

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS (UFG)
ESCOLA DE VETERINÁRIA E ZOOTECNIA (EVZ)
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA (PPGZ)

GIOVANNA RODRIGUES LISBOA

**MÁQUINA DE APRENDIZADO EXTREMO PARA PREDIÇÃO DE
GANHO MÉDIO DIÁRIO À DESMAMA EM BOVINOS**

GOIÂNIA
2022



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR
VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL
DA UFG**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese Outro*: _____

*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

2. Nome completo do autor

GIOVANNA RODRIGUES LISBOA

3. Título do trabalho

Máquina de aprendizado extremo para predição de ganho médio diário à desmama em bovinos

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

- a) consulta ao(a) autor(a) e ao(a) orientador(a);
- b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação. O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **Emmanuel Arnhold, Professor do Magistério Superior**, em 09/02/2023, às 10:27, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Giovanna Rodrigues Lisboa, Discente**, em 09/02/2023, às 11:26, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **3516224** e o código CRC **EDF8D12D**.

Referência: Processo nº 23070.067537/2022-45

SEI nº 3516224

https://sei.ufg.br/sei/controlador.php?acao=documento_imprimir_web&acao_origem=arvore_visualizar&id_documento=3809612&infra_sistema=1... 1/1

GIOVANNA RODRIGUES LISBOA

MÁQUINA DE APRENDIZADO EXTREMO PARA PREDIÇÃO DE GANHO MÉDIO DIÁRIO À DESMAMA EM BOVINOS

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós- Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal de Goiás (UFG), como requisito para obtenção do título de Mestre em Zootecnia.

Área de Concentração:

Produção Animal

Linha de Pesquisa:

Fatores genéticos e ambientais que influenciam o desempenho dos animais

Orientador:

Prof. Dr. Emmanuel Arnhold

Comitê de Orientação:

Dr. Rodrigo Possa Bertazzo

Prof. Dr. Arthur dos Santos Mascioli

GOIÂNIA
2022

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Lisboa, Giovanna Rodrigues
MÁQUINA DE APRENDIZADO EXTREMO PARA PREDIÇÃO DE
GANHO MÉDIO DIÁRIO À DESMAMA EM BOVINOS
[manuscrito]/Giovanna Rodrigues Lisboa, Rodrigo Possa Bertazzo. -
2022.

LVIII, 58 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Emmanuel Arnhold; co-orientador Dr. Rodrigo Possa Bertazzo; co-orientador Dr. Arthur dos Santos Mascioli.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Veterinária e Zootecnia (EVZ), Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Goiânia, 2022.

Bibliografia.

Inclui gráfico, tabelas.

1. redes neurais. 2. fenótipos produtivos. 3. melhoramento genético. 4. produção animal. I. Bertazzo, Rodrigo Possa. II. Arnhold, Emmanuel, orient. III. Bertazzo, Rodrigo Possa, co-orient. IV. Título.

CDU 635



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS ESCOLA DE
VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata número **113** da sessão de Defesa de Dissertação de **Giovanna Rodrigues Lisboa** que confere o título de **Mestra em Zootecnia** pelo Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, na área de concentração em Produção Animal.

Aos vinte dias do mês de dezembro de dois mil e vinte e dois (20/12/2022) a partir das **09h00min**, na Escola de Veterinária e Zootecnia, Sala 01 de Qualificação do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal - PPGCA, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada "**REDESNEURAIAS ARTIFICIAIS NA TRANSFERÊNCIA DE FUNÇÕES COMPLEXAS DAS INTERAÇÕES GENÓTIPOS AMBIENTES EM BOVINOS DE CORTE**". Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, **Emmanuel Arnhold** com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: **Paulo Hellmeister Filho (EVZ/UFV)**, membro titular externo; **Carla Daniela Sugimoto Leite (EVZ/UFV)**, membro titular interno. Durante a arguição os membros da banca fizeram sugestão de alteração do título do **trabalho conforme explicitado abaixo**. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação tendo sido a candidata **Aprovada** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Presidente da Banca Examinadora, **Emmanuel Arnhold**, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

Máquina de aprendizado extremo para predição
de ganho médio diário à desmama em bovinos



Documento assinado eletronicamente por **Emmanuel Arnhold, Professor do Magistério Superior**, em 20/12/2022, às 11:40, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Carla Daniela Sugimoto Leite, Usuário Externo**, em 20/12/2022, às 11:41, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Paulo Hellmeister Filho, Professor do Magistério Superior**, em 20/12/2022, às 11:42, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufv.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **3411919** e o código CRC **EA9F07D1**.

Referência: Processo nº 23070.067537/2022-45

SEI nº 3411919

SUMÁRIO

| | |
|--|----|
| RESUMO | 8 |
| ABSTRACT | 9 |
| 1. INTRODUÇÃO | 10 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA | 12 |
| 2.1 METODOLOGIAS CLÁSSICAS = AVALIAÇÃO GENÉTICA ADITIVA | 13 |
| 2.2 METODOLOGIAS DE REDES NEURAIAS ARTIFICIAIS = AVALIAÇÃO DA EXPRESSÃO FENOTÍPICA COMPLEXA | 19 |
| 3. MATERIAL E MÉTODOS | 27 |
| 4. RESULTADOS E DISCUSSÕES | 32 |
| 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS | 57 |
| 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 59 |

RESUMO

Máquinas de Aprendizado Extremo, Extreme Machine Learning (EML/IGASE), diferente de outros algoritmos de treinamento de Redes Neurais Artificiais (RNA) que ajustam parâmetros da rede por meio da apresentação iterativa dos padrões de treinamento, incluem números de neurônios intermediários e realizam projeção aleatória na camada oculta, em geral de alta dimensionalidade nas conexões complexas com as demais variáveis de entradas diretas, os ponderadores são selecionados de forma aleatória injetada e bijetada nas funções compostas complexas, sem necessidade de treinamento. O sobre-dimensionamento da EML/IGASE torna-se necessário para a suavização da resposta, garante a capacidade de generalização e transferências de funções complexas nas séries temporais de expressões fenotípicas dos animais. O objetivo do trabalho é prever o fenótipo ganho médio de peso a desmama (GMPD) em função das variáveis diretas mensuradas nos animais dentro e entre safras (SF) e fazendas (FAZ), utilizando EML/IGASE. Foram utilizados 8.812 registros de progênes referentes a 11 safras, descendentes de 272 touros, provenientes de 09 fazendas localizadas em diferentes estados da federação, Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS), Paraná (PR) e São Paulo (SP). Os fenótipos estudados foram pesos a desmama (PD), ganho médio de peso a desmama (GMPD), conformação ao desmame (CPD), musculatura a desmama (MPD) e precocidade a desmama (PPD). A Extreme Machine Learning (EML/IGASE) foi capaz de prever o fenótipo ganho médio de peso a desmama (GMPD), a partir das demais variáveis mensuradas nos animais dentro e entre safras e fazendas estudadas, com baixo Erro Quadrático Médio (EQM) nas interações e transferências robustas das funções complexas a partir de arquiteturas neurais de múltiplas entradas e diferentes níveis de imputáveis ambientais para os fenótipos expressos. Nas análises univariadas com a variável de entrada pesos ao desmame (PD) transferindo para o ganho médio de peso a desmama (GMPD) a EML/IGASE realizou previsões numéricas complexas em 08 safras produtivas das 09 fazendas, onde os Erros Quadráticos Médios (EQM) entre as variáveis preditas e variáveis reais de GMPD oscilaram entre 0,09 e 13,96 %. Para as análises multivariadas com as quatro variáveis de entrada pesos a desmama (PD), conformação ao desmame (CPD), musculatura a desmama (MPD) e precocidade a desmama (PPD) em 09 safras das 09 fazendas produtivas, os Erros Quadráticos Médios (EQM) entre as variáveis preditas e variáveis reais de GMPD, oscilaram entre 0,08 e 26,30 %. As funções de transferências complexas foram robustas a testes de ruídos até a segunda casa decimal nas previsões numéricas consideradas no estudo.

Palavras chaves: redes neurais, fenótipos produtivos; melhoramento genético; produção animal.

ABSTRACT

Extreme Learning Machines, Extreme Machine Learning (EML/IGASE), unlike other Artificial Neural Network (ANN) training algorithms that adjust network parameters through the iterative presentation of training patterns, include intermediate neuron numbers and perform projection random in the hidden layer, in general of high dimensionality in the complex connections with the other variables of direct inputs, the weights are selected in a random way injected and bijected in the complex composite functions, without need of training. The over-sizing of the EML/IGASE becomes necessary for the smoothing of the response, guarantees the capacity of generalization and transfers of complex functions in the temporal series of phenotypic expressions of the animals. The objective of this work is to predict the average weight gain at weaning (GMPD) phenotype as a function of direct variables measured in animals within and between seasons (SF) and farms (FAZ), using EML/IGASE. 8,812 progeny records were used for 11 harvests, descendants of 272 bulls, from 09 farms located in different states of the federation, Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS), Paraná (PR) and São Paulo (SP).). The phenotypes studied were weight at weaning (PD), average weight gain at weaning (GMPD), conformation at weaning (CPD), musculature at weaning (MPD) and early weaning (PPD). Extreme Machine Learning (EML/IGASE) was able to predict the mean weight gain at weaning (GMPD) phenotype, based on the other variables measured in the animals within and between seasons and farms studied, with low Mean Squared Error (MSE) in the robust interactions and transfers of complex functions from multi-input neural architectures and different levels of environmental attributables to the expressed phenotypes. In the univariate analyzes with the input variable weights at weaning (PD) transferring to the average weight gain at weaning (GMPD) the EML/IGASE performed complex numerical predictions in 08 productive harvests of the 09 farms, where the Mean Squared Errors (EQM) between predicted and actual variables of GMPD ranged from 0.09 to 13.96%. For the multivariate analyzes with the four input variables weight at weaning (PD), conformation at weaning (CPD), musculature at weaning (MPD) and precocity at weaning (PPD) in 09 harvests of the 09 productive farms, the Mean Squared Errors (NDE) between predicted and actual GMPD variables ranged from 0.08 to 26.30%. The complex transfer functions were robust to noise tests up to the second decimal place in the numerical predictions considered in the study.

Keywords: neural networks, productive phenotypes; genetical enhancement; animal production.

1. INTRODUÇÃO

Abordagens clássicas tradicional no melhoramento genético animal para predição dos valores genéticos dos animais para as características de interesse econômico, expressado como diferença esperada na progênie (DEP), adotam um modelo matemático aditivo de decomposição de partes dos fenótipos, cuja estrutura de tratamentos envolve fatores fixos e aleatórios em um modelo linear, denominado modelos lineares mistos. Assim, ao conter parâmetros de efeitos fixos e aleatórios, permitem a flexibilidade em modelar as variâncias e covariâncias dos vetores de efeitos aleatórios. Entretanto, para obtenção de estimativas dos componentes de variância e covariância, bem como para predição dos valores genéticos dos animais, duas metodologias estatísticas são comumente utilizadas e que apesar das diferentes abordagens permitem a obtenção de estimativas semelhantes dos componentes. A mais tradicional considera a abordagem clássica denominada “frequentista”, isso porque enfatiza a frequência ou proporção dos dados e a outra, denominada “bayesiana”, aborda as probabilidades como grau de certeza de um evento acontecer. A frequentista utiliza análises por máxima verossimilhança restrita (REML) com propriedade conhecida como BLUP, do inglês, melhor preditor linear não viesado, consagrado como Modelo Animal BLUP. Já a abordagem bayesiana sob o modelo linear misto, tem sido ultimamente valorizada sob a argumentação de considerar todos os parâmetros do modelo como variáveis aleatórias, permitindo a incorporação de informações *a priori* e possibilitando encontrar a distribuição *a posteriori* marginal dos mesmos, fornecendo informações mais detalhada dos parâmetros¹ e Modelos Animais BLUP².

Independente da abordagem metodológica, os fenótipos estudados são determinados pelas interações genótipo ambiente do presente para o passado de cada sistema produtivo, o que dificulta a construção de um modelo matemático de precisão. Diante desse contexto, para melhoria das análises e da acurácia de predição, os modelos matemáticos são propostos considerando a concatenação dos fatores ambientais, considerados como efeitos fixos, na forma de grupos de contemporâneos. Entretanto, é possível que os animais do mesmo grupo de contemporâneos não possuem as mesmas oportunidades de acessos disponibilizados no tempo, visto que se encontram em competição pelo ambiente.

Apesar de que as metodologias e os modelos vigentes possibilitam o uso de ajustes de distribuições numéricas e nas séries temporais das expressões fenotípicas³, bem como oportunizam as inserções das informações genômica dos animais e das fontes de variação

ambiental no modelo, que visa aproximar os pontos mensurados à curva padrão, ainda possuem limitações para melhor predição e simulação em diferentes níveis de imputáveis ambientais e de safras produtivas (diferentes séries temporais).

As metodologias quantitativas que indicam o uso de pré-ajustes de distribuições numéricas, retiram as fontes de variação do conjunto de dados, aproximando os pontos mensurados à curva padrão; o grupo contemporâneo de rebanhos não possui a mesma oportunidade de acessos aos ambientes, visto que se encontra em competição pelo ambiente; os efeitos ambientais fixados nas modelagens mistas e modelos animais das DEP genômicas fazem com que as predições fenotípicas produtivas não sejam acuradas em diferentes sistemas de produção animal e diferentes safras produtivas, mesmo quando a acurácia do valor genético predito em função do valor genético verdadeiro seja alta, pois representa menor fração na composição fenotípica expressa³.

Uma vez que, as oscilações dos níveis de fatores ambientais sobre a expressão dos genótipos podem afetar de forma complexa os valores fenotípicos produtivos de interesse econômico, dentro e entre fazendas, safras e sistemas de produções específicos, faz-se necessário portanto, aprimoração de recursos algébricos para melhor elucidar, compreender e detectar o fenômeno da Interação Genótipo Ambiente (IGA) nos programas de melhoramento genético animal. A IGA tem importância crucial na eficiência dos desempenho animal e principalmente no sucesso do processo de seleção, que envolve a decisão de escolha de diferentes genótipos a serem criados em determinados ambientes. A IGA é desafiante, pois pode ser impactante no desempenho do animal em várias situações como por uma simples exposição à condição desigual de criação, quando são remanejados para distintos níveis de efeitos ambientes de criação, durante a transição de ciclo de vida (fim do período de desmama), quando avaliados em safras distintas, quando oriundos de regiões ou ambientes diferenciados e se utilizado em ambiente diferente ao que foi selecionado^{4,5}, dentre outras situações.

As metodologias de abordagem complexa, substituindo a clássica abordagem de decomposição de partes, necessitam de melhor exploração, pois diminuem variância residual preditiva e transferem funções compostas e complexas em diferentes sistemas de produção animal e nas séries temporais das interações genótipos ambientais.

O dinamismo da ciência tem proporcionado diferentes abordagens, em especial, a abordagem científica reducionista tem sido substituída por uma nova forma de construção do conhecimento, a qual tem por princípio explicar as diferentes dimensões e interações dos

eventos. Em especial, o estudo dos eventos biológicos é reconhecidamente multifatorial e exige a consideração de processos distintos, cuja complexidade não pode ser ignorada. As Redes Neurais Artificiais (RNA) são técnicas computacionais que proporcionam um modelo matemático estruturado para solução e resolução de problemas complexos, que explora as interações entre as unidades de processamento da rede. A maioria dos modelos de RNA possui algoritmos de treinamento que ajustam parâmetros da rede por meio da apresentação iterativa dos padrões de treinamento.

A oportunidade de prever desempenhos fenotípicos, a partir de variáveis de entradas diretas dos animais, dentro e entre ambientes, safras e fazendas, possibilita otimizar recursos de mensurações dos animais e realizar a uniformização da produção em diferentes ambientes. Da mesma maneira, a seleção de animais quando realizada por metodologias que possibilitam a utilização de um modelo matemático estruturado por algoritmos para redes neurais, os quais permitem considerar muitos níveis de diferentes entradas ambientais, podem promover avanços significativos na produção animal sustentável.

O objetivo do trabalho é prever o fenótipo ganho médio de peso a desmama (GMPD) em função das variáveis diretas mensuradas nos animais dentro e entre safras (SF) e fazendas (FAZ), utilizando diferentes arquiteturas de Extreme Machine Learning (EML/IGASE).

2. REVISÃO DE LITERATURA

A pecuária moderna vive sob pressão para aumentar a produtividade, de modo a garantir a renda do produtor e impedir o assédio da agricultura sobre suas áreas. Para enfrentar essa batalha cotidiana, o pecuarista precisa ter à mão os índices zootécnicos de sua propriedade, que mensuram o desempenho do seu rebanho, auxiliando na tomada de decisões⁵.

Para determinar o fenótipo expresso de peso ao desmame dos bezerros de um determinado reprodutor serão comparadas com o peso ao desmame dos bezerros dos demais reprodutores envolvidos na avaliação, sendo conferido ao lote que apresentar o melhor peso ao desmame, o mérito genético de seu progenitor. Essa comparação considera uma série de efeitos e a genealogia dos animais. A metodologia permite que sejam comparados os valores genéticos de animais de diferentes pais, fazendas, lotes, etc. A metodologia de avaliação é semelhante para os demais índices zootécnicos, como ganho de peso diário, índice de fertilidade, taxa de conversão alimentar etc. O ganho de peso pré-desmama é influenciado

pelo potencial genético do bezerro, pela habilidade materna da vaca e pelos nutrientes que são fornecidos ao bezerro. O potencial genético pode ser melhorado pela seleção para precocidade de matrizes e de touros; a habilidade materna não deve ser selecionada para altas produções de leite, pois o nível nutricional das pastagens pode comprometer a condição corporal dessas vacas e, conseqüentemente, os índices reprodutivos⁴.

2.1 METODOLOGIAS CLÁSSICAS = AVALIAÇÃO GENÉTICA ADITIVA

As metodologias clássicas abordam de forma simplista as diferenças genéticas e ambientais sugerem apenas quatro tipos de interações, envolvendo as combinações entre diferenças na expressão dos genótipos, a saber: genético pequeno e ambiente pequeno, genético grande e ambiente pequeno, genético pequeno e ambiente grande, genético grande e ambiente grande. Os primeiros dois tipos de interação são teoricamente possíveis, mas de difícil avaliação por decomposição de partes em nível experimental, pois as pequenas diferenças ambientais não podem ser identificadas e quantificadas. Os dois últimos tipos de interação podem ser avaliados experimentalmente e podem ser economicamente importantes. As diferenças genéticas pequenas interagem com diferenças ambientais influenciando os fenótipos, então os valores genéticos dos indivíduos variam de acordo com o ambiente no qual suas progênes serão criadas⁶. Nesta descritiva aparece um conflito lógico em relação aos conceitos de genótipos x fenótipos expressos nos ambientes, pois parecem se confundirem nas próprias terminologias. Teoricamente, indivíduos dentro de uma população podem se adaptar a diferentes ambientes. Entretanto, touros, cujas progênes desenvolveram-se bem em uma região ou então, em um determinado tipo de manejo, podem não manter sua “superioridade” genética em outra região ou em outras condições ambientais.

A literatura clássica cita métodos⁷ que consideram níveis de interação, quando os genótipos apresentam a mesma classificação nos diferentes ambientes, mas podendo haver ou não maior variação entre genótipos em um ambiente do que no outro ambiente. No caso da interação ser significativa, pode-se ainda falar nos efeitos principais, porque em qualquer dos ambientes um determinado genótipo é superior. Entretanto, pode haver casos em que ocorrem mudanças na classificação dos genótipos dependendo do ambiente, quando a interação for significativa, não faz sentido falar nos efeitos principais. Nesses casos, os genótipos são mais bem adaptados a ambientes particulares segundo as metodologias clássicas.

O principal interesse, no ponto de vista das metodologias clássicas de decomposição de variâncias, em avaliar a IGA ocorre quando se verifica que genótipos superiores para uma característica em determinado ambiente podem não apresentar superioridade em ambientes diferentes, onde a mesma característica avaliada em dois ambientes distintos pode ser interpretada como “características distintas”⁸. Portanto, a identificação da IGA deve contribuir para o aumento da eficiência de seleção e predição dos valores genéticos.

A presença de interação genótipo x ambiente caracteriza por uma resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, o que pode ocasionar alteração no ordenamento de desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes⁹. As correlações entre os valores genéticos e entre a classificação dos animais assumem grande importância quando se considera em um programa de seleção, apenas os indivíduos com melhores valores genéticos são escolhidos para reprodução. Se os valores genéticos foram baixos, um touro escolhido com base em informações das progênes criadas em determinada região, poderia não ser escolhido o mesmo touro se avaliado pelas informações de sua progênie criadas em outras regiões, ambientes produtivos.

A IGA pode também provocar alterações significativas nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais, podendo resultar em mudanças nas estimativas de correlações genéticas, fenotípicas e ambientais e de herdabilidade, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente¹⁰. Ao estudar os diferentes critérios de seleção de importância econômica, percebe-se que os componentes de (co)variância para um determinado critério podem assumir valores diferentes em ambientes distintos. Ao considerar que a expressão de um genótipo é determinada pela influência dos fatores ambientais, animais de mérito genético semelhantes, dentro de um mesmo rebanho, podem apresentar desempenhos distintos¹¹. O fato é constatado pela heterogeneidade de variâncias, portanto interpretada como evento da IGA. A heterogeneidade de variâncias entre rebanhos deve ser ponderada, pois pode não estar apenas relacionada à IGA, mas também devido a composição racial diferente ou devido a elevação dos níveis de produção pelo processo de seleção. Neste contexto, ao desconsiderar a IGA o processo de seleção pode ficar comprometido, pois resulta em seleção equivocada de animais¹². A heterogeneidade de variâncias tem maior efeito na avaliação genética de fêmeas, pois essas são avaliadas dentro de rebanho, e seus valores genéticos preditos seriam afetados pela variância dentro de rebanho, não sendo uniforme ao longo do tempo, séries temporais de produção animal¹³.

O touro e a vaca exercem influência genética no desempenho da sua progênie, por contribuição da metade do valor genético, bem como ambiental, no caso específico da vaca determinada pela habilidade materna. O efeito da vaca ou o efeito total da vaca seria composto de um efeito direto da vaca e do efeito materno indireto, particionados nos pensamentos de decomposição de partes, porém não particionados na práxis dos sistemas produtivos, quando se considera a díade complexa ambiental vaca x bezerro¹⁴. Segundo a metodologia clássica de decomposição de partes, a habilidade materna para a cria é fator ambiental e para a mãe é efeito genético herdado de seus pais, neste momento nos conceitos clássicos identifica-se um contra censo lógico, visto que a mãe da vaca tem sobre esta quando ainda bezerra, caráter de efeito ambiental. Portanto, as lógicas dicotômicas de decomposição de partes são insuficientes para a compreensão dos fatores complexos de interação genótipos x ambientes dentro e entre raças, linhagens, animais, cruzamentos, safras e fazendas.

O desempenho pré-desmame do animal é resultado dos efeitos genéticos aditivos diretos (genótipo do próprio indivíduo) e o materno (genótipo para habilidade materna da vaca). O efeito materno é a contribuição, influência ou impacto sobre o fenótipo da progênie que pode ser atribuído diretamente ao fenótipo da vaca. Os fatores determinantes do efeito materno são: o ambiente uterino, a imunidade biológica, a qualidade e a quantidade da produção de leite, as reservas energéticas da vaca, a capacidade etológica em cuidar da progênie no ambiente, a capacidade da vaca em explorar os recursos naturais do ambiente produtivo¹⁵.

O ambiente materno influencia o desenvolvimento do bezerro nas fases pré e pós-natal e no peso até um ano de idade¹⁶. A não inclusão do efeito genético materno e de ambiente permanente pode ocasionar alterações dos componentes de covariância e das herdabilidades, podendo levar à superestimação destes valores, principalmente para os pesos a desmama e aos 365 dias de idade, que é correlacionado com o peso à desmama¹⁷. Em idades pós-desmama, apesar da baixa relevância, os efeitos maternos continuam presentes e devem ser considerados nas avaliações genéticas para pesos, afirmando que para animais mantidos em pastagem, o ganho compensatório pós-desmame não é suficiente para superar os efeitos maternos do peso na desmama¹⁸.

Na literatura, a correlação entre os efeitos genéticos aditivos diretos e maternais para pesos em diferentes idades é bem variável, podendo assumir valores nulos, baixos e altos, negativos e positivos. Isso pode ser explicado em função de diferentes fatores, como a estrutura dos dados das fêmeas com registro de produção, a interação touro e ano de

nascimento e a interação touro e rebanho^{19,20}. A existência de correlação genética negativa entre os efeitos genéticos diretos e maternos caracteriza o antagonismo entre os efeitos dos genes para potencial de crescimento e dos genes para a habilidade materna. Ao avaliar touros sem filhas desmamando, comprovou-se perfeita correlação negativa (-1) entre o efeito direto e efeito materno, como consequência, o melhor touro para o efeito direto será o pior para o materno, enquanto que o pior para o efeito direto será o melhor para efeito materno²¹.

As análises de avaliações genéticas das características de crescimento, em situações em que os touros não possuem filhas suficientes com registros próprios de produção e também com progênes medidas, a recomendação das metodologias clássicas é zerar a covariância entre efeito direto e materno. Portanto, inclusão da covariância genética aditiva direto-materna em análises de avaliações genéticas das características de crescimento, deve ser avaliada, pois poderá alterar a predição dos valores genéticos e o ranqueamento dos touros.

Do ponto de vista econômico, na bovinocultura de corte, a eficiência reprodutiva é a característica mais importante, seguida das características de crescimento e das características de carcaça. Entretanto, as características ligadas à produção, que englobam as de crescimento e algumas reprodutivas são as de maior interesse pelo produtor, pois são de fácil obtenção, baixo custo e apresentam herdabilidade de magnitude média a alta, sugerindo elevado progresso genético pela seleção²².

O peso ao nascer possui herdabilidade mediana e está relacionado com o período de gestação, idade da mãe, sexo, ambiente uterino e condições nutricionais da mãe, portanto diferentes ambientes de produção animal. A literatura cita a correlação positiva entre os pesos padrões (peso ao nascer, peso ao desmame, peso ao ano e peso ao sobreano) como sendo de magnitudes médias a altas. Nas raças zebuínas, o peso médio ao nascer tem sido controlado e acompanhado com preocupação, evitando pesos elevados para evitar partos distócicos e retorno rápido da fêmea para a estação de monta. Diversos autores aconselham o uso de touros com DEP de baixas magnitudes ou até mesmo negativo para peso ao nascer^{23,24}. Entretanto, a metodologia da DEP a define como apenas a metade do valor genético aditivo do touro, que frente ao valor da Acurácia da estimativa da DEP que seria a metade do valor genético aditivo predito do touro comparado a metade do valor genético aditivo “real” do touro, configuraria a retirada da incerteza da estimativa da produção das progênes nos ambientes produtivos, por fixação dos efeitos ambientais nos grupos contemporâneos dos rebanhos avaliados. Neste ponto, nota-se outro contrassenso lógico nas metodologias clássicas

de decomposição de partes, visto que os dados mensurados nos diferentes ambientes de produção animal são fenótipos expressos e não fração da genética aditiva dos touros isoladas dos efeitos ambientais, como avaliados nas DEPs.

Oportuna então a indagação sobre como decompor a fração genética na poligenia complexa frente aos diferentes ambientes de produção animal, se o genótipo animal não pode ser mensurado nas DEPs clássicas e ao ser mensurado nas DEPs genômicas, constituem variáveis categóricas de simples presença ou ausência dos genes no animal e não expressão fenotípica em si na interação genótipo x ambiente.

As características de desempenho pré-desmama, como os pesos e ganho médio diário até a fase de desmama podem ser utilizadas para avaliar tanto o potencial genético dos touros utilizados na reprodução, crescimento do bezerro (efeito direto) como a habilidade materna da vaca (efeito materno) em proporcionar um ambiente materno adequado, pela produção de leite e cuidados dispensados à cria²². O ganho médio diário na pré-desmama é a medida da eficiência de ganho em peso e sua seleção resultaria em menor resposta correlacionada do peso ao nascer, em comparação à seleção realizada para pesos²⁵.

O peso à desmama (PD) da progênie dos Touros (TO), está condicionado a diferentes fatores genéticos e ambientais, como raça, sexo, mês e ano de nascimento, aporte nutricional, habilidade materna e idade da vaca ao parto, característica tradicionalmente mensurada e de grande interesse, pois apresenta expressiva correlação genética positiva com pesos em diferentes idades até a fase adulta e dependendo da idade de abate, aproximadamente 50% do peso final é obtido durante essa fase²⁶. Entretanto, apesar de necessária, a seleção focada apenas para pesos em várias idades exige cautela, pois estudos relataram correlações genéticas desfavoráveis de pesos elevados em idades mais avançadas com a idade ao primeiro parto e com a taxa de concepção²⁷, outros autores descreveram relação genética positiva e alta, entre pesos em várias idades com o peso adulto e com a taxa de maturação de fêmeas bovinas de corte, portanto desfavorável²⁸.

O aumento do peso adulto se mostra desfavorável, uma vez que em sentido contrário à busca por precocidade sexual e de terminação em sistemas de produção de clima tropical em regime de pastagens, pois eleva o custo de manutenção das fêmeas, retardando a entrada em reprodução. Especificamente, o peso à desmama está relacionado com características reprodutivas como perímetro escrotal, probabilidade de prenhes aos 14 meses e idade a primeiro parto.

A eficiência de diferentes sistemas de produção animal é função dos desempenhos de características de crescimento, de eficiência reprodutiva e de qualidade da carcaça. Especificamente em sistemas de cria, a produtividade acumulada (PAC), mensurada em quilogramas de bezerros desmamados por hectare por ano, durante a permanência no rebanho, expressa a capacidade ambiental da fêmea de reproduzir regularmente com menor idade e de desmamar progênes com maior peso²⁹. Porém, cabe ressaltar que não basta a vaca desmamar bezerros pesados por área e estar apta a reprodução animal, mas deve-se relacionar de forma direta o peso do bezerro desmamado, com o peso da vaca no desmame, relação fenotípica importante para avaliar a contribuição da vaca, longevidade e vida produtiva, durante as oscilações dos efeitos dentro e entre safras e fazendas.

No Brasil, a preocupação maior com a possibilidade de existência de IGA surgiu no início dos anos 80 com a utilização de dados de campo na avaliação de reprodutores³⁰, fato esse ainda não solucionado para a predição das diferenças esperadas na progênie (DEP's). Apesar dos esforços já despendidos, ainda é muito pouco conhecida os fatores complexos de interação genótipo x ambiente (IGA) na eficiência produtiva e reprodutiva de bovinos de corte e em que amplitude de genótipos e de ambientes torna-se importante as análises de IGAs.

A compreensão dos efeitos de IGAs em primeira instância preditiva nos diferentes ambientes possibilita melhorar a avaliação genética dos animais, na expressão dos fenótipos produtivos frente aos diferentes níveis de entradas de fatores ambientais³¹. Conhecer os efeitos dos fatores ambientais sobre o desempenho dos fenótipos expressos, definidos como critérios de seleção animal, possibilita melhorar a comparação entre os indivíduos, por permitir a padronização dos desempenhos dos animais, mesmo em ambientes diferentes por relações complexas fenotípicas convergindo em funções de transferências numéricas injetadas e bijetadas para valores mensurados semelhantes nas magnitudes finais, além de aumentar a acurácia nas estimativas dos parâmetros genéticos, fundamentais para o sucesso em programas de melhoramento genético animal clássico.

O estudo da simulação de níveis de fatores ambientais e os níveis de respostas dos fenótipos produtivos e reprodutivos dentro e entre SF e FAZ, permite a adoção de técnicas de manejo mais apropriadas e específicas³² aos níveis de investimentos em fatores de intervenções ambientais, adotados nos diferentes sistemas de produção animal, auxiliando a compreensão dos índices administrativos e econômicos no ambiente produtivo específico.

A avaliação das diferenças numéricas na expressão dos fenótipos em diferentes ambientes por decomposição de partes em análises de variâncias (ANOVAs), na medida em

que a quantidade de dados mensurados aumenta, o grau de liberdade fica maior. Tal fato, pode acarretar em sub ou superestimação dos componentes de (co)variâncias e na maioria dos casos as diferenças numéricas para os efeitos dos ambientes são significantes, e podem não quantificar de forma adequada as relações complexas da IGAs. O mesmo ocorre quando os modelos matemáticos apresentam expressivos coeficientes de determinação (R^2) e, portanto, explicam e evidenciam muito bem o conjunto numérico de dados do presente para o passado dos efeitos ambientais, porém não possuem capacidade preditiva complexa de interações genótipos x ambientes na produção animal. Portanto, o sobre ajuste limita o uso das Regressões Múltiplas e Normas de Reações na pressão de seleção animal eficiente em diferentes sistemas de produção animal, por incapacidade preditiva nas séries temporais produtivas.

O pensamento no sentido de evoluir, desde a equação de decomposição de partes básica de Falconer (1996)⁹, utilizada como embasamento das demais técnicas de decomposição de partes, a exemplo do Modelo Misto (Henderson, 1975)¹ e Modelo Animal (Boldman e Van Vleck, 1995)² deve ser considerado no melhoramento animal, para interações genótipos x ambientes (IGA). Falconer (1996) determina que as variações fenotípicas (F) são iguais às variações genéticas (G) somadas as variações ambientais (A) e as frações devidas à interação genótipo x ambiente ($F=G+A+IGA$), sendo cada componente ainda subdividido em frações ainda menores, gerando variâncias devido efeitos genéticos aditivos e não aditivos, variâncias de ambiente temporário e permanente. A sugestão é evoluir a abordagem para os fenótipos expressos como as transferências de funções complexas das interações diretas e indissociáveis dos efeitos genéticos em diferentes ambientes de produção animal, funções compostas de IGAs, predição e simulação dos efeitos ambientais sobre as diferenças de produção animal dentro e entre Safras e Fazendas de forma direta em Metodologias de Machine Learning, Deep Learning e Extreme Learning, segundo Bertazzo (2006)³³.

2.2 METODOLOGIAS DE REDES NEURAIAS ARTIFICIAIS = AVALIAÇÃO DA EXPRESSÃO FENOTÍPICA COMPLEXA

As Redes Neurais Artificiais (RNAs) são estruturas de processamento de máquinas de análises computacionais, composta por neurônios artificiais, com comportamento específico

de entrada e saída, determinado por funções de transferências compostas, injetoras e bijetoras de processamento inspiradas no sistema neural³⁴ (Figura 01).

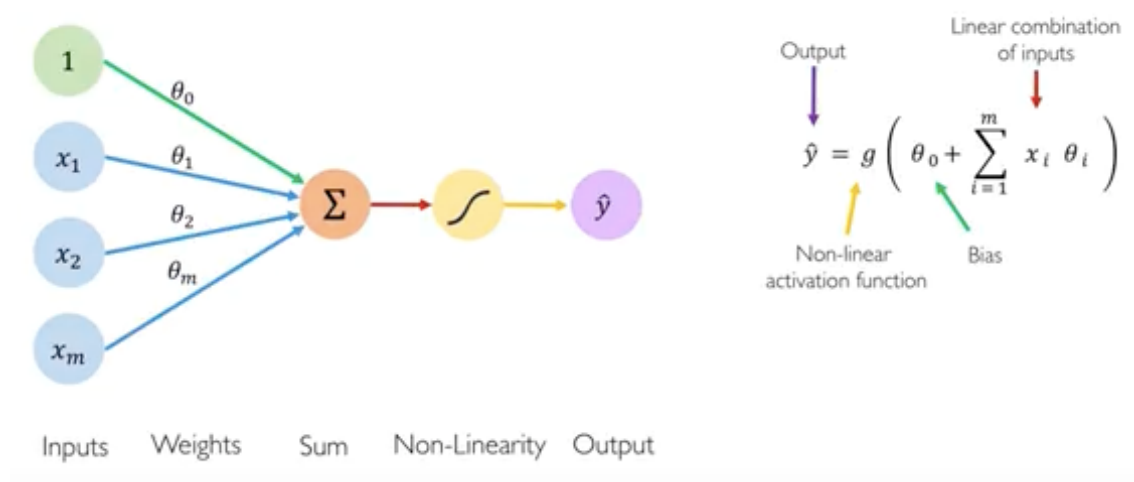


Figura 01: Redes Neurais Artificiais (RNA) ênfase na equação algébrica da saída.

Fonte: MIT (EUA)

O princípio da Rede Neural Artificial (RNA) é pautado em sistemas paralelos de processamento da informação, composto por unidades básicas, o neurônio artificial, que possui capacidade de armazenar e utilizar conhecimentos complexos. As interligações entre os neurônios das RNAs são organizadas basicamente em três camadas, de entrada, intermediária e de saída. Conforme Figura 01, os neurônios de uma RNA é formado por um conjunto de terminais de entradas e apenas um terminal de saída (\hat{y}). À cada terminal de entrada, representado por vetores (x_1, x_2, \dots, x_m), é atribuído um peso ou ponderador, representado por vetores ($\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_m$). O valor do peso, que pode ter sinal positivo (promotor) ou negativo (inibidor), representa o grau de importância que a entrada possui em um neurônio específico. Os pesos atribuídos às conexões entre os neurônios, também denominados sinápticos, são obtidos pelo processo de aprendizagem ou de treinamento em bancos de dados representativos, adaptando os pesos das conexões aos estímulos de padrões recebidos durante a análise. Os pesos das conexões armazenam as informações e o processo de aprendizagem corresponde a identificar um conjunto apropriado de pesos de forma que a RNA encontre caminho lógico e algébrico complexo até a variável de saída. A velocidade de aprendizagem de uma RNA tem dependência multifatorial, como da complexidade e arquitetura da rede, do algoritmo de aprendizagem, do número de camadas, da precisão

desejada, entre outros. Portanto, as RNA variam de acordo com os tipos de conexões, número de neurônios e do tipo de treinamento utilizado.

Dessa forma, obtém-se a soma das entradas ponderadas (Σ), que é dado pelo somatório da multiplicação do valor de cada entrada pelo seu respectivo peso de importância, representando a intensidade do sinal que passa pela sinapse entre neurônios. Para produzir o valor de saída, após a obtenção a soma, tem-se o processo esse conhecido como função de transferência algébricas, quando o neurônio tem por função comparar com o limiar de excitação, que traduz em potencial de ação. Os neurônios artificiais mais complexos possuem uma função intermediária denominada função de ativação (Figura 02), que tem por finalidade repassar ou não o valor encontrado do somatório para a função de transferência, que produzirá o valor de saída do neurônio. Em casos mais simples, a função de ativação é a própria função de transferência e cada neurônio possui uma função de ativação específica (geralmente não linear)³⁵. Os neurônios interconectados geram redes complexas de transferências de efeitos e respostas preditivas e/ou simuladas (saídas). A informação algébrica é transmitida entre neurônios através de conexões, denominadas de funções de transferências algébricas complexas das percepções e aprendizados de máquinas em séries temporais dos eventos numéricos mensurados³⁶ (Figura 03).

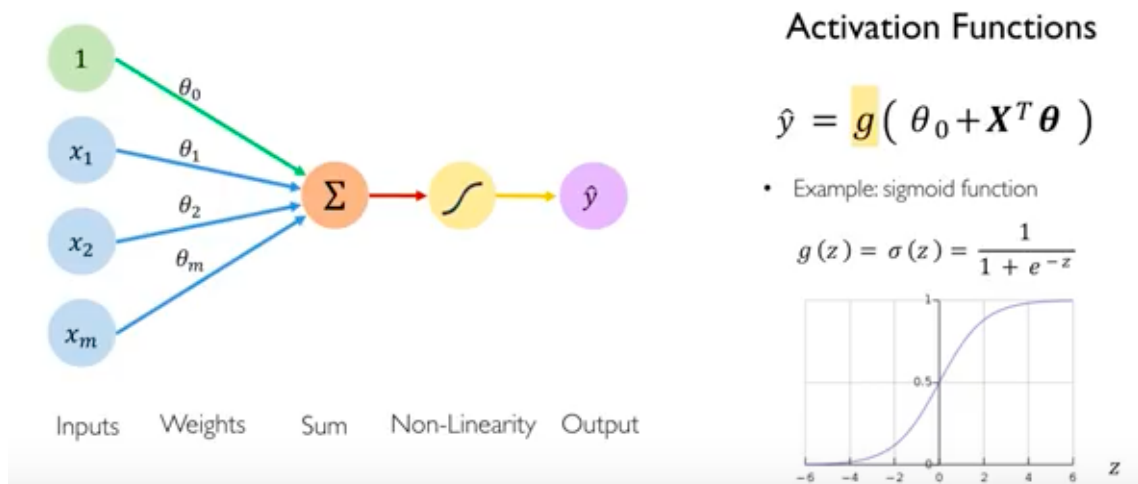


Figura 02: Redes Neurais Artificiais (RNA) ênfase na função de ativação.

Fonte: MIT (EUA).

A arquitetura ou estrutura neural, representa a forma que os neurônios de uma RNA estão interconectados, ou seja, define o padrão de conexões entre as unidades e a ordem de comportamento de entradas para as saídas, os quais são fundamentais para a transferência de

funções complexas em predições acuradas e precisas. Os pesos das conexões armazenam as informações complexas, o processo de aprendizagem corresponde a identificar um conjunto apropriado de pesos de forma que a RNA encontre caminho lógico e algébrico complexo até a variável de saída.

Common Activation Functions

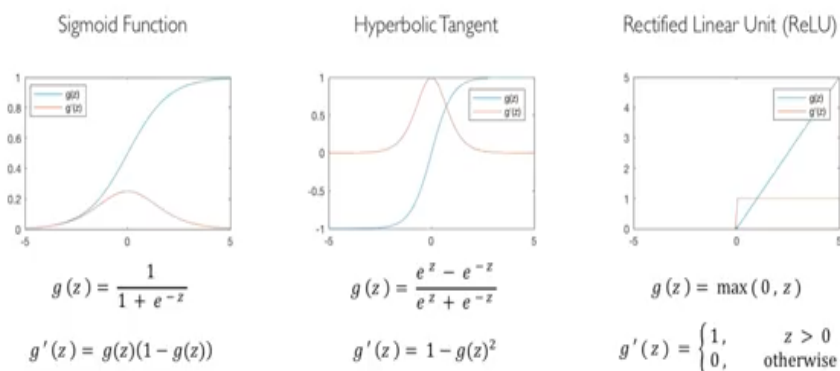


Figura 03: Redes Neurais Artificiais (RNA) ênfase nas diferentes funções de ativação.

Fonte: MIT (EUA).

A estrutura de aprendizagem pode desenvolver parâmetros próprios de aprendizagem e de representação partilhada do conhecimento das funções compostas, injetoras e bijetora, nas vetoriais, trajetórias e sentidos algébricos das RNA, cujo treino é mais complexo do que a simples determinação de conjuntos apropriados de pesos sinápticos e podem tomar arquitetura de Sistemas Especialistas (SE), sendo direcionadoras de funções complexas em saídas condensadas de informação (Figura 04).

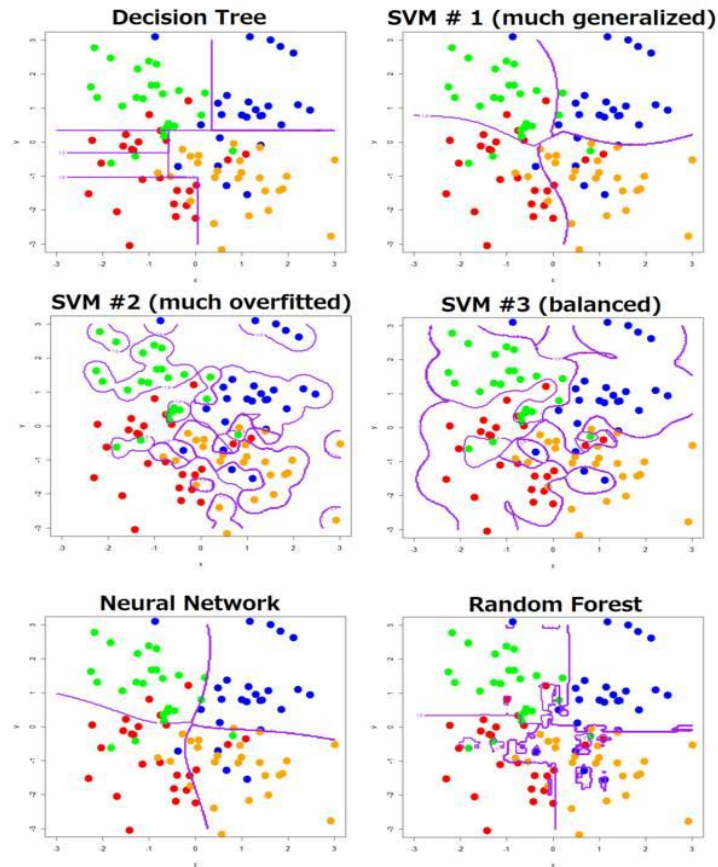
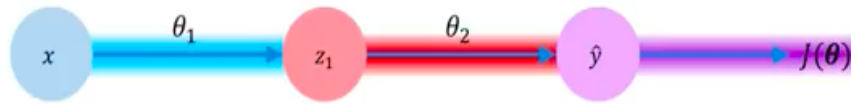


Figura 04: Redes Neurais Artificiais (RNA) e diferentes abordagens sobre análises de dados complexos. Fonte: MIT (EUA)

As Redes Neurais Artificiais (RNA) podem ser projetadas na definição ou escolha de conjuntos de neurônios artificiais, no padrão de conectividade entre os neurônios de arquitetura de várias redes em sistemas especialistas ou no algoritmo lógico de aprendizagem ou treinamento. As Redes Neurais Artificiais (RNA) adaptam para atingir a funcionalidade requerida, a partir de múltiplas estratégias de aprendizado, interagindo literalmente com os ambientes numéricos do banco de dados de análise (Figura 05).

Computing Gradients: Backpropagation



$$\frac{\partial J(\theta)}{\partial \theta_1} = \frac{\partial J(\theta)}{\partial \hat{y}} * \frac{\partial \hat{y}}{\partial z_1} * \frac{\partial z_1}{\partial \theta_1}$$

Repeat this for **every weight in the network** using gradients from later layers

Figura 05: Redes Neurais Artificiais (RNA) computando gradientes retro-propagados.

Fonte: MIT (EUA)

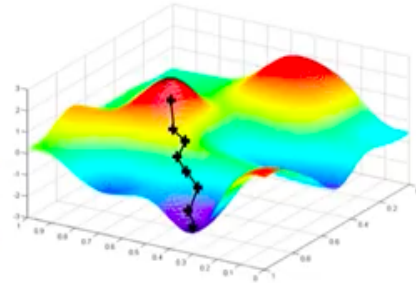
A diversidade de arquiteturas nos relatos técnicos e científicos evidenciam diversas aplicabilidades específicas, ao ponto que gerações mais modernas de RNAs não podem ser simplesmente caracterizadas por apresentarem grande número de unidades interconectadas, conferindo processamento híbrido e engendrado em Sistemas Especialistas (SE).

As Redes Neurais Artificiais possuem potencial de membrana, como resultado das transferências de funções complexas dos múltiplos sinais de entrada, que determinam se o neurônio produzirá ou não, um sinal de saída (spike, pulso, ou potencial de ação). O potencial de ação resulta na liberação de neurotransmissores algébricos na sinapse artificial, sempre que o potencial de membrana for superior a um determinado limiar (Figura 06), determinando saídas e seus respectivos Erros Quadráticos Médios (EQM) nas interações, cujo argumento algébrico tende a aproximar o dado predito do dado real, com robustez e resistência a testes de ruídos (noise).

Stochastic Gradient Descent

Algorithm

1. Initialize weights randomly $\sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$
2. Loop until convergence:
3. Pick batch of B data points
4. Compute gradient, $\frac{\partial J(\theta)}{\partial \theta} = \frac{1}{B} \sum_{k=1}^B \frac{\partial J_k(\theta)}{\partial \theta}$
5. Update weights, $\theta \leftarrow \theta - \eta \frac{\partial J(\theta)}{\partial \theta}$
6. Return weights



Fast to compute and a much better estimate of the true gradient!

Figura 06: Redes Neurais Artificiais (RNA) descida do gradiente estocástico.

Fonte: Hagan, et al. 2014

O efeito dos processos das sinapses nas Redes Neurais Artificiais (RNA) é representado por pesos não empíricos do aprendizado de padrões numéricos complexos e tipos de distribuições do banco de dados. O integrador pode transferir funções com partes imaginárias de dimensionais abstratos, com elementos processadores de informações complexas em séries temporais dos eventos (Figura 07).

Loss Optimization

*We want to find the network weights that **achieve the lowest loss***

$$\theta^* = \operatorname{argmin}_{\theta} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathcal{L}(f(x^{(i)}; \theta), y^{(i)})$$

$$\theta^* = \operatorname{argmin}_{\theta} J(\theta)$$

Remember:
 $\theta = \{\theta^{(0)}, \theta^{(1)}, \dots\}$

Figura 07: Redes Neurais Artificiais (RNA) otimização das perdas.

Fonte: MIT (EUA)

O argumento da função numérica é o valor predito se aproximar do valor real considerando as dimensionais e os domínios das múltiplas funções compostas injetoras e bijetoras, nas séries temporais dos eventos biológicos e ambientais. O Erro Quadrático Médio (EQM) nas interações acontece por redução do vetor Delta como representado na Figura 08.

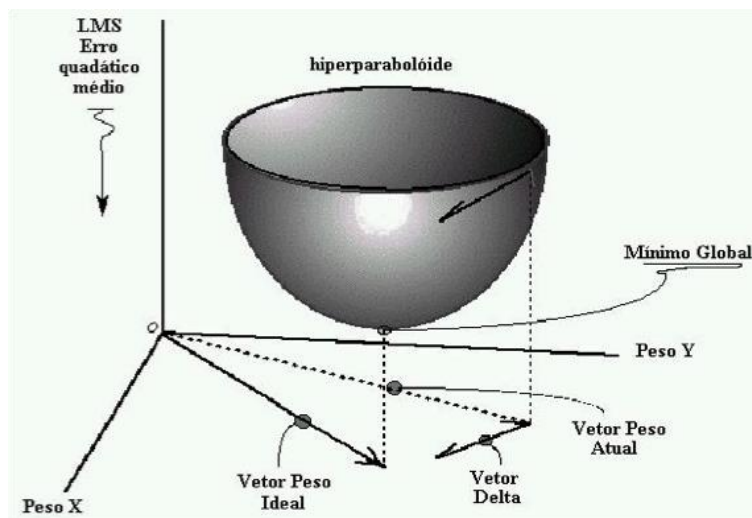


Figura 08: Redução do Erro Quadrático Médio (EQM) na interação. Diminuição do Vetor Delta.

Satisfação do Argumento das Funções Complexas: o Predito se aproximar do Real.

Fonte: ICMC (USP)

As Redes de Aprendizado de Máquina Extremo (Extreme Machines Learning, EMLs^{37,38}) foram adaptadas para resolverem problemáticas biológicas complexas na área de interações genótipos ambientais (IGA) e expressões fenotípicas dos animais adotando sistemas especialistas (SE) de redes neurais artificiais, diferentemente de outros algoritmos para treinamento de RNAs, que fazem o ajuste dos parâmetros da rede por meio da apresentação iterativa dos padrões de treinamento. As redes EML para estudar a IGA em SE (EML/IGASE) faz projeção aleatória na camada oculta de alta dimensionalidade nas conexões complexas com as demais variáveis de entrada direta. Os ponderadores são selecionados de forma aleatória, sem necessidade de treinamento. Após a projeção, os ponderadores complexos da camada de saída são calculados de forma analítica, utilizando a inversa generalizada de Moore-Penrose, ou Pseudo Inversa³⁹. O treinamento das EML/IGASE é feito de forma rápida e simples, a rede resultante possui capacidade de generalização comparável à de outras redes neurais alimentadas adiante de camada única - Single-Layer Feedforward Neural Networks (SLFNs).

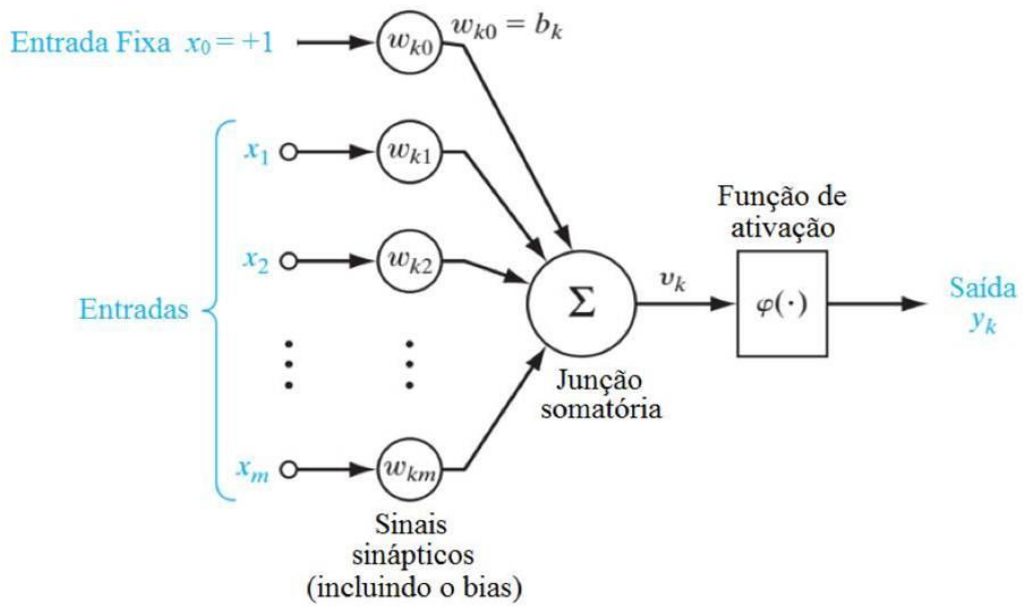
Na EML/IGASE, o único parâmetro a ser ajustado é o número de neurônios na camada oculta. Quando comparadas com RNAs treinadas com algoritmos tradicionais, a exemplo da Retro Propagação de Erros - Error Back Propagation (EBP)⁴⁰, especialmente no contexto da classificação de padrões, a EML/IGASE é frequentemente sobre dimensionada. O fato decorre de não haver na EML/IGASE, ajuste dos ponderadores da camada oculta, sendo necessário projetar os padrões em espaço de dimensão alto, segundo o Teorema de Cover⁴¹ para obter maior compreensão da complexidade. O sobre dimensionamento da EML/IGASE é necessário para a suavização da resposta, garantindo a capacidade de generalização da rede, ou seja, o poder de responder de maneira adequada a situações que o algoritmo não teve acesso em seu aprendizado. Modificações nas EMLs de forma geral vêm sendo propostas por vários autores, para incluir termos de regularização durante a estimação dos pesos da camada de saída^{42,43,44}.

Tendo como objetivo do trabalho prever o fenótipo ganho médio de peso a desmama (GMPD), a partir das demais variáveis mensuradas nos animais dentro e entre safras e fazendas estudadas, com baixo Erro Quadrático Médio (EQM) nas interações e transferências robustas das funções complexas a partir de arquiteturas neurais de múltiplas entradas e diferentes níveis de imputáveis ambientais para os fenótipos expressos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados do presente estudo são provenientes de nove (9) fazendas, participantes a décadas do programa de melhoramento genético de zebuínos (PMGZ) da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), localizadas em quatro diferentes estados da federação, a saber: Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Paraná e São Paulo, Foram analisados 8.812 (machos e fêmeas) e 3.382 (machos) registros de progênes descendentes de 272 touros pertencentes ao PMGZ, referentes à 11 e 10 safras de desmama e ao sobreano (18 meses de idade), respectivamente.

O valor fenotípico produtivo dos animais, serão preditos como Funções de Transferências Complexas da Interação Genótipos vs Diferentes Ambientes em Sistemas Especialistas (IGASE), conforme proposto por Bertazzo (2006)⁴⁵.



Em que:

y_k = ganho médio de peso ao desmame (GMPD) predito (y) aproximado da função complexa de ativação (φ);

φ = função ativação de transferências complexas dos fenótipos (φ) (funções compostas complexas);

x_m = entradas diretas de peso ao desmame (PD); precocidade ao desmame (PPD); musculosidade ao desmame (MPD); conformação ao desmame (CPD) por arquitetura de valores ambientais m , variando de um a m (safras e fazendas);

w_{km} = vetor pesos, ponderadores complexos das entradas no universo dimensional em séries temporais de análise (conhecimento da EML/IGASE).

Todas as entradas foram diretas não fixadas em arquiteturas de Extreme Machine Learning (EML/IGASE), sem a variável de saída como treino.

Considere o conjunto de dados:

$$D = \{x_i, y_i\}_{i=1}^N,$$

Composto em N pares de vetores em que:

$$X = [x_1 \ x_2 \ \dots \ x_N]^T \text{ e } Y = [y_1 \ y_2 \ \dots \ y_N]^T,$$

Conforme representados nas Equações Matriciais abaixo:

$$Y = \begin{bmatrix} y_{11} & y_{12} & \dots & y_{1m} \\ y_{21} & y_{22} & \dots & y_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ y_{N1} & y_{N2} & \dots & y_{Nm} \end{bmatrix}_{N \times m},$$

$$X = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1n} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{N1} & x_{N2} & \dots & x_{Nn} \end{bmatrix}_{N \times n},$$

Em que n é a dimensão do espaço de entrada; N o número de amostras e m é a dimensão do espaço de saída.

A matriz de peso Z na dimensão da camada oculta, definida na Equação Matricial:

$$Z = \begin{bmatrix} z_{11} & z_{12} & \dots & z_{1\ell} \\ z_{21} & z_{22} & \dots & z_{2\ell} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ z_{n1} & z_{n2} & \dots & z_{n\ell} \end{bmatrix}_{n \times \ell},$$

A matriz de pesos W da camada de saída, definida como:

$$W = \begin{bmatrix} w_{11} & w_{12} & \dots & w_{1m} \\ w_{21} & w_{22} & \dots & w_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ w_{\ell 1} & w_{\ell 2} & \dots & w_{\ell m} \end{bmatrix}_{\ell \times m},$$

As colunas de Z contêm os vetores de pesos de cada um dos (L) neurônios da camada oculta. De forma análoga, as colunas de W contêm os vetores dos pesos de cada um dos (m) neurônios de saída.

O produto de X por Z resulta na matriz U , que corresponde à resposta linear, de todos os neurônios da camada oculta, conforme:

$$U = \begin{bmatrix} u_{11} & u_{12} & \dots & u_{1\ell} \\ u_{21} & u_{22} & \dots & u_{2\ell} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ u_{N1} & u_{N2} & \dots & u_{N\ell} \end{bmatrix}_{N \times \ell},$$

Sobre a matriz U é aplicada a função de ativação complexa, comum a todos os neurônios da camada oculta, obtendo-se a matriz H , que contém os mapeamentos não lineares de todas as amostras de entrada do espaço da camada oculta.

A matriz H , que tem a mesma dimensão de U , pode ser representada pela função geral de mapeamento $h(X,Z)$ e seus elementos pelas funções:

$$H = \begin{bmatrix} h_1(x_1, z_1) & h_2(x_1, z_2) & \dots & h_\ell(x_1, z_\ell) \\ h_1(x_2, z_1) & h_2(x_2, z_2) & \dots & h_\ell(x_2, z_\ell) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ h_1(x_N, z_1) & h_2(x_N, z_2) & \dots & h_\ell(x_N, z_\ell) \end{bmatrix}_{N \times \ell},$$

onde (L) corresponde ao número de dimensões, número de neurônios na camada intermediária.

O resultado da saída de aproximação Y apresenta a Equação Matricial:

$$\hat{Y} = \begin{bmatrix} \hat{y}_{11} & \hat{y}_{12} & \dots & \hat{y}_{1m} \\ \hat{y}_{21} & \hat{y}_{22} & \dots & \hat{y}_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \hat{y}_{N1} & \hat{y}_{N2} & \dots & \hat{y}_{Nm} \end{bmatrix}_{N \times m}$$

Em que o argumento da equação é saída predita, se aproximar do dado real.

A matriz dos Erros Quadráticos Médios (EQM), na interação corresponde à equação matricial:

$$E = \begin{bmatrix} (y_{11} - \hat{y}_{11}) & (y_{12} - \hat{y}_{12}) & \dots & (y_{1m} - \hat{y}_{1m}) \\ (y_{21} - \hat{y}_{21}) & (y_{22} - \hat{y}_{22}) & \dots & (y_{2m} - \hat{y}_{2m}) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ (y_{N1} - \hat{y}_{N1}) & (y_{N2} - \hat{y}_{N2}) & \dots & (y_{Nm} - \hat{y}_{Nm}) \end{bmatrix}_{N \times m}$$

As variáveis ambientais entrarão no processamento, como variáveis diretas nas análises computacionais da EML/IGASE, juntamente com as variáveis dos fenótipos produtivos das categorias animais. As saídas serão aproximações complexas e multifatoriais de funções de transferências compostas, fatores genéticos interagindo com os ambientais, nas séries temporais dos eventos ocorridos nas safras (SF) e fazendas (FAZ).

A EML/IGASE consiste em álgebra matricial e computacional complexa, em relação às metodologias clássicas de decomposição de partes numéricas, que são incapazes de predição e simulação acurada dos fenótipos produtivos e reprodutivos, frente às variáveis complexas ambientais inseridas de forma direta nas modelagens clássicas e que variam em séries temporais dos eventos fenotípicos expressos. A alternativa de substituição das metodologias de modelos mistos, pautada na decomposição de partes dos fenótipos em efeitos genéticos e ambientais e na correção para os poucos efeitos fixos considerados dentro de grupo de contemporâneos, para a utilização de redes neurais de aprendizado de máquina extremo introduz a transferência algébrica de inúmeros efeitos determinantes em diferentes sistemas de produção animal possibilita enfoque mais realista e temporal, pautado na interações genótipos \times ambientes.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

A Tabela 01 contempla a estatística descritiva dos fenótipos expressos nas progênes dos touros, na fase de desmame (D).

Tabela 01. Estatística Descritiva dos Fenótipos Expressos e Efeitos Ambientais durante a fase de desmame (D) das Progênes Avaliadas.

| | Estatística Descritiva | | | | |
|------|------------------------|----------|---------|---------|-----------|
| | N | MEDIA | DP | CV | VARIANCIA |
| GMPD | 8812 | 2.6577 | 1.9054 | 71.6947 | 3.6306 |
| PD | 8812 | 184.9749 | 32.5391 | 17.5911 | 1058.7905 |
| CPD | 8812 | 2.9688 | 1.1059 | 37.2516 | 1.2231 |
| PPD | 8812 | 3.0709 | 1.1706 | 38.1202 | 1.3704 |
| MPD | 8812 | 2.9881 | 1.1839 | 39.6208 | 1.4016 |

N = número de informações; DP = desvio padrão; CV = coeficiente de variação; GMPD = ganho médio de peso a desmama; PD = pesos a desmama; CPD = conformação ao desmame; PPD = precocidade a desmama; MPD = musculatura a desmama.

As arquiteturas das 18 Redes Neurais Artificiais (RNA), Extreme Machines Learning (EML/IGASE) foram utilizadas na transferência complexa de funções compostas, predizendo ganho médio de peso ao desmame (GMPD) em diferentes safras (SF) e fazendas (FAZ).

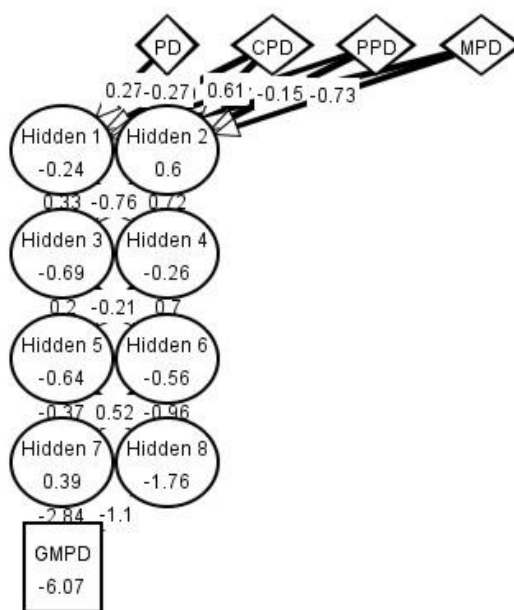


Figura 09: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (01).

A Figura 09 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada que foram o peso ao desmame (PD), a conformação ao desmame (CPD), a precocidade ao desmame (PPD) e a musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 01 (SF01), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 01 (SF01) e dentro e entre fazendas (FAZ).

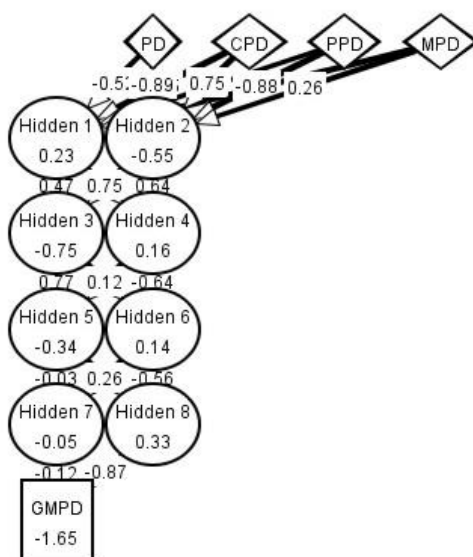


Figura 10: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (02).

A Figura 10 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada de peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 02 (SF02), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em (EQM=0.10). A variável complexa predita ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções

compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 02 (SF02) e dentro e entre fazendas (FAZ).

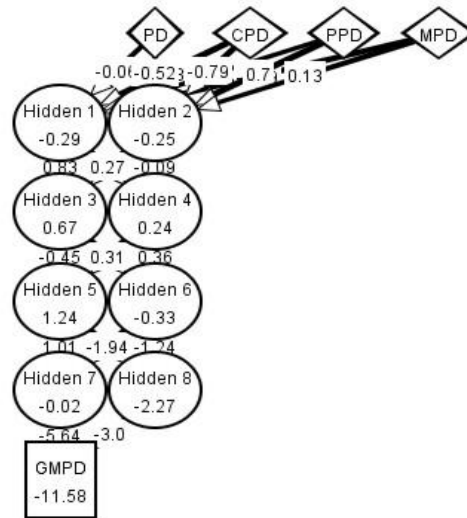


Figura 11: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (03).

A Figura 11 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 03 (SF03), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios e o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 03 (SF03) e dentro e entre fazendas (FAZ).

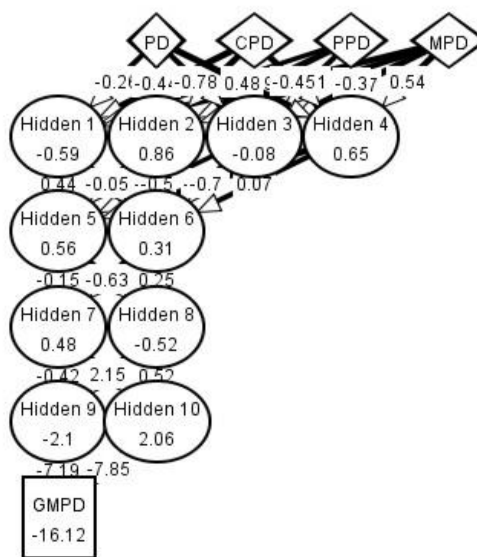


Figura 12: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (04).

A Figura 12 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 04 (SF04), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 10 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 04 (SF04) e dentro e entre fazendas (FAZ).

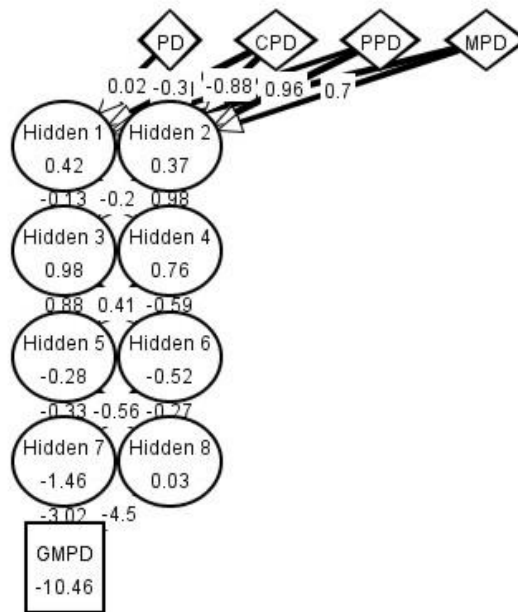


Figura 13: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (05).

A Figura 13 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 05 (SF05), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 05 (SF05) e dentro e entre fazendas (FAZ).

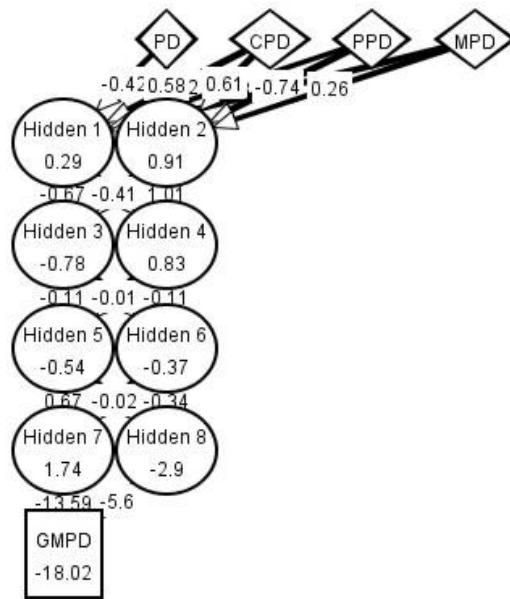


Figura 14: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (06).

A Figura 14 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 06 (SF06), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 06 (SF06) e dentro e entre fazendas (FAZ).

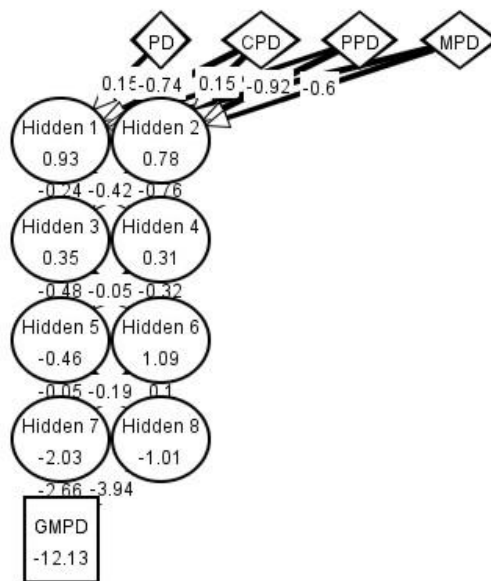


Figura 15: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (07).

A Figura 15 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 07 (SF07), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 07 (SF07) e dentro e entre fazendas (FAZ).

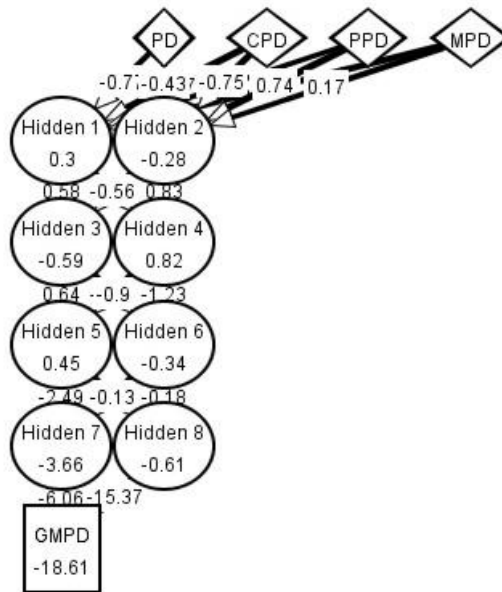


Figura 16: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (08).

A Figura 16 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 08 (SF08), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 08 (SF08) e dentro e entre fazendas (FAZ).

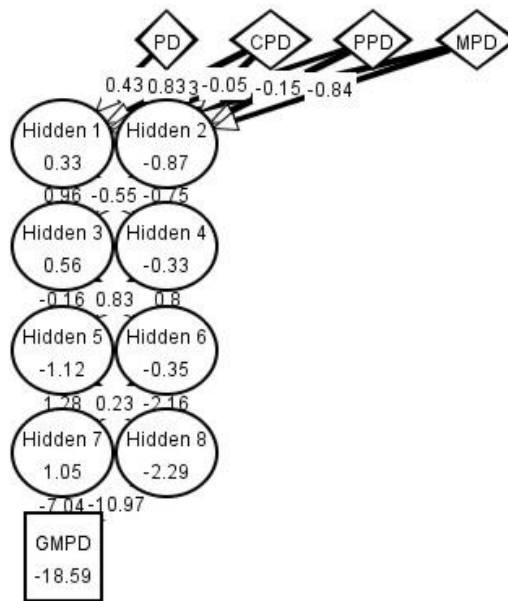


Figura 17: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (09).

A Figura 17 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir das variáveis de entrada peso ao desmame (PD), conformação ao desmame (CPD), precocidade ao desmame (PPD) e musculatura ao desmame (MPD), mensuradas nos animais dentro da safra 09 (SF09), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). As variáveis entraram como fonte de variação direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios, o EQM alvo nas interações das funções complexas foi fixado em 0,10. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participa das entradas complexas, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas das demais variáveis de entrada direta na safra 09 (SF09) e dentro e entre fazendas (FAZ).

O questionamento se haveria funções complexas transferindo diretamente da entrada univariada do peso ao desmame (PD) para a saída univariada do ganho médio de peso ao desmame (GMPD) dentro das safras (SF) e dentro e entre fazendas (FAZ) foi levantada durante o estudo, visando economizar a mensuração das variáveis categóricas envolvidas na complexidade, por serem subjetivas visuais durante o ato de mensuração. Portanto, as arquiteturas de Extreme Learning (EML/IGASE) descritas abaixo foram rodadas com essa finalidade específica.

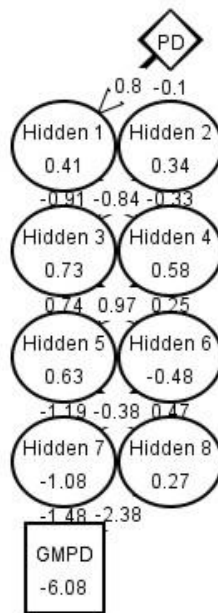


Figura 18: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (01).

A Figura 18 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 01 (SF01), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 01 (SF01) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

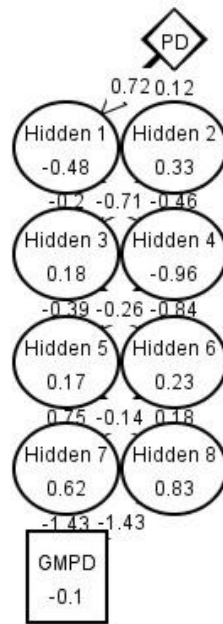


Figura 19: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (02).

A Figura 19 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 02 (SF02), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 02 (SF02) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

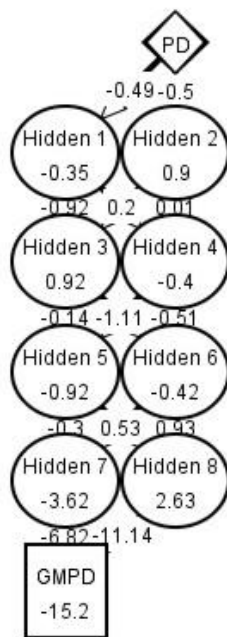


Figura 20: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (03).

A Figura 20 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 03 (SF03), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 03 (SF03) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

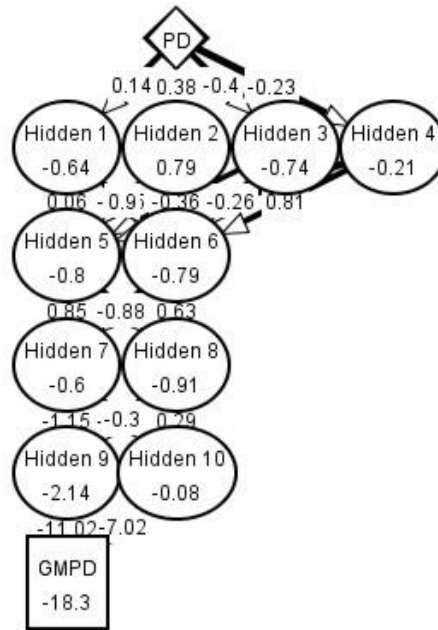


Figura 21: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (04).

A Figura 21 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 04 (SF04), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 10 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 04 (SF04) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

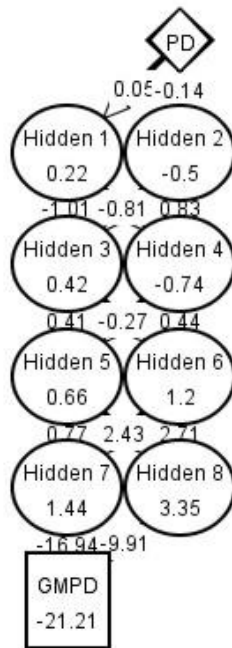


Figura 22: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (05).

A Figura 22 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 05 (SF05), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 05 (SF05) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

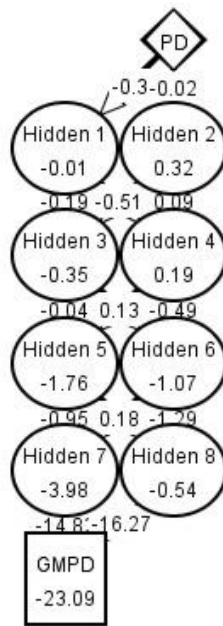


Figura 23: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (06).

A Figura 23 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 06 (SF06), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 06 (SF06) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

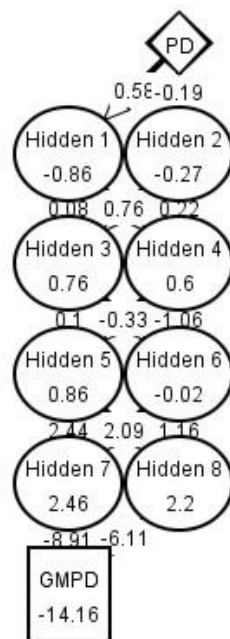


Figura 24: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (07).

A Figura 24 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 07 (SF07), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 07 (SF07) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

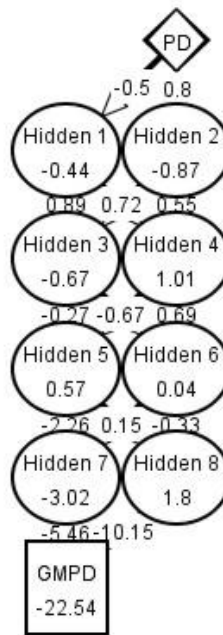


Figura 25: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (08).

A Figura 25 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 08 (SF08), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 08 (SF08) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

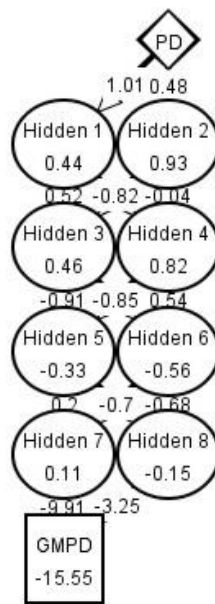


Figura 26: Arquitetura Extreme Learning (IGASE) GMPD (09).

A Figura 26 evidencia a arquitetura da Extreme Machines Learning (EML/IGASE), rodada a partir da variável de entrada do peso ao desmame (PD), mensurada nos animais dentro da safra 09 (SF09), dentro e entre 09 fazendas (FAZ). A variável PD entrou como única fonte direta na EML/IGASE, não havendo variáveis fixadas. A EML/IGASE específica trabalhou com 04 camadas e 08 neurônios. A variável complexa predita de ganho médio de peso ao desmame (GMPD) não participou da entrada, portanto não houve treinamento prévio para GMPD, somente como saída predita em funções compostas e complexas da variável de entrada direta PD na safra 09 (SF09) e dentro e entre as 09 fazendas (FAZ).

Os Gráficos de 01 a 09 mostram a aproximação dos valores preditos do ganho médio de peso a desmama (VPGMPD) em relação aos valores reais de ganho médio de peso ao desmame (VRGMPD) mensurados nas progênes a campo dentro das safras (SF) e dentro/entre fazendas (FAZ), pelas arquiteturas de Extreme Machines Learning (EML/IGASE) evidenciadas nas Figuras 09 a 17 e respectivos Erros Quadrados Médios (EQM) nas interações complexas, evidenciados no parâmetro (Train) de cada gráfico.

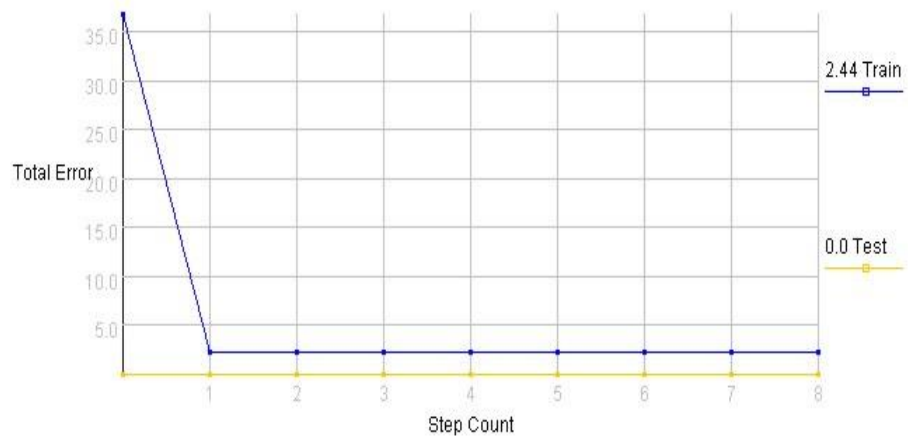


Gráfico 01: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 09.

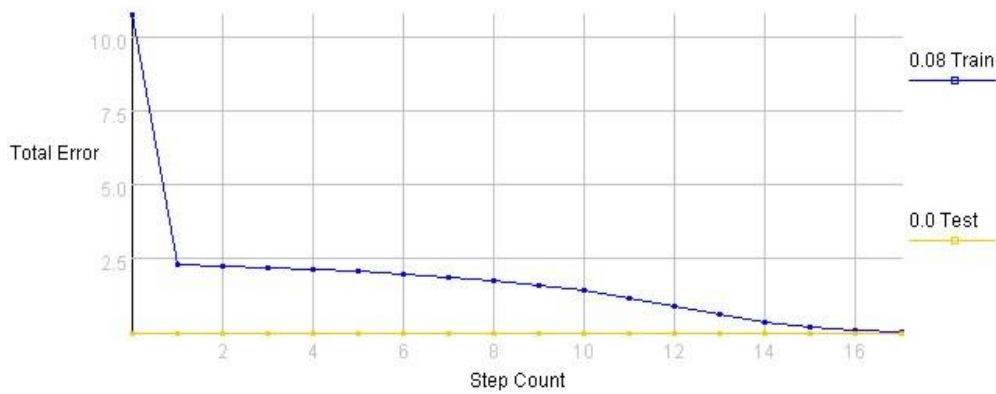


Gráfico 02: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 10.

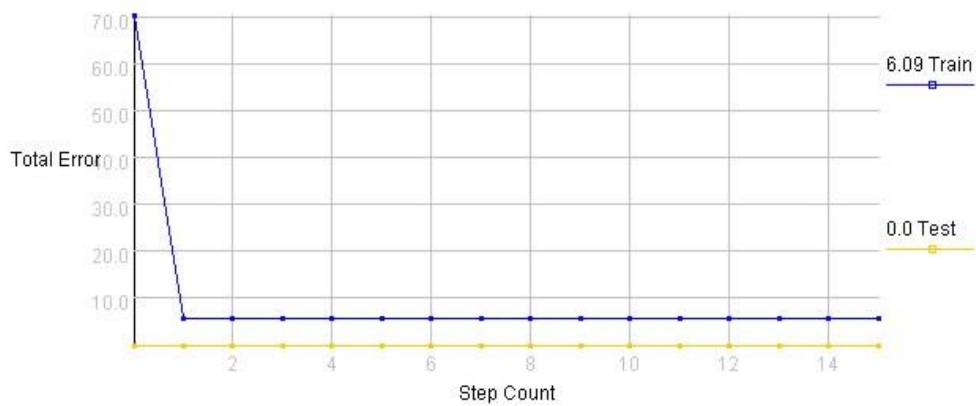


Gráfico 03: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 11.

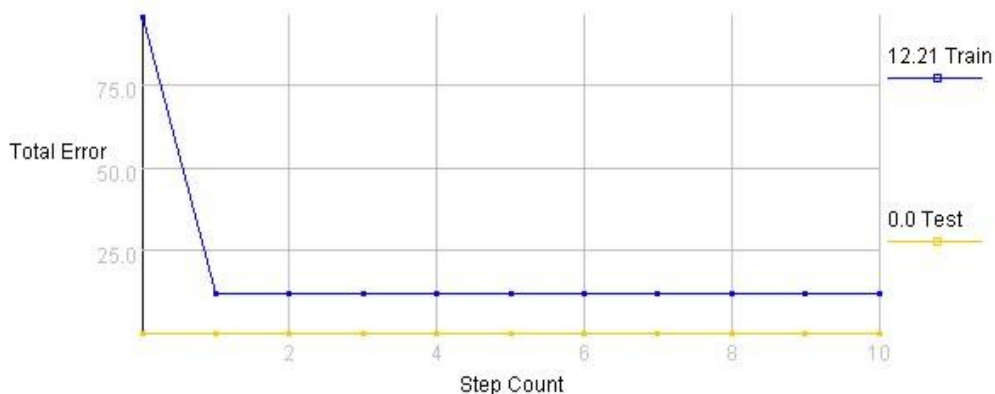


Gráfico 04: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD). Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 12.

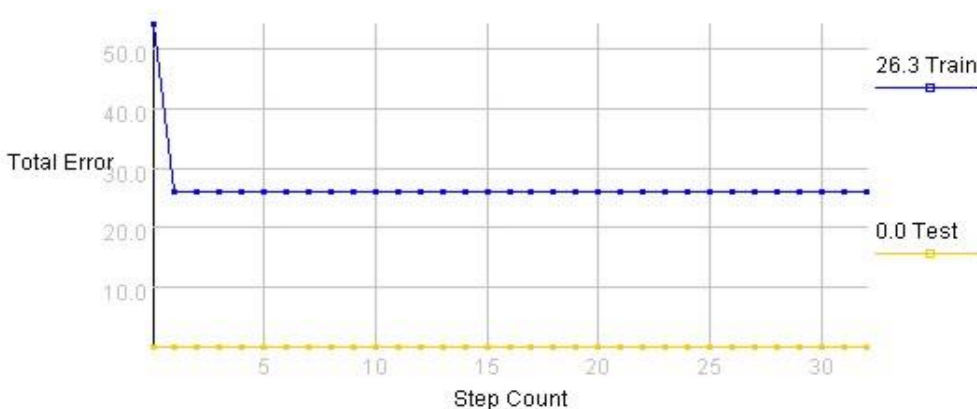


Gráfico 05: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD). Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 13.

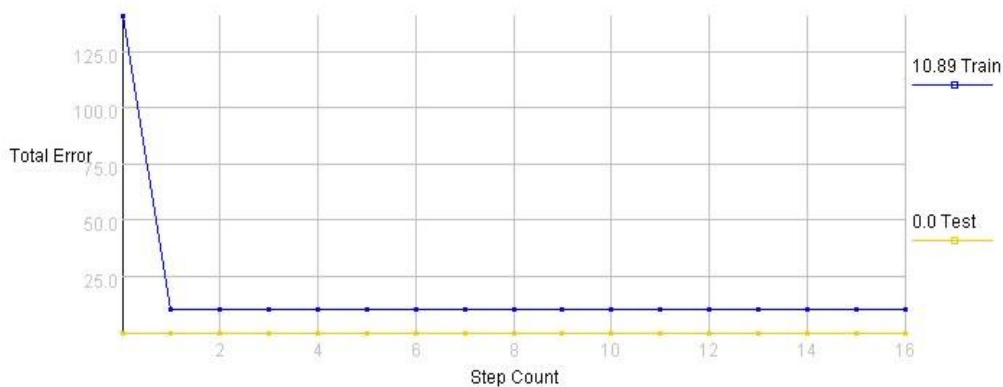


Gráfico 06: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 14.

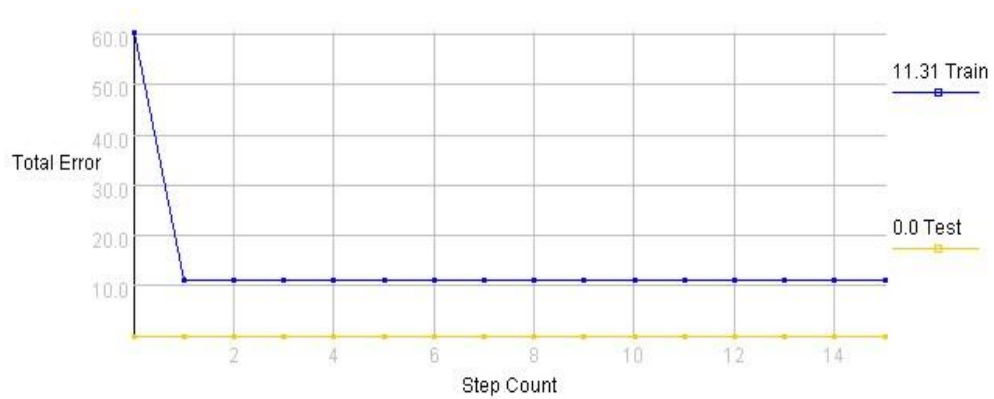


Gráfico 07: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 15.

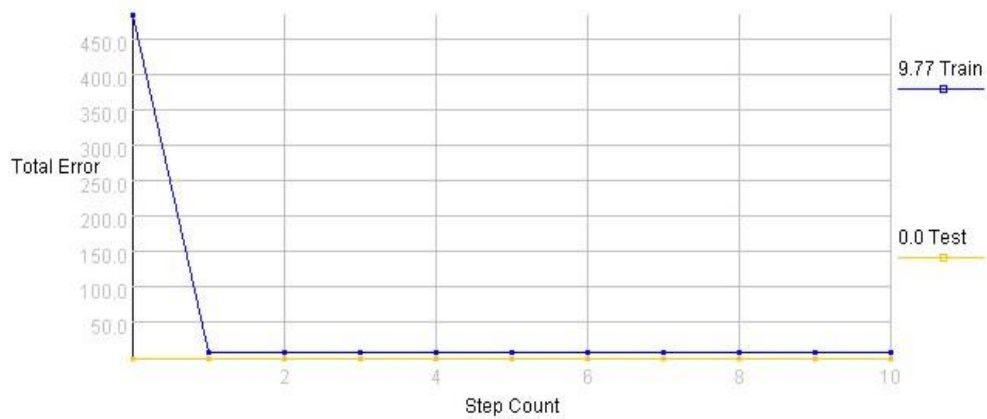


Gráfico 08: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 16.

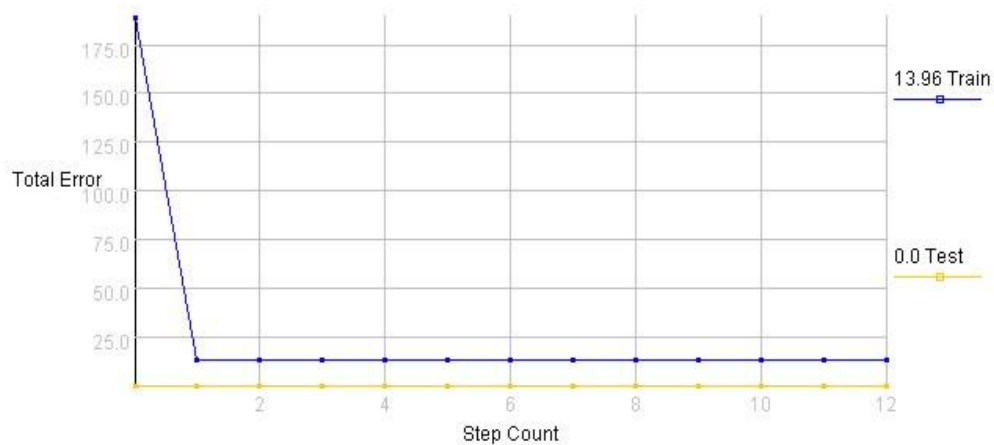


Gráfico 09: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 17.

Nos Gráficos de 10 a 18 nota-se a aproximação dos valores preditos do ganho médio de peso a desmama (VPGMPD) em relação aos valores reais de ganho médio de peso ao desmame (VRGMPD) em função da entrada univariada peso ao desmame (PD), dentro das safras (SF) e dentro/entre fazendas (FAZ), pelas arquiteturas de Extreme Machines Learning (EML/IGASE) evidenciadas nas Figuras 18 a 26 e respectivos Erros Quadrados Médios (EQM) nas interações complexas, evidenciados no parâmetro (Train) de cada gráfico.

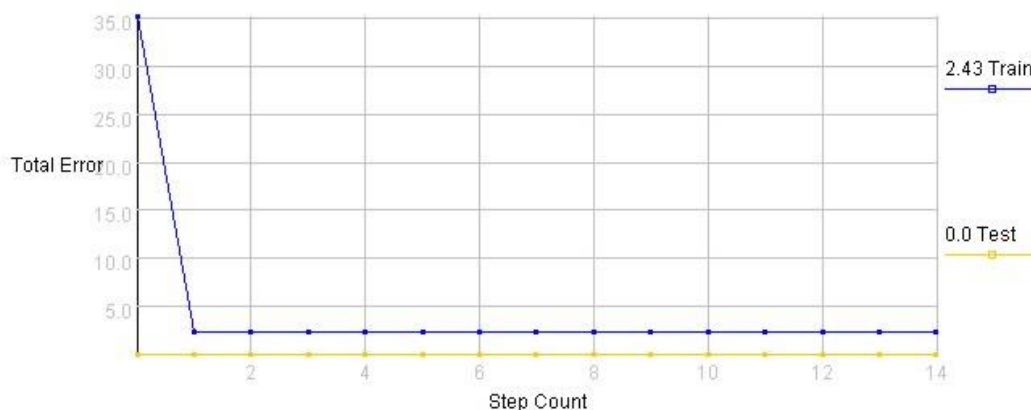


Gráfico 10: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 18.

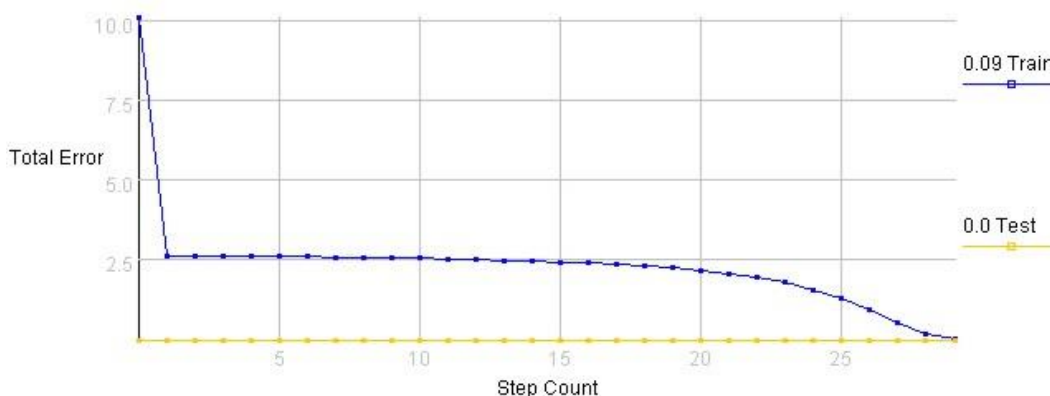


Gráfico 11: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 19.

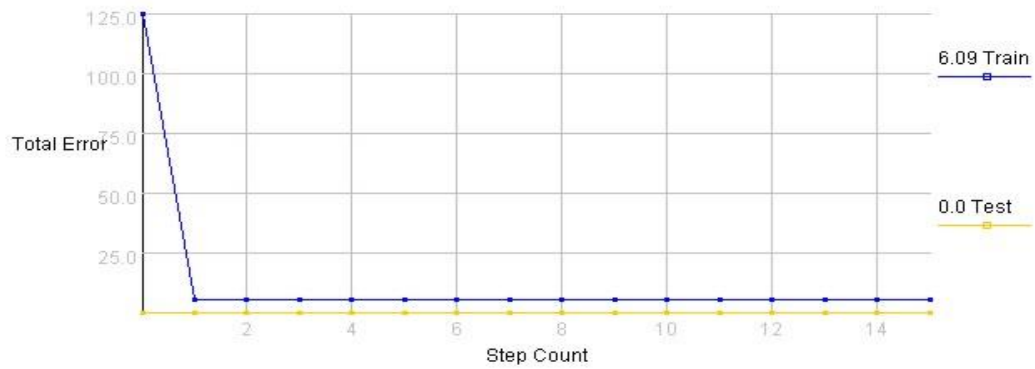


Gráfico 12: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 20.

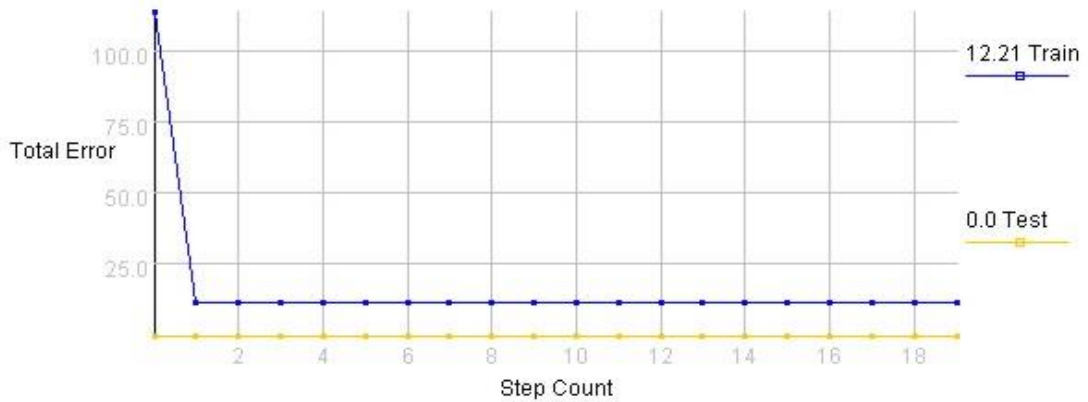


Gráfico 13: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 21.

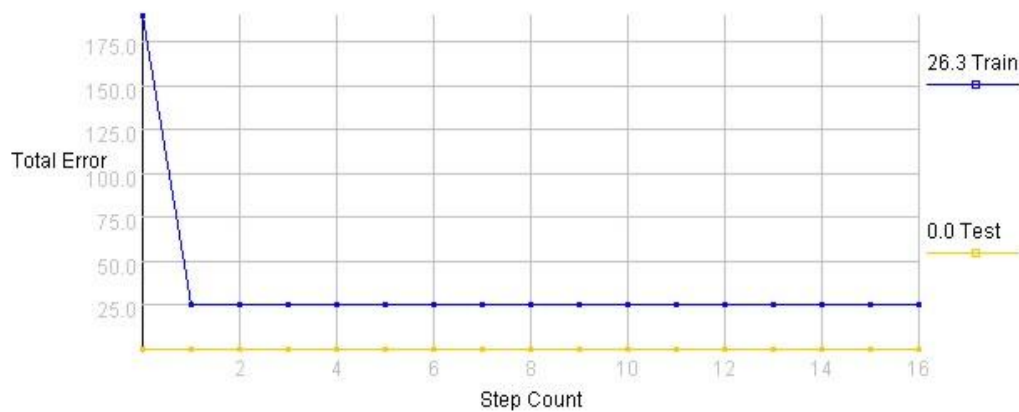


Gráfico 14: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 22.

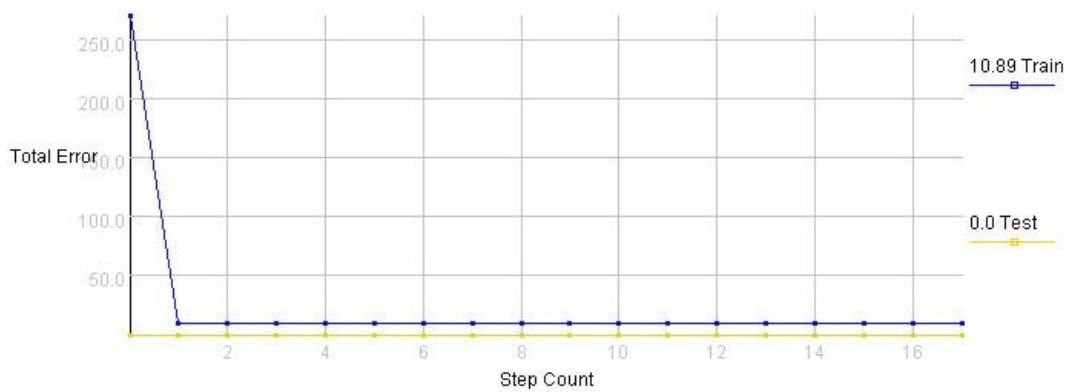


Gráfico 15: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 23.

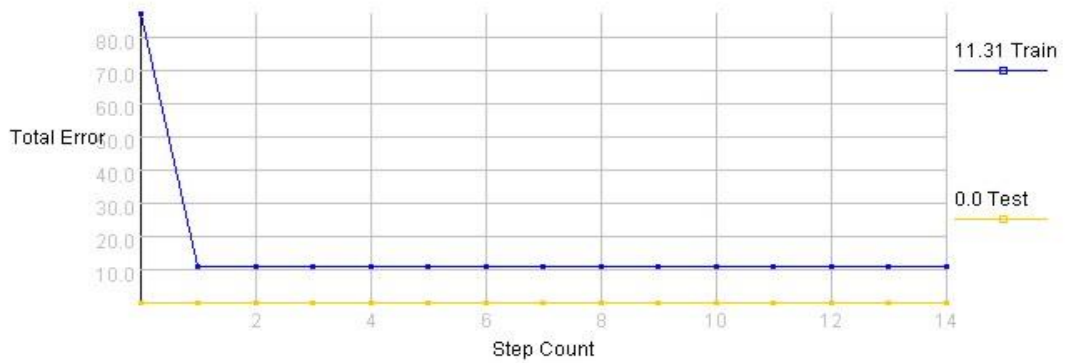


Gráfico 16: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 24.

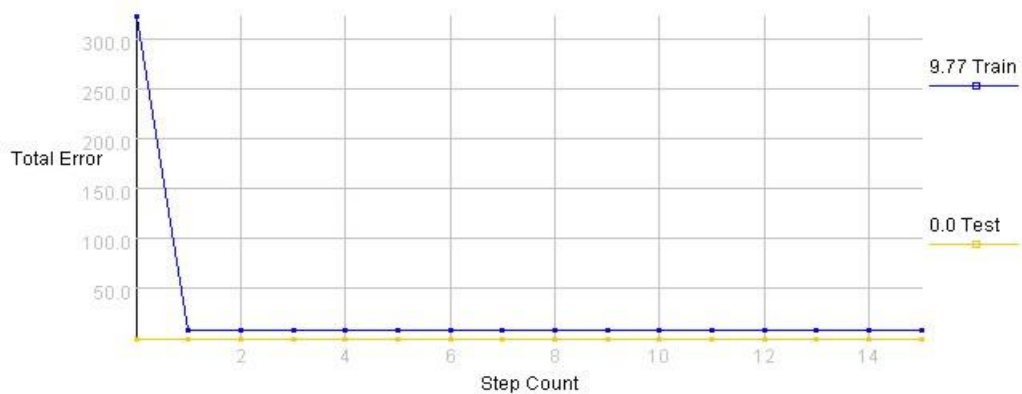


Gráfico 17: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).
Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 25.

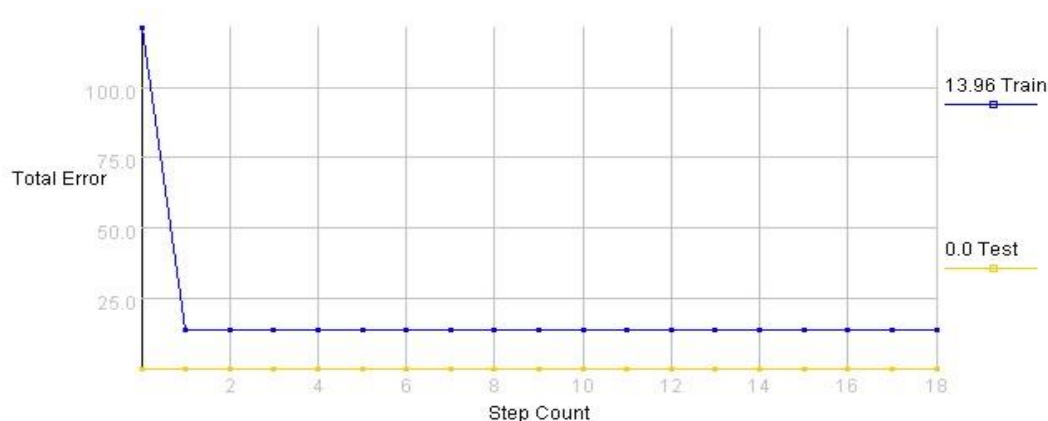


Gráfico 18: Erros Quadrados médios (EQM) nas transferências de funções complexas da Extreme Learning (EML/IGASE). Valores preditos (VPGMPD) x Valores reais (VRGMPD).

Vide Arquitetura EML/IGASE na Figura 26.

A escolha correta de animais para as condições específicas de produção torna-se fundamental para aperfeiçoar os recursos e uniformizar a produção animal dentro e entre safras (SF), dentro e entre fazendas (FAZ) e diferentes níveis de imputáveis ambientais e tipos de sistemas de produção animal na expressão fenotípica.

Nas análises univariadas com a variável de entrada pesos ao desmame (PD) transferindo para o ganho médio de peso a desmama (GMPD), a metodologia de redes de EML/IGASE realizou previsões numéricas complexas em 08 safras produtivas em nove (09) fazendas, onde os Erros Quadráticos Médios (EQM) entre as variáveis preditas e variáveis reais de GMPD oscilaram entre 0,09 e 13,96%. Para as análises multivariadas com as quatro variáveis de entrada pesos a desmama (PD), conformação ao desmame (CPD), musculatura a desmama (MPD) e precocidade a desmama (PPD) em 09 safras das 09 fazendas produtivas, os Erros Quadráticos Médios (EQM) entre as variáveis preditas e variáveis reais de GMPD, oscilaram entre 0,08 e 26,30%. As funções de transferências complexas foram robustas a testes de ruídos até a segunda casa decimal nas previsões numéricas consideradas no estudo.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A Extreme Machine Learning (EML/IGASE) é capaz: 1) de transferir funções complexas dos diferentes níveis de fenótipos expressos, a partir de diferentes níveis de imputáveis ambientais, na série temporal de produção animal em bovinos de corte; 2) de transferir funções complexas dos níveis de fenótipos expressos específicos, a partir de múltiplas entradas de diferentes níveis de imputáveis ambientais e demais níveis de fenótipos expressos em correlatos, conectados diretos biológicos, na série temporal de produção animal em bovinos de corte.

A Extreme Machine Learning (EML/IGASE) foi capaz de satisfazer o argumento das funções numéricas complexas na predição (níveis de variáveis de saída) e simulação (níveis de variáveis de entrada) de forma direta com acurácia, sem caracterizar convergências locais ou globais viesadas, sendo robustas, mesmo frente a Testes de Ruído (Teste Noise), inseridos na estrutura do banco de dados. A EML/IGASE comportou análises multifatoriais complexas sem fixar variáveis ambientais, aproximando funções compostas complexas de entradas para saídas de interpretação biológica simplificada, mantendo a classificatória e ordenamento das expressões fenotípicas das progênes consistentes, à medida que as séries temporais dos níveis de variação ambiental ocorrem dentro e entre safras (SF) e fazendas (FAZ), nos diferentes sistemas produtivos. A Extreme Machine Learning (EML/IGASE) é capaz de transferir funções numéricas a partir das mensurações de peso ao desmame (PD) direto para ganho médio de peso diário (GMPD) e das variáveis de entrada pesos a desmama (PD), conformação ao desmame (CPD), musculatura a desmama (MPD) e precocidade a desmama (PPD) para ganho médio de peso diário (GMPD).

As Transferências de Funções Complexas de Fenótipos, em séries temporais de produção nas EML/IGASE podem predizer os desempenhos animais, nos conjuntos de dados com conexão biológica das mensurações e tem potencialidade para simular níveis diferentes de efeitos ambientais, compreender expressões fenotípicas produtivas e reprodutivas, realizar projeções de sistemas de produção específicos em diferentes safras, fazendas, regiões e países. A metodologia EML/IGASE, tem impacto comercial direto para o produtor rural, contribuindo para o aumento de margens de lucros e redução de custos de produção animal por conseguir praticar seleção animal na complexidade dos imputáveis ambientais reduzindo a ocorrência de animais que não desempenham em ambientes específicos e por poder simular níveis de imputáveis ambientais complexos que afetam os parâmetros de produção animal.

Campos futuros de atuação da metodologia EML/IGASE podem se estender a reprodução e produção animal via simulação dos níveis de imputáveis ambientais dos componentes das dietas na expressão fenotípica, portanto entrar com os componentes de dietas e níveis bromatológicos de pastagens, suplementos energéticos e proteicos, suplementos minerais, dados bioclimatológicos e dados de análises físicas, químicas e de biota de solos como variáveis ambientais diretas nas análises complexas, já que as EML/IGASE mostram-se aproximadas de funções compostas complexas robustas em diferentes séries temporais dos eventos produtivos, sendo acuradas e precisas na predição do desempenho animal de forma individualizada e especializada.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Henderson CR. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p.423-447, 1975.
2. Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD. et al. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variance and covariance. Lincoln: Agricultural Research Service, 120p, 1995.
3. Bertazzo RP. Funções De Transferências Complexas Dos Fenótipos Expressos De Ultrassom De Carcaça Na Interação Genótipos Ambientes Em Bovinos De Corte. 2022 (pile)
4. Marcondes CR, Matos AS, Interação genótipo-ambiente em bovinos: revisão de estudos no Brasil. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2010. 50 p. : il. ; 21 cm. (Documentos / Embrapa Amazônia Oriental, ISSN 1983-0513; 365).
5. Corrêa MBB, Dionello NJL, Cardoso FF, Efeito da interação genótipo-ambiente na avaliação genética de bovinos de corte, R. Bras. Agrocência, Pelotas, v.13, n.2, p.153-159, abr-jun, 2007
6. Reis JC, Lobo RB. Interações genótipo-ambiente nos animais domésticos. Ribeirão Preto, p.194, 1991.
7. Pani SN et al. Genetic x environment interaction in sire evaluation. Missouri, p. 138, 1971.
8. Falconer DS. The problem of environment and selection. American Naturalistic, v.86, p.293-298, 1952.
9. Falconer DS, Mackay TFC. Introduction to quantitative genetics. 4. ed. Edinburgh: Longman, p 464, 1996
10. Alencar MM, Mascioli AS, Freitas AR. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. R. Bras. de Zootec. v.34, n.2, p.489-495, Viçosa Mar/Apr. 2005. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982005000200016>
11. Dickerson GE. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. Animal Production, v. 4, p. 47, 1962.
12. Araujo CV, Lobo RB, Bezerra LAF et al. Estudo de heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Nelore. R. Bras. Zootec. vol.40 n.9 Viçosa Sept. 2011 <https://doi.org/10.1590/S1516-35982011000900009>
13. Oliveira LA. Efeito da interação genótipo ambiente, sob a forma de heterogeneidade de variâncias entre rebanhos. 2009. 51 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Pará, Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural, Empresa Brasileira de Pesquisa

Agropecuária, Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, 2009. Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal. <http://repositorio.ufpa.br:8080/jspui/handle/2011/5214>

14. Fries LA, Albuquerque LG. Pressuposições e restrições dos modelos animais com efeitos maternos em gado de corte. In: Paranhos da Costa e Cromberg. Comportamento materno em mamíferos: bases teóricas e aplicações aos ruminantes domésticos. São Paulo, 1998. p. 179-214

15. Hohenboken WD. Maternal Effects. World Animal Science A4: General and Quantitative Genetics. Amsterdam: Elsevier, p. 135-149, 1985.

16. Souza PRS de. Efeitos ambientais e genéticos sobre o desempenho pré e pós - desmama em bovinos Nelore na Região Sul do Brasil. 2005. 65 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Santa Maria. Santa Maria, 2005. <http://repositorio.ufsm.br/handle/1/10892>

17. Mercadante MEZ, Lôbo RB. Estimativas de (Co)Variâncias e Parâmetros Genéticos dos Efeitos Direto e Materno de Características de Crescimento de Fêmeas de um Rebanho Nelore. R. Bras. de Zootec. v. 29, n. 4, p. 1124–1133, Viçosa July/Aug. 2000. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982000000400008>

18. Albuquerque LG, Meyer K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore cattle. Journal of Animal Breeding and Genetics, v. 118, n. 2, p. 83–92, 2001.

19. Ribeiro SHA et al. Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. Arq. Bras. de Med. Vet. e Zootec. v. 61, n. 2, p. 401–406, 2009. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352009000200017>

20. Waldron DF et al. Maternal effects for growth traits in beef cattle. Livest.Prod.Sci., v. 34, p. 57–70, 1993.

21. Souza LA, Malhado CHM, Neto JB et al. Interações genótipos ambientes no peso ao ano de bovinos Tabapuã na região nordeste do Brasil. Rev. Caatinga vol.29 no.1 Mossoró Jan./Mar. 2016. <https://doi.org/10.1590/1983-21252016v29n124rc>

22. Carvalho CVD, Costa RB, Camargo GMF, Bittencourt TCC. Interação Genotipo x Ambiente para características reprodutivas em bovinos da raça Nelore no Brasil. Rev. bras. saúde prod. anim. vol.20 Salvador, Feb 07, 2019. <https://doi.org/10.1590/s1519-9940200512019>

23. Tanaka ALR, Carvalheiro R, Fries LA, Queiroz SA. Comparação de critérios de seleção para precocidade crescimento de bovinos da raça Guzerá. *Rev. Bras. Zootec. Viçosa*, v.38, n. 2, p. 284-291, 2009. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982009000200010>
24. Chud TCS et al. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livestock Science*, v. 170, p. 16–21, 2014.
25. Nieto LM, Alencar MM de, Rosa AN. Critérios de Seleção. In: ROSA, A. DO N. et al. (Eds.). *Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa*. 1. ed. Brasília -DF: Embrapa, 2013. p. 256.
26. Bocchi AL, Teixeira RA, Albuquerque LG de. Idade da vaca e mês de nascimento sobre o peso ao desmame de bezerros nelore nas diferentes regiões brasileiras. *ActaScientiarum.Animal Sciences*, v. 26, n. 4, p. 475–482, 2004. DOI: <https://doi.org/10.4025/actascianimsci.v26i4.1724>
27. Valle ER, Andreotti R, Thiago LRLS. Estratégias para o aumento da eficiência reprodutiva e produtiva de bovinos de corte. Campo Grande: Embrapa CNPGC, 1998. 80p. (Embrapa – CNPGC. Documentos 71).
28. Silva AM, Alencar MM, Freitas AR et al. Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. *Rev. Bras. de Zootec.* v.29, n.6, p.2223-2230, 2000.
29. Lôbo RB, Bezerra LAF, Oliveira HN et al. Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes. Ribeirão Preto: Universidade de São Paulo/GEMAC, 76p, 2007.
30. Martins EN. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 39., 2002, Recife. *Anais...* Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. p.205-214.
31. Bergmann JAG et al. Efeitos de meio sobre características ponderais em animais Nelore. *Arq. Bras. de Med. Vet. e Zootec.* v. 35, n. 2, p. 255–281, 1983.
32. Silva FFE, Aquino LH de, Oliveira AIG. Influência de fatores genéticos e ambientais sobre as estimativas dos parâmetros das funções de crescimento em gado Nelore. *Ciênc. agrotec., Lavras*, v.25, n.5, p. 1195-1205, set./out., 2001
33. Bertazzo RP. Utilização de redes neurais artificiais na predição do mérito genético de bovinos de corte. 2006 [citado 2022 ago. 20]
34. Nigrin A, *Neural Networks for Pattern Recognition (first Ed.)* A Bradford Book, 1993.
35. Tafner M, Xerez M d., Filho RNAI. *Introdução e princípios de neurocomputação*. Blumenau: EKO: Editora da FURB, 11ª edição, 1996.

36. Haykin S, "Neural Networks: A Comprehensive Foundation", 2nd edition, Prentice Hall (1999).
37. Huang, G.-B., Zhu, Q.-Y., e Siew, C.-K. (2004). Extreme learning machine: a new learning scheme of feedforward neural networks. Em Neural Networks, 2004. Proceedings. 2004 IEEE International Joint Conference on, volume 2, pgs. 985{990 vol.2.
38. Huang, G., Zhu, Q., e Siew, C. (2006a). Extreme learning machine: Theory and applications. Neurocomputing, 70(1-3):489{501.
39. Serre D, Matrices: Theory and Applications. Springer, 1st edition. Edition (2002).
40. Rumelhart D, Hintont G, Williams R. Learning representations by back-propagating errors. Nature, 323(6088):533{536 (1986).
41. Cover TM. Geometrical and statistical properties of systems of linear inequalities with applications in pattern recognition. IEEE Transactions on Electronic Computers, 14:326{334 (1965).
42. Deng W, Zheng Q, Chen L. Regularized extreme learning machine. Em Computational Intelligence and Data Mining, 2009. CIDM'09. IEEE Symposium on, pgs. 389{395. IEEE.
43. Miche Y, Van Heeswijk M, Bas P, Simula O, Lendasse A. Trop-elm: A double-regularized elm using lars and tikhonov regularization. Neurocomputing, 74(16):2413{2421 2011.
44. Yu Q, Miche Y, Eirola E, Van Heeswijk M, Severin E, Lendasse A. Regularized extreme learning machine for regression with missing data. 2013. Neurocomputing, 102:45{51 2013.
45. Bertazzo RP, Eler JP. Utilização de redes neurais artificiais na predição do mérito genético de bovinos de corte. 2006. Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2006.