia pré-
 155 estabelecido pelo criador e usuário do *software*. O *AG* foi implementado utilizando o
 156 *Framework JMetal* (Durillo, Nebro e Alba, 2010).

157 Para a otimização do *AG* na ferramenta desenvolvida foram adotados os
 158 seguintes conjuntos de parâmetros operacionais: população inicial tem a quantidade de
 159 indivíduos igual ao dobro do número de fêmeas escolhidas para simulação, conforme
 160 sugerido por Carvalheiro, Queiroz e Kinghorn (2010) e Kinghorn (2011); a taxa de
 161 recombinação é de 0,5; o fator de mutação é de 0,1; a condição de parada do *AG* é de
 162 25.000 gerações e, ao final dessas gerações, a melhor solução válida é indicada como
 163 recomendação para acasalamentos.

164 Ressalta-se que a Seleção de Acasalamentos com o uso desta ferramenta não faz
 165 qualquer predição com relação ao sexo da progênie a ser gerada pelos acasalamentos
 166 recomendados. Por outro lado, o *VG* e o *Coefficiente de endogamia da progênie*
 167 resultante dessas combinações foram calculados adotando as seguintes equações:

$$168 \quad VG \text{ da progênie} = \left(\frac{VG_{repr}}{2}\right) + \left(\frac{VG_{matr}}{2}\right)$$

169 em que VG_{repr} e VG_{matr} representam o valor genético do reprodutor e da matriz, nessa
 170 mesma ordem.

$$171 \quad \text{Coeficiente de endogamia da progênie} = \frac{R_{i,j}}{2}$$

172 em que $R_{i,j}$ representa o relacionamento genético entre os pais, que representa o
 173 numerador do coeficiente de Wrigth entre os pais i e j .

174 A fim de facilitar a interação entre o usuário e a ferramenta para Seleção de
 175 Acasalamentos, foi desenvolvida uma interface gráfica simples e didática, em que o
 176 usuário é responsável por inserir os parâmetros de entrada para execução das etapas da

177 abordagem proposta. Estes parâmetros podem ser modificados, o que confere grande
 178 flexibilidade no atendimento a diversas situações. Para gerar os relatórios desta
 179 ferramenta, o usuário interage com o *software* em dois momentos. No primeiro
 180 momento o usuário insere as informações necessárias para predição dos *VGs*, ilustrado
 181 na Figura 2.

182

183 Figura 2 - Interface dos parâmetros de entrada para execução da ferramenta disponível
 184 no Capriovi 2.0 para Seleção de Acasalamentos em caprinos e ovinos de corte.

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

197

198

199 **1** - Clicar na opção “Seleção Individual ou Massal”, localizado no Menu Relatórios
 200 Genéticos;

201 **2** - Marcar o rebanho em que será realizada a análise;

202 **3** - Indicar a característica a ser melhorada;

203 **4** - Indicar a herdabilidade da característica;

204 **5** - Importar dados para análise, para correta leitura dos dados, o usuário deverá
 205 estruturá-los nessa sequência: identificação do animal, pai e mãe, sexo, data da coleta,
 206 fazenda e variável resposta (AOL). Observação: Esta opção é destinada àqueles usuários
 207 que pretendem usar a ferramenta para Seleção de Acasalamentos, porém ainda não
 208 possuem informações cadastradas no *software* Capriovi 2.0;

209 **6** - Clicar em gerar relatório.

210 No segundo momento, são inseridas as informações necessárias para Seleção dos
 211 Acasalamentos, a saber: proporção de machos selecionados (5%, 10%, 15%, 20%, 25%
 212 ou 30%), proporção de fêmeas selecionadas (30%, 40%, 50%, 60%, 70% ou 80%),
 213 endogamia máxima da progênie (0%, até 3%, até 6%, até 9%, até 12% ou até 15%) e
 214 relação macho:fêmea (1:25, 1:35, 1:45, 1:55, 1:65 ou 1:75).

215 Com a finalidade de aferir as rotinas desenvolvidas na ferramenta, foram
 216 utilizadas informações do banco de dados de ovinos da raça Santa Inês, gerenciado pelo
 217 Grupo de Estudo em Genética e Melhoramento Animal da Universidade Federal do
 218 Piauí. Foram utilizados fenótipos da característica Área de Olho de Lombo (AOL, cm²)
 219 de 247 animais, sendo 39 machos e 208 fêmeas, mensurados em fazendas situadas na
 220 sub-região Meio-Norte do Brasil (Estados do Piauí e Maranhão), em animais registrados
 221 junto à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO,
 222 <http://www.arcoovinos.com.br/index.php>) ou pertencentes ao núcleo de conservação de
 223 caprinos e ovinos da Embrapa Meio-Norte (Campo Maior, Piauí).

224 Os dados fenotípicos utilizados foram coletados entre os anos de 2012 e 2018
 225 em animais criados em sistema semi-intensivo, que recebiam suplemento nutricional em
 226 época de escassez de pastagem. Foram considerados como efeitos fixos para formação
 227 dos GCs os efeitos de sexo do animal (1 = macho e 2 = fêmea), período de coleta (1 =
 228 coletas realizadas de janeiro a maio – estação chuvosa; e 2 = coletas realizadas de junho
 229 a dezembro – estação seca), ano de coleta (2012, 2013, 2014, 2017 e 2018) e fazenda (1
 230 a 14). No total, 247 observações de AOL foram utilizadas para a predição do VG dos
 231 animais. Os demais parâmetros adotados para execução das etapas da ferramenta para
 232 Seleção de Acasalamentos estão apresentados na Tabela 1.

233

234 Tabela 1 - Descrição dos parâmetros para execução das etapas da ferramenta para
 235 Seleção de Acasalamentos em caprinos e ovinos de corte.

Característica a ser melhorada	AOL
Herdabilidade da característica	0,26 (Sena et al., 2020)
Proporção de machos selecionados	25%
Proporção de fêmeas selecionadas	60%
Porcentagem de endogamia máxima	Menor ou igual a 12%
Relação Macho:Fêmea	01:25

236

237

RESULTADOS E DISCUSSÃO

238

239

Na Figura 3 é apresentado um resumo da predição dos valores genéticos dos animais submetidos à ferramenta desenvolvida e implementada na versão 2.0 do

240 *software* Capriovi. Essas predições proporcionam ao criador a possibilidade de
 241 identificar e selecionar reprodutores e matrizes que apresentam potencial genético
 242 superior no rebanho para a característica alvo da seleção, contribuindo para o processo
 243 de melhoramento genético.

244

245 Figura 3 - Interface da predição dos valores genéticos dos animais submetidos à
 246 ferramenta disponível no Capriovi 2.0 para Seleção de Acasalamentos em caprinos e
 247 ovinos de corte.

248

249

250

251

252

253

254

255

256

257

258

259

260

261

262

263

264

265

266

267

268

269

270

271

272

273

274

The screenshot displays the Capriovi 2.0 interface for genetic evaluation and mating selection. The top navigation bar shows 'Fazenda: 01' and the user 'Laylson'. The main menu includes 'Rebanho', 'Análise genética', and 'Acasalamentos sugeridos'. The 'Análise genética' section is active, showing a 'Relatório de avaliação individual massal'.

The 'Tabela de valores genéticos' table lists the following data:

Identificação do animal	Sexo	Valor genético	Ficha técnica do animal
4	Fêmea	17,87	[?]
19	Fêmea	13,71	[?]
20	Fêmea	9,71	[?]
40	Fêmea	9,71	[?]
45	Fêmea	11,79	[?]
46	Fêmea	11,45	[?]
47	Fêmea	12,05	[?]
50	Macho	13,24	[?]
55	Macho	9,71	[?]
56	Fêmea	11,29	[?]

The 'Seleção de Acasalamentos' panel includes the following parameters:

- Proporção de machos Selecionados: 25%
- Proporção de fêmeas selecionadas: 60%
- Porcentagem de endogamia máxima: Até 12%
- Relação macho:fêmea: 1:25

Buttons for 'Voltar' and 'Avançar' are visible at the bottom of the panel.

Annotations in the image highlight the '?' button in the table as an option for detailed information and the mating selection parameters as the algorithm execution settings.

A predição dos valores genéticos dos animais avaliados é baseada unicamente no valor fenotípico para a característica área de olho de lombo (AOL). Porém, na maioria das características de interesse econômico, apenas parte do fenótipo é determinada pela ação gênica, sendo o restante decorrente de efeitos de fatores ambientais. Para contornar esse problema, a predição dos valores genéticos dos animais com uso da ferramenta

275 desenvolvida no *software* Capriovi 2.0 é realizada a partir das correções do fenótipo
 276 para o efeito do grupo contemporâneo que o animal pertence, como forma de minimizar
 277 os efeitos ambientais.

278 As informações de valor genético, sexo e identificação do animal apresentadas
 279 na Figura 3 podem ser exportadas pelo usuário da ferramenta em extensão .xlsx, .pdf ou
 280 .csv, proporcionado ao criador autonomia e flexibilidade no trabalho a campo,
 281 principalmente naquelas propriedades sem acesso a internet. Nesta interface ainda é
 282 possível gerar a ficha técnica de cada animal, clicando no ícone em azul (lupa). Nesta
 283 ficha (Figura 4) são apresentadas informações mais detalhadas de cada animal que
 284 podem auxiliar o criador na tomada de decisão da propriedade ou na comercialização do
 285 animal em feiras agropecuárias.

286

287 Figura 4 - Interface da ficha técnica do animal disponível na ferramenta para Seleção de
 288 Acasalamentos em caprinos e ovinos de corte.

289

290

291

292

293

294

295

296

297

298

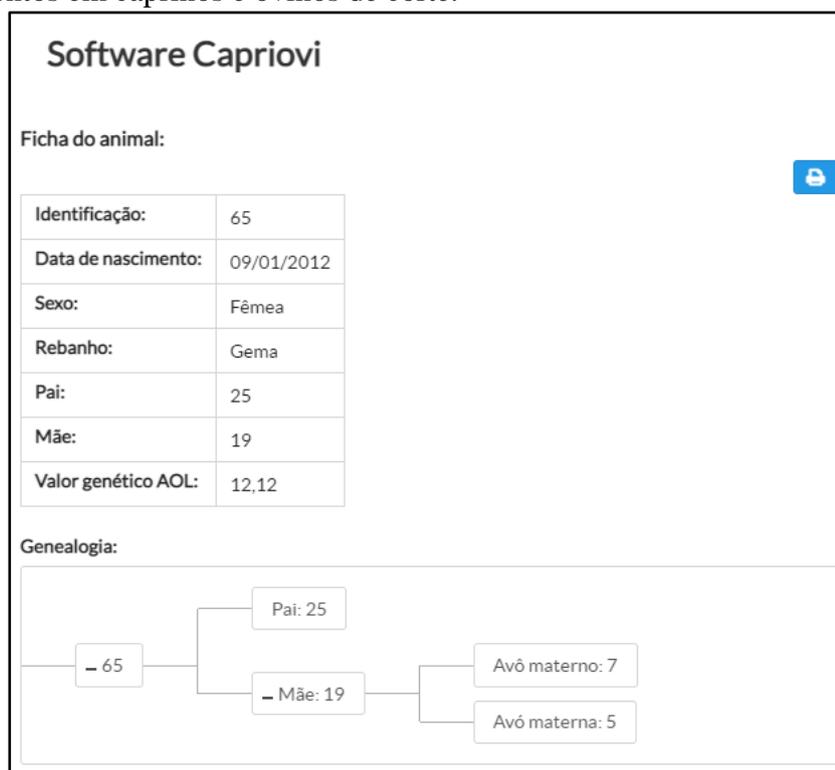
299

300

301

302

303



304

305

306

307

308

309

É importante ressaltar que o sucesso do melhoramento genético em pequenos ruminantes depende, fundamentalmente, da avaliação, identificação e seleção precisa de animais melhoradores, além de permitir que esses deixem maior número de progênie em relação à média da população (Gadelha et al., 2020). Sendo assim, após gerar os relatórios disponíveis na ferramenta desenvolvida neste estudo, o esforço dos produtores e técnicos deverá ser em identificar e selecionar reprodutores e matrizes que apresentem

310 maiores valores genéticos para a característica AOL, a exemplo da matriz com
311 identificação número 4, que apresenta 17,87 cm² de valor genético predito. Este valor,
312 possivelmente é consequência do conjunto gênico que esse animal possui e representa a
313 sua superioridade genética para a característica avaliada.

314 Sena et al. (2020) e Figueiredo Filho et al. (2021) destacaram que a melhoria
315 genética para o aumento da produção de carne e do rendimento de carcaça em pequenos
316 ruminantes se dá a partir da seleção de animais com melhores valores genéticos para
317 AOL, o que pode ser feito com maior precisão com o uso da ferramenta desenvolvida
318 no *software* Capriovi 2.0. Do ponto de vista comercial, a seleção desses animais para
319 reprodução com o uso desta ferramenta poderá agregar ainda mais valor ao produto
320 final e, conseqüentemente, gerar maior retorno financeiro a atividade.

321 É de suma importância ressaltar que o uso de animais selecionados para
322 reprodução de forma intensiva ou sem acompanhamento técnico pode resultar em
323 efeitos indesejáveis nas características econômicas e no desempenho dos animais,
324 devido ao aumento da taxa de endogamia dos rebanhos (Nabi et al., 2021; Tao et al.,
325 2021). Nesse sentido, os criadores e técnicos devem priorizar, no momento da formação
326 dos pares reprodutivos, aquelas combinações que maximizem o ganho genético dos
327 rebanhos sem comprometer a sua variabilidade genética a curto e longo prazo.

328 Na Figura 5 está ilustrada a interface com as recomendações de acasalamentos
329 realizadas pelo algoritmo genético *NSGA – II* implementado na ferramenta
330 desenvolvida, respeitando os parâmetros de entrada adotados. As informações
331 apresentadas nesta interface também podem ser exportadas pelo usuário em extensão
332 .xlsx, .pdf ou .csv. É imprescindível ressaltar que antes de gerar as recomendações de
333 acasalamentos é necessário que o criador, sob orientação técnica de um profissional da
334 área, defina corretamente os parâmetros de entrada necessários para execução do
335 algoritmo genético.

336 A fim de aumentar a base genética e possibilitar diferentes combinações de
337 acasalamentos buscando maior ganho genético dentro do limite de endogamia pré-
338 estabelecido pelo usuário (até 12%), 25% dos machos (10 machos) e 60% das fêmeas
339 (125 fêmeas) foram destinados a reprodução. Isto equivale à intensidade de seleção de
340 1,27 para machos e 0,64 para fêmeas. Além disso, foi imposta a restrição de que cada
341 macho selecionado poderia acasalar no máximo 25 vezes e as fêmeas apenas uma vez.
342 Se necessários, todos esses parâmetros de entrada podem ser modificados, o que confere
343 flexibilidade à ferramenta desenvolvida no atendimento às diversas situações.

344

345 Figura 5 - Interface das recomendações de acasalamentos realizadas com uso do
 346 algoritmo genético *NSGA – II* a partir de ovinos Santa Inês selecionados com os
 347 maiores valores genéticos para a característica área de olho de lombo (AOL).

348

349

350

351

352

353

354

355

356

357

358

359

360

361

362

363

364

365

366

367

368

369

370

371

372

373

374

375

376

377

378

348 CAPRIOVI Fazenda: 01 Layson

349 Avaliação individual massal

350 Relatório de avaliação individual massal

351 Rebanho Análise genética **Acasalamentos sugeridos**

352 **Recomendações de acasalamentos realizadas com uso do algoritmo genético NSGA-II.**

353 Botão “?”: Opção de ajuda para detalhar as informações apresentadas nesta interface.

354 Casais sugeridos

355 Colunas

Reprodutor ↕	Matriz ↕	Valor genético da progênie ↕	Endogamia da progênie ↕
814	4	17,65	0,00
1292	1300	16,70	0,00
1292	245	16,10	0,00
814	926	16,37	0,00
1292	547	15,93	0,00
1302	1121	15,90	0,00
814	109	16,24	0,00
815	1095	15,59	0,00
815	1254	15,59	0,00
1408	1625	15,55	0,00
1408	1089	15,53	0,00
814	1070	15,95	0,00
1407	1317	15,65	0,00
814	1162	15,92	0,00
1350	1612	15,49	0,00
814	1078	15,88	0,00
1302	1587	15,50	0,00
1292	1125	15,51	0,00
1302	1128	15,48	0,00
1418	1255	15,56	0,00

369 (1 of 7) 1 2 3 4 5 6 7 20

370 Opções para exportar as recomendações de acasalamentos.

371 Opções de exportação: [PDF] [Excel] [CSV]

372 Continua

379 Continuação da Figura 5

380

381

382

383

384

385

386

387

388

389

390

391

392

393

394

395

396

397

398

399

400

401

402

403

404

405

406

407

408

409

410

411

412

CAPRIOVI Fazenda: 01 

Avançar > Avaliação individual massal

Relatório de avaliação individual massal ?

Rebanho Análise genética Acasalamentos sugeridos

Casais sugeridos  Colunas

Reprodutor ↕	Matriz ↕	Valor genético da progênie ↕	Endogamia da progênie ↕
1408	1288	15,42	0,00
1407	1633	15,53	0,00
1408	1127	15,36	0,00
1406	1123	15,09	0,00
1407	1589	15,43	0,00
815	1155	15,21	0,00
1406	1623	14,95	0,00
1418	946	15,33	0,00
814	1054	15,62	0,00
1418	253	15,29	0,00
1302	1124	15,20	0,00
1406	19	14,88	0,00
1408	1120	15,13	0,00
1418	1094	15,25	0,00
1292	1062	15,15	0,00
1302	1173	15,11	0,00
1408	794	15,06	0,00
1350	1630	15,08	0,00
1350	1057	15,05	0,00
1407	838	15,13	0,00

(2 of 7) 

Opções de exportação: 

← Voltar

O algoritmo genético recomendou um total de 125 acasalamentos, depois de aplicada a intensidade de seleção para machos e fêmeas. Os dez machos selecionados obtiveram recomendações de acasalamentos, alguns em maior ou menor quantidade que outros, porém foi respeitada a restrição da quantidade máxima de acasalamentos para machos e fêmeas.

Observou-se ainda que os machos com maiores valores genéticos para AOL, a exemplo dos animais com identificação 814, 1407, 1418, 1302 e 1408, com valores genéticos 17,43, 16,84, 16,84, 16,66 e 16,58 cm^2 , respectivamente, foram recomendados para acasalar maior número de fêmeas. Juntos esses machos receberam 68% das recomendações de acasalamento. Em contrapartida, o macho 1628 apresentou menor valor genético predito (15,30 cm^2) entre os animais selecionados e recebeu

413 apenas duas recomendações de acasalamento, o que demonstra o controle exercido pela
414 ferramenta em formar pares reprodutivos que maximizem o valor genético da progênie
415 dentro do limite de endogamia pré-estabelecido pelo criador.

416 De modo geral, para o criador atingir maiores valores genéticos para as futuras
417 progênies, as recomendações ideais de acasalamento seriam aquelas entre o reprodutor
418 814 e as fêmeas 4, 926 e 109, e entre o reprodutor 1292 e as fêmeas 1300 e 245. No
419 entanto, é importante salientar que nos sistemas de produção de pequenos ruminantes o
420 criador não busca apenas as recomendações ideais de acasalamento, mas sim várias
421 combinações que possibilitem aumentar o ganho genético de forma satisfatória no
422 rebanho, sem com isso usar de forma excessiva e desigual poucos reprodutores. Sendo
423 assim, outros acasalamentos, como se observa na Figura 5, utilizando os demais
424 reprodutores podem ser recomendados.

425 Em suma, as recomendações de acasalamento realizadas pela ferramenta
426 desenvolvida foram satisfatórias, principalmente no que diz respeito à endogamia
427 prevista para as futuras progênies, haja vista que todas as recomendações realizadas
428 proporcionaram zero de endogamia na próxima geração. Esses resultados denotam que
429 essa ferramenta pode se tornar uma alternativa viável para os criadores de pequenos
430 ruminantes que buscam a melhoria genética dos rebanhos a partir da formação de pares
431 reprodutivos que use mais racionalmente os animais geneticamente superiores.

432

433

CONCLUSÃO

434 A ferramenta desenvolvida e implementada no Capriovi 2.0 mostrou-se eficiente
435 para predição dos valores genéticos de caprinos e ovinos para a característica área de
436 olho de lombo e o algoritmo genético *NSGA – II* recomendou os melhores
437 acasalamentos dos animais selecionados, respeitando a relação estabelecida, visando
438 maximizar o valor genético da progênie dentro do limite de endogamia pré-estabelecido
439 pelo criador.

440

441

AGRADECIMENTOS

442 Os autores agradecem o apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento
443 de Pessoal do Nível Superior (CAPES).

444

REFERÊNCIAS

- 445
446 Carthy, T. R., Mccarthy, J., & Berry, D. P. (2019). A mating advice system in dairy
447 cattle incorporating genomic information. *Journal of Dairy Science*, 102(9), 8210-8220.
448 DOI: 10.3168/jds.2019-16283
449
- 450 Carvalho, R., Queiroz, S. A., & Kinghorn, B. (2010). Optimum contribution selection
451 using differential evolution. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 39(7), 1429-1436. DOI:
452 10.1590/S1516-35982010000700005
453
- 454 Deb, K., Agrawal, S., Pratab, A., & Meyarivan, T. (2000). A fast elitist non-dominated
455 sorting genetic algorithm for multi-objective optimization: Nsga-ii. In Schoenauer, M.,
456 Deb, K., Rudolph, G., Yao, X., Lutton, E., Merelo, J. J., & Schwefel, H.P. Proceedings
457 of the Parallel Problem Solving from Nature VI Conference, 1917, 849-858, Paris,
458 France. Springer. Lecture Notes in Computer Science. DOI: 10.1007/3-540-45356-3_83
459
- 460 Durillo, J. J., Nebro, A. J., & Alba, E. (2010). The jMetal Framework for Multi-
461 Objective Optimization: Design and Architecture. Conference: *Evolutionary*
462 *Computation (CEC)*, 1-9. DOI:10.1109/CEC.2010.5586354
463
- 464 Figueiredo Filho, L. A. S., Sarmiento, J. L. R., Campelo, J. E. G., Santos, N. P. S., Sena,
465 L. S., & Torres, T. S. (2021). Genetic parameters for ultrasound-evaluated carcass and
466 body traits in Anglo-Nubian goats. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 34(1),
467 40-50. DOI: 10.17533/udea.rccp.v34n1a04
468
- 469 Gadelha, J. A. F., Silva, R. A., Marques, A. V. M. S., Gadelha, H. S., Melo, W. F.,
470 Dantas, O. K. M., ... Maracajá, P. B. (2020). Influence of genetic improvement in beef
471 sheep flocks. *Research, Society and Development*, 9(10), 1-22. DOI: 10.33448/rsd-
472 v9i10.7774
473
- 474 Henderson, C. R. (1976). A simple method for computing the inverse of a numerator
475 relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics*, 32(1), 69-83.
476 DOI: 10.2307/2529339
477

- 478 Kinghorn, B. (2011). An algorithm for efficient constrained mate selection. *Genetics*
479 *Selection Evolution*, 43(4), 1-9. DOI: 10.1186/1297-9686-43-4
480
- 481 Mirjalili S. (2019). Genetic Algorithm. In: Evolutionary Algorithms and Neural
482 Networks. *Studies in Computational Intelligence*, 780(1), 43-55. DOI: 10.1007/978-3-
483 319-93025-1_4
484
- 485 Montenegro, A. R., Silva, L. P., & Lôbo, R. N. B. (2019). Effect of Different Mating
486 Systems on Population Structure and Genetic Progress of a Simulated Small Flock.
487 *International Journal of Environmental Sciences & Natural Resources*, 21(1), 1-14.
488 DOI: 10.19080/IJESNR.2019.21.556051
489
- 490 Nabi, N., Ganai, N. A., Shanaz, S., Aalam, S., Shabir, M., Majid, R., ... Rather, M. A.
491 (2021). Effect of Inbreeding Coefficient on Growth and Fitness Traits in a Closed Flock
492 of Corriedale Sheep. *Indian Journal of Animal Research*, 1(1), 1-6. DOI:
493 10.18805/IJAR.B-4254
494
- 495 Sarmiento, J. L. R., Barbosa, L. T., Barreto Neto, A. D., Celeste, A. B., & Santos, N. P.
496 S. (2021). Optimum contribution for mate selection in Santa Inês sheep. *Revista*
497 *Brasileira de Zootecnia*, 50(1), 1-9. DOI: 10.37496/rbz5020190108
498
- 499 Sena, L. S., Figueiredo Filho, L. A. S., Santos, G. V., Sousa Júnior, A., Santos, N. P. S.,
500 Britto, F. B., ... Brito, L. F. (2020). Genetic evaluation of tropical climate-adapted sheep
501 for carcass traits including genomic information. *Small Ruminant Research*, 188(1),
502 106-120. DOI: 10.1016/j.smallrumres.2020.106120
503
- 504 Tao, L., He, X., Wang, X., Di, R., & Chu, M. (2021). Litter Size of Sheep (*Ovis aries*):
505 Inbreeding Depression and Homozygous Regions. *Genes*, 12(1), 1-11. DOI:
506 10.3390/genes12010109

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O *software* Capriovi 2.0, disponibiliza ferramentas com uma interface gráfica simples e didática para auxiliar os criadores de caprinos e ovinos na identificação e seleção de animais com o potencial genético superior para as características de importância econômica, por meio da metodologia de modelos mistos para a obtenção do Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP). Além disso, realiza a seleção de acasalamentos com o uso de algoritmo de inteligência computacional, possibilitando explorar o máximo potencial genético dos animais dentro de um limite de endogamia pré-estabelecido pelo criador.

As ferramentas desenvolvidas e apresentadas nesta pesquisa, quando aplicadas a campo, possibilitarão progresso genético na criação de caprinos e ovinos, além de contribuir para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético dessas espécies. Para trabalhos futuros, serão desenvolvidas ferramentas que possibilitem a inclusão de informação genômica, uma vez que o seu uso pode contribuir positivamente no processo de seleção e acelerar mudanças na quantidade e qualidade de carne produzida ao longo das gerações. Serão também desenvolvidas ferramentas para determinar os custos de produção e avaliar a rentabilidade econômica da criação de pequenos ruminantes, bem como uma nova versão voltada para produção de leite e gestão da sua qualidade.