

Campinas, SP / Dezembro, 2024

Manual do sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos

```
thers" title="other fail"/><img  
rc="found_image.jpg" alt="Text screen"  
title="sider maggie"/>
```

```
v
```

```
ef=  
s://www.neilpatel.com/blog/">Blog Neil  
</a>
```

***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Agricultura Digital
Ministério da Agricultura e Pecuária***

e-ISSN 2764-2488

Documentos 194

Dezembro, 2024

Manual do sistema Banco de Dados de
Pedigree, Fenótipos e Genótipos

Fábio Danilo Vieira

***Embrapa Agricultura Digital
Campinas, SP
2024***

Embrapa Agricultura Digital
Av. Dr. André Tosello, 209
Cidade Universitária
13083-886 Campinas, SP, Brasil
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações
Presidente
Júlio Cesar Dalla Mora Esquerdo
Secretária-executiva
Sônia Ternes

Revisão de texto
Graziella Galinari

Normalização bibliográfica
Carla Cristiane Osawa

Projeto gráfico
Leandro Souza Fazio

Diagramação e imagem de capa:
Magda Cruciol

Publicação digital: PDF

Membros

*Adauto Luiz Mancini, Alan Massaru Nakai, Carla
Cristiane Osawa, Geraldo Magela de Almeida
Cançado, Graziella Galinari, Joice Machado
Bariani, Juliana Erika de Carvalho Teixeira
Yassitepe, Luiz Manoel Silva Cunha, Magda
Cruciol e Paula Regina Kuser Falcão*

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Agricultura Digital

Vieira, Fábio Danilo.

Manual do sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos / Fábio
Danilo Vieira. – Campinas : Embrapa Agricultura Digital, 2024.

PDF (39 p.) : il. color. - (Documentos / Embrapa Agricultura Digital, ISSN 2764-2488 ;
194).

1. Banco de dados. 2. Fenótipo. 3. Genótipo. 4. Pedigree. I. Título. II. Série

CDD (21. ed.) 005.74

Autor

Fábio Danilo Vieira

Tecnólogo em Processamento de Dados, mestre em Engenharia Agrícola, analista da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP

Apresentação

O sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos (BDPFG) surge como uma interessante alternativa às demandas crescentes de pesquisadores da área de melhoramento genético. Com o avanço das tecnologias de sequenciamento e a disponibilidade massiva de dados genômicos, tornou-se essencial dispor de uma ferramenta capaz de gerenciar eficientemente a complexidade e o volume desses dados.

O BDPFG foi concebido como uma evolução de um banco de dados anterior, incorporando avanços que permitem uma gestão mais robusta, segura e escalável das informações. O desenvolvimento do BDPFG foi orientado por uma visão clara: criar uma plataforma que não só mantivesse a essência do BDGF, mas que também fosse além, oferecendo novas funcionalidades e consultas mais eficientes para os usuários. No momento, o sistema permite apenas trabalhar com animais, mas estuda-se expandir seu uso para plantas também.

Uma das principais inovações do BDPFG é a sua capacidade de integrar dados de pedigree, fenótipos e genótipos em um único ambiente. Isso facilita não apenas o armazenamento e a consulta de informações, mas também a correlação entre essas diferentes dimensões de dados, promovendo uma compreensão mais abrangente das relações genéticas e fenotípicas entre indivíduos. Além disso, o sistema foi desenvolvido com uma arquitetura que permite a sua expansão e personalização, garantindo que ele possa ser adaptado para atender a futuras necessidades de pesquisa e desenvolvimento.

Por fim, o BDPFG reflete um compromisso contínuo com a inovação no gerenciamento de dados genéticos. Ele foi construído com base no feedback dos usuários do BDGF, incorporando melhorias sugeridas e novas funcionalidades que visam facilitar o trabalho diário de pesquisadores e profissionais da área. Este manual visa orientar os usuários a trabalhar corretamente com as funcionalidades do sistema.

Stanley Robson de Medeiros Oliveira
Chefe-Geral da Embrapa Agricultura Digital

Sumário

Introdução	11
Como utilizar o sistema Banco de Dados de Genótipos e Fenótipos	12
Considerações finais	37
Referências	38

Introdução

O avanço das tecnologias de genotipagem e sequenciamento em larga escala tem transformado profundamente o campo da genética e do melhoramento animal. À medida que a quantidade e a complexidade dos dados genômicos aumentam, torna-se crucial contar com sistemas de armazenamento e análise que possam acompanhar essas mudanças. Foi nesse contexto que o Banco de Dados de Genótipos e Fenótipos (BDGF) desempenhou um papel fundamental, fornecendo uma base sólida para o gerenciamento de dados fenotípicos e genotípicos. No entanto, as novas exigências da pesquisa genética impulsionaram a necessidade de uma plataforma ainda mais abrangente e integrada: o Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos (BDPFG).

O sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos representa uma evolução em relação ao BDGF, não apenas incorporando as funcionalidades existentes, mas também expandindo suas capacidades para atender às necessidades de integração de dados de pedigree, melhorando consideravelmente consultas e introduzindo tratamento de processos em *background*. O novo sistema foi projetado para oferecer uma interface intuitiva e uma arquitetura que suporta um grande volume de dados, garantindo assim que os usuários possam realizar suas pesquisas de forma mais eficiente e eficaz, ainda que possam ser melhoradas ainda mais no futuro.

Uma das principais inovações do BDPFG é a sua capacidade de lidar com a complexidade dos dados de pedigree, permitindo que os usuários realizem análises mais aprofundadas das relações genéticas entre indivíduos. A integração dos dados de pedigree com os dados fenotípicos e genotípicos oferece uma visão mais completa e detalhada das populações estudadas.

O resultado é um sistema que mantém a confiabilidade do BDGF, enquanto introduz novas capacidades que ampliam significativamente as possibilidades de análise e interpretação de dados, fornecendo uma

plataforma mais eficiente nas consultas e armazenamento de dados pelos usuários. Além disso, o sistema foi concebido para ser altamente flexível, permitindo que novas funcionalidades sejam incorporadas conforme as necessidades da pesquisa genética evoluem. O sistema foi desenvolvido utilizando-se de ferramentas de software livre para ambiente web, tais como Java¹, Primefaces², Hibernate³, PostgreSQL⁴ e WildFly⁵.

Como utilizar o sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos

O usuário deve acessar o sistema BDPFG⁶ por meio de um navegador web comum. Para fins de teste, é possível utilizar o ambiente de testes disponível. Atualmente, o sistema está restrito a funcionários e colaboradores da instituição, mas há planos para torná-lo acessível ao público no futuro..

Ao acessar o endereço, a página de login ilustrada na Figura 1 será exibida:



Figura 1. Tela de login do sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos.

Fonte: Banco [...] (2024).

(1) Disponível em: <https://www.oracle.com/br/java/>.

(2) Disponível em: <https://www.primefaces.org/>.

(3) Disponível em: <http://hibernate.org/>.

(4) Disponível em: <https://www.postgresql.org/>.

(5) Disponível em: <http://wildfly.org/downloads/>.

(6) Disponível em: <https://www.bdpfg-h.cnpia.embrapa.br/>.

Para acessar as funcionalidades do sistema, o usuário deve utilizar seu nome de usuário e senha registrados no Lightweight Directory Access Protocol (LDAP) da Embrapa. Se as credenciais estiverem corretas, o usuário será direcionado para a tela ilustrada na Figura 2.



Figura 2. Tela principal do sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos.

Fonte: Banco [...] (2024).

A tela principal do sistema é composta por um menu que inclui as opções “Visualizar”, “Importar”, “Exportar”, “Análises”, “Configurações” e “Ajuda”. No rodapé da página (Figura 3), há uma caixa de seleção para escolher o idioma (inglês ou português) e, no canto superior direito, um link “Sair”. Ao clicar em “Início”, o usuário retorna a essa mesma tela principal, e ao clicar em “Sair”, será redirecionado para a tela de Login.



Figura 3. Rodapé do sistema Banco de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos.

Fonte: Banco [...] (2024).

Além disso, vale destacar que há também notas de versão de todas as alterações e correções ocorridas no sistema desde sua implementação.

A primeira funcionalidade a ser demonstrada é a consulta de dados de indivíduos, acessada através do item “Visualizar Indivíduos” no menu “Visualizar”. Ao clicar nessa opção, a próxima tela (Figura 4) será exibida, mostrando os animais cadastrados no sistema.

INDIVIDUALID	ORIGINALID	NOME	FATHER	MOTHER	MOTHERF	MOTHERS	POPULACAONOME	ATIVO
3057001	EP59C109	EP 506 - Class 1 - Raça 1 - Sexo 0					MAC	TRUE
3057001	EP59C109	EP 506 - Class 0 - Raça 1 - Sexo 0					MAC	TRUE
3057002	EP59C104	EP 506 - Class 0 - Raça 1 - Sexo 0					MAC	TRUE
3057003	EP59C104	EP 506 - Class 0 - Raça 1 - Sexo 0					MAC	TRUE
3057004	EP59C104	EP 506 - Class 0 - Raça 1 - Sexo 0					MAC	TRUE
3057005	EP59C104	EP 506 - Class 0 - Raça 1 - Sexo 0					MAC	TRUE
3057006	EP59C101	EP 506 - Class 1 - Raça 1 - Sexo 1					MAC	TRUE
3057007	EP59C101	EP 506 - Class 0 - Raça 1 - Sexo 1					MAC	TRUE
3057008	EP59C101	EP 506 - Class 0 - Raça 1 - Sexo 1					MAC	TRUE
3057009	EP59C101	EP 506 - Class 10 - Raça 1 - Sexo 1					MAC	TRUE

Figura 4. Tela de visualização de indivíduos cadastrados no sistema.

Fonte: Banco [...] (2024).

Na tela mostrada na Figura 4, o usuário encontra várias informações sobre o indivíduo, como: código identificador do indivíduo (INDIVIDUALID), nome original (ORIGINALID), pai (FATHER), mãe (MOTHER), data de inserção na população (INSERTDATE), nome da população (POPULACAONOME), e outras informações contidas nas variáveis dentro do campo de formato JSON (Introducing [...], 2024) relacionadas ao tipo do indivíduo (gado de corte, aves, etc.). JSON significa *JavaScript Object Notation* (em português, Notação de Objetos JavaScript) e é um formato padrão aberto que consiste de pares “chave:valor”. É usado como alternativa ao XML para a transferência de dados estruturados entre um servidor e uma aplicação web. Além disso, faz parte de um subconjunto da notação de objeto de JavaScript, porém seu uso não requer JavaScript exclusivamente. A Figura 5 mostra um exemplo simples do formato JSON.

É importante destacar que essas variáveis dos fenótipos, relativas às espécies consideradas pelo sistema, devem ser previamente registradas. Essas variáveis devem ser importadas do Sistema de

Experimentos da Embrapa (SIExp) (Apolinário et al., 2016), onde foram definidas para a espécie com a qual o usuário trabalhará em seu grupo de usuários (ex.: aves, gado de corte, suínos, etc.).

Ao selecionar um ou mais indivíduos, é possível excluir esse(s) indivíduo(s). Para isso, basta clicar no botão localizado acima da lista (Figura 6).

```
{
  "nome": "Joao dos Santos",
  "sexo": "Masculino",
  "idade": 28,
  "cidade": "Sao Paulo",
  "telefone": 1234-8596
  "email": "joasantos@email.com"
}
```

Figura 5. Exemplo de uma estrutura no formato JSON.

Fonte: Banco [...] (2024).

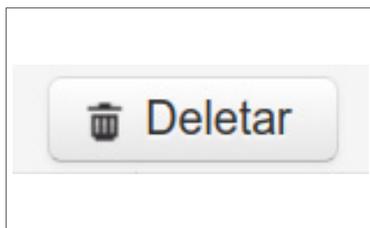


Figura 6. Botão para exclusão de indivíduos selecionados.

Fonte: Banco [...] (2024).

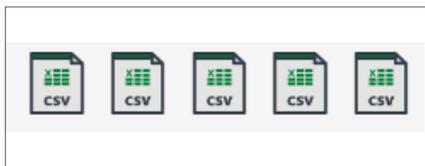


Figura 7. Botões para *download* de arquivos CSV.

Fonte: Banco [...] (2024).



Figura 8. Botões para visualizar fenótipos, pedigree, progênie e alterar população atual do indivíduo, respectivamente.

Fonte: Banco [...] (2024).

É possível baixar arquivos no formato CSV contendo informações sobre os animais (indivíduos), observações, pedigree e genótipos (arquivo PED) desses indivíduos. Para realizar o download, basta clicar em um dos botões mostrados na Figura 7. Cada um desses botões, apesar de terem ícones iguais, possuem caixas explicativas ao passar o mouse sobre eles e realizam o download de, respectivamente: indivíduos, observações (fenótipos), pedigree, associações (indivíduos com mais de um nome) e genótipos.

Além dos botões mencionados, há quatro outras funcionalidades na tela de visualização de indivíduos. Esses quatro ícones (Figura 8) estão localizados ao lado de cada indivíduo na listagem exibida. O primeiro ícone expande a linha para mostrar os fenótipos (se houver) registrados para aquele indivíduo. O segundo ícone, que pode ser o mais importante, abre uma janela com o pedigree do indivíduo, ou seja, sua árvore genealógica, incluindo pai, mãe, avós, entre outros. O terceiro ícone apresenta uma janela com a progênie do animal, ou seja, seus filhos (se existirem). O quarto botão abre uma janela onde é possível selecionar a nova população para aquele indivíduo.

Outra funcionalidade de grande importância é a opção de visualização das observações, também conhecidas como fenótipos, dos indivíduos. Esta opção pode ser encontrada no item “Observações” dentro do menu “Visualizar”. Ao selecionar essa opção, será exibida uma nova tela (Figura 9) que apresenta todos os arquivos de fenótipos que foram importados para o sistema. Nesta tela, é possível acessar e revisar os dados relacionados aos fenótipos registrados, oferecendo uma visão detalhada das características observadas nos indivíduos.



Figura 9. Tela para visualização de observações (fenótipos) dos indivíduos.
Fonte: Banco [...] (2024).

Nesta tela de visualização de observações, também é possível realizar a exclusão dos fenótipos selecionados por meio de um botão localizado acima da lista. Além disso, o usuário pode acessar a tela de visualização de indivíduos clicando no ícone ao lado de cada indivíduo listado. Esta ação abrirá uma nova visualização que mostra

exclusivamente os animais que estão cadastrados no arquivo de fenótipos em questão.

Dentro do menu “Importar”, na tela destinada à importação de indivíduos (Figura 10), o usuário tem a opção de selecionar um arquivo de texto no formato CSV, o qual deve ser separado por tabulações. É importante que o arquivo siga um formato específico, contendo os campos ORIGINALID e INDIVIDUALID. Caso o indivíduo esteja sendo cadastrado pela primeira vez, será necessário também especificar a população a qual ele pertence, por meio do campo POPULACAONOME. Se o usuário inserir outras colunas no arquivo, essas serão cadastradas no campo JSON da tabela, que aceita o formato “chave:valor”. Um exemplo de arquivo CSV aceito pode ser visto na Figura 11. Este processo garante que todos os dados sejam corretamente registrados e organizados no sistema.



Figura 10. Tela para importação de indivíduos.

Fonte: Banco [...] (2024).

ORIGINALID	NOME	POPULACAONOME	ATIVO	CATEG	CLIDADOR	GENESDSNUM	GENERO	GRUPOGEN	ID	MURFAZ	NASCIMENTO	NOREFAZ
RIGEN_BANCO	PESO	PESSOA	PREFIXO	REBANHO	RCD	RGRPROV	SUFIXO	TATUAGEM	UFFAZ			
DESCONHECIDO		DESCONHECIDO										
CANCHIM_1	MA 2009	CANCHIM_1	1	37	0	F	M					
ARLOSSSSDDDD	50	MOXXXX		MOXXXX	LXXXXX	2009	SP					
CANCHIM_5	Y 057	CANCHIM_1	1			M	C2	5	SÃO CARLOS	19XX-0X-03	CANCHIM_ETERNO_0XXX	057
3,0	EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA	-	EMBRAPA	PECUÁRIA	SUDESTE			74	C09000XX			
CANCHIM_11	M 871	CANCHIM_1	1			M	C1	11	SÃO CARLOS	1966-0X-3X	CANCHIM_ETERNO_0XXX	871
0,0	EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA	-	EMBRAPA	PECUÁRIA	SUDESTE			74	C09000XX			
CANCHIM_12	G 133	CANCHIM_1	1			F	C1	12	SÃO CARLOS	1966-XX-XX	CANCHIM_ETERNO_0XXX	133
5,0	EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA	-	EMBRAPA	PECUÁRIA	SUDESTE			74	C09000XX			
CANCHIM_13	M 882	CANCHIM_1	1			M	C1	13	SÃO CARLOS	1966-XX-X4	CANCHIM_ETERNO_0XXX	882
5,0	EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA	-	EMBRAPA	PECUÁRIA	SUDESTE			74	C09000XX			
CANCHIM_14	G 135	CANCHIM_1	1			F	C1	14	SÃO CARLOS	1966-XX-XX	CANCHIM_ETERNO_0XXX	135
0,0	EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA	-	EMBRAPA	PECUÁRIA	SUDESTE			74	C09000XX			
CANCHIM_15	N 039	CANCHIM_1	1			M	C1	15	SÃO CARLOS	19XX-06-XX	CANCHIM_ETERNO_0XXX	939
1,0	EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA	-	EMBRAPA	PECUÁRIA	SUDESTE			74	C09000XX			
CANCHIM_16	G 137	CANCHIM_1	1			F	C1	16	SÃO CARLOS	19XX-0X-08	CANCHIM_ETERNO_0XXX	137
0,0	EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA	-	EMBRAPA	PECUÁRIA	SUDESTE			74	C09000XX			

Figura 11. Exemplo de arquivo CSV de indivíduos separado por tabulações.

Fonte: Banco [...] (2024).

Como pode ser visto nesse exemplo da Figura 11, o usuário inseriu diversas colunas extras, as quais também serão armazenadas num campo de formato JSON da tabela de indivíduos do banco de dados. Essas colunas poderão ser visualizadas na tela de visualização de indivíduos explicada anteriormente.

Para selecionar o arquivo desejado, o usuário deve simplesmente clicar no botão “Selecionar”. Uma vez que o arquivo tenha sido escolhido, e após a verificação de que toda a análise de consistência foi realizada corretamente, o próximo passo é clicar no botão “Submit” para armazenar os dados no banco de dados do sistema.

No menu “Importar”, na tela de importação de observações (Figura 12), o usuário também tem a possibilidade de selecionar um arquivo de texto no formato CSV separado por tabulações. Esse arquivo deve seguir um formato específico, contendo os campos ORIGINALID, POPULACAONOME e DATACOL. O campo DATACOL é especialmente importante, pois indica a data da coleta do dado, e será gravado num campo de formato JSON na tabela de observações. Outras colunas de observações inseridas pelo usuário nesse arquivo CSV também serão gravadas nesse campo JSON. Um exemplo de CSV de observações pode ser visto na Figura 13. Esse formato estruturado garante que as informações sejam interpretadas corretamente pelo sistema e associadas aos respectivos indivíduos e populações.

Para selecionar o arquivo desejado, é necessário clicar no botão “Selecionar”. Após essa etapa, se toda a análise de consistência dos dados estiver dentro dos parâmetros esperados, o próximo passo é clicar no botão “Submit”. Ao fazer isso, os dados serão armazenados de forma segura no banco de dados, garantindo que todas as informações sejam devidamente registradas e prontamente disponíveis para futuras consultas e análises.

Uma das novas funcionalidades no sistema BDPFG, dentro do menu “Importar”, é a tela de importação de associações (Figura 14). Essa funcionalidade permite que o usuário selecione o arquivo texto (CSV), que deve possuir formato específico (campos ORIGINALID, POPULACAONOME, START_DATE, ORIGINALID_SECUNDARIO, POPULACAONOME_SECUNDARIO e START_DATE_SECUNDARIO).

Figura 12. Tela para importação de observações.

Fonte: Banco [...] (2024).

ORIGINALID	POPULACAONOME	DATACOL	ESC_APRIMOS_0	ESC_CLASSIFICA	ESC_CONDCORPMAE	ESC_CONFRIG	ESC_CORPELO	ESC_FRAME
ESC_MUCOSA	ESC_PELAGEM	ESC_UMBIGO6C	ESTABELECIMENTO	FAZ	PERIMESCROTAL	FESO	FESOMAD	PROPCOL
REGIMEALIM								
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX6-12-10						
135		1						
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX7-03-05						
228		1						
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX7-06-04						
260		1						
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX7-09-02						
230		1						
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX7-12-02						
285		1						
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX7-04-16						
250		1						
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX8-03-17						
335		1						
CANCHIM_1	CANCHIM	XXX6-12-10						50
134		17						

Figura 13. Exemplo arquivo CSV de observações separado por tabulações.

Fonte: Banco [...] (2024).

Figura 14. Tela para importação de associações.

Fonte: Banco [...] (2024).

Essas associações permitem associar dois ou mais indivíduos com ORIGINALID diferentes em um único indivíduo com um único ID.

Para escolher o arquivo desejado de associações, o usuário deve clicar no botão “Selecionar”. Após a seleção do arquivo e a análise de consistência concluída, o próximo passo é clicar no botão “Submit” para armazenar os dados no banco de dados do sistema.

Ainda dentro do menu “Importar”, a tela de importação de pedigree (Figura 15) permite que o usuário selecione um arquivo de texto no formato CSV separado por tabulações, que deve seguir um formato específico. Na versão com três colunas, o arquivo deve conter os campos INDIVIDUALID, FATHERID e MOTHERID. Já na versão com seis colunas, pode incluir os campos ORIGINALID, POPULACAOID, ORIGINALIDPAI, POPULACAOIDPAI, ORIGINALIDMAE, POPULACAOIDMAE, que utilizam os IDs das populações, ou os campos ORIGINALID, POPULACAONOME, ORIGINALIDPAI, POPULACAONOMEPAI, ORIGINALIDMAE, POPULACAONOMEMAE, que utilizam os nomes das populações.



Figura 15. Tela para importação de pedigree.

Fonte: Banco [...] (2024).

Da mesma forma, seleciona-se o arquivo desejado de pedigree e, em seguida, deve-se clicar no botão “Submit” para armazenar os dados no banco de dados do sistema.

É possível importar dados a partir de arquivos MAP (Figura 16), frequentemente usados em ferramentas de bioinformática como o Plink (Purcell et al., 2007). O Plink realiza análises de dados

genotípicos e fenotípicos para identificar associações entre eles e, em sua funcionalidade básica, requer dois arquivos de entrada: um com extensão PED e outro com extensão MAP. O arquivo MAP, que serve para mapear os valores a partir da sétima coluna do arquivo PED, segue o formato de colunas descrito na Tabela 1.

Tabela 1. Colunas do arquivo MAP.

Coluna	Descrição
1	Cromossomo do SNP (1-22, X, Y ou 0 se não localizado)
2	Identificação do SNP
3	Distância genética
4	Posição do par de nucleotídeos

Início Visualizar Importar Exportar Análises Configurações Ajudar

IMPORTAR MAP

Colunas obrigatórias: variation,chromosome,location.

Colunas opcionais: rscode,strand.

Selecionar genoma: Nome/Montagem/Versão

CARREGAR MAP

Figura 16. Tela de importação de arquivos no formato MAP.

Fonte: Banco [...] (2024).

Para selecionar o arquivo, é necessário clicar no botão “Carregar MAP” e escolher o genoma correspondente a esse arquivo MAP. Após o upload, se a análise de consistência estiver correta, o sistema armazenará os dados no banco de dados.

A importação do arquivo PED, que também é utilizado por ferramentas de bioinformática como o Plink, é realizada através da tela mostrada na Figura 17. O arquivo PED contém colunas separadas por espaços ou pelo caractere <TAB>, conforme descrito na Tabela 2.

Figura 17. Tela de importação de arquivo no formato PED.

Fonte: Banco [...] (2024).

Tabela 2. Colunas do arquivo PED.

Coluna	Descrição
1	Identificação da família ou grupo dos indivíduos
2	Identificação do indivíduo
3	Identificação do pai
4	Identificação da mãe
5	Sexo do indivíduo; (1=macho; 2=fêmea; other=desconhecido)
6	Fenótipo do indivíduo; (-9=sem informação; 0=não afetado; 1=afetado)
7 em diante	Genótipos do indivíduo. (ex: AA, AG, GG, etc)

Para selecionar o arquivo, deve-se clicar no botão “Carregar PED”, escolher o conjunto de marcadores importados de um arquivo MAP e preencher os campos obrigatórios “Descrição”, “Licença” e “Data de genotipagem”. Uma vez preenchidos esses campos, e se a análise de consistência estiver correta, o sistema armazenará automaticamente os dados no banco.

O processo inverso também é possível, permitindo a exportação (ou download) dos arquivos MAP armazenados no banco de dados (Figura 18). Além disso, é possível excluir qualquer um desses arquivos salvos utilizando o botão "Deletar".

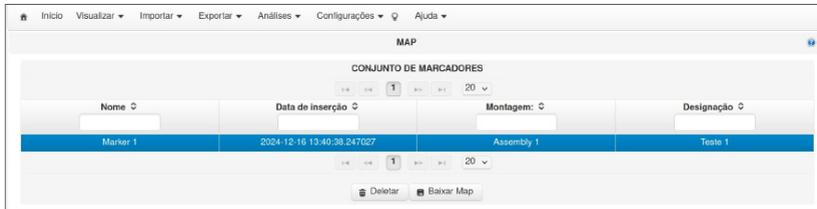


Figura 18. Tela de exportação de arquivos MAP.

Fonte: Banco [...] (2024).

Para baixar um dos arquivos MAP, basta selecionar a linha correspondente e clicar no botão "Baixar MAP", o que fará com que o arquivo MAP seja salvo em seu computador.

Também é possível exportar (baixar) arquivos PED armazenados no banco BDPFG para o computador local (Figura 19), além de permitir a exclusão desses arquivos, se necessário. Para fazer o download de um arquivo PED, selecione a linha desejada e clique no botão "Baixar PED", e o arquivo PED será salvo em seu computador. Dependendo do volume de dados armazenados, o download pode levar alguns minutos. Nesta tela, o usuário também pode baixar o arquivo MAP associado ao PED selecionado clicando no botão "Baixar MAP".

A próxima funcionalidade é o item "Verificar indivíduos", localizado no menu "Análises". Na tela mostrada na Figura 20, é possível revisar arquivos do tipo CSV que contêm dados de indivíduos e observações antes de importá-los para o sistema BDPFG. Caso existam inconsistências em relação ao banco de dados, ou se forem encontrados erros no arquivo, uma tabela com os erros e avisos será exibida para o usuário.

Para escolher o arquivo a ser verificado, clique no botão "Carregar Arquivo" e selecione o arquivo CSV de indivíduos ou observações. Após a análise, o sistema notificará o usuário sobre eventuais inconsistências encontradas ou confirmará se os dados estão consistentes.



Figura 19. Tela de exportação de arquivos PED.

Fonte: Banco [...] (2024).



Figura 20. Tela que verifica arquivos CSV de indivíduos e observações.

Fonte: Banco [...] (2024).

Uma outra nova funcionalidade do sistema BDPFG é a tela de verificação de arquivos de pedigree (Figura 21), também no menu “Análises”. Assim como na verificação de arquivos CSV de indivíduos, essa tela verifica se o conteúdo de arquivos CSV de pedigree estão consistentes antes de o usuário realizar a importação desses dados para o sistema.



Figura 21. Tela que verifica arquivos CSV de pedigree.

Fonte: Banco [...] (2024).

Basta o usuário clicar no botão “Carregar arquivo” que o sistema verificará se o conteúdo do arquivo está consistente e sem qualquer tipo de erro em sua estrutura.

Outra funcionalidade do menu “Análises” é o item “Encontrar indivíduos duplicados” (Figura 22). Com essa ferramenta, é possível pesquisar na base de dados por animais que foram importados e que podem estar duplicados. Isso ocorre porque um mesmo indivíduo (animal) pode aparecer em planilhas de diferentes fazendas, devido a motivos como venda ou troca de rebanhos pelos criadores. Quando essas planilhas são importadas, esses indivíduos recebem um novo ID do sistema, mas mantêm os mesmos dados fenotípicos.

TABELA DE INDIVÍDUOS						TOTAL DE REGISTROS: 106
INDIVIDUALID	ORIGINALID	NOME	POPULACAONOME	FATHER	FATHERID	
2278273	501	JOCELYN VINCENT	SELENIUM.SUCESSE			
2278274	SELENIUM FORMULA 1	SELENIUM FORMULA 1	SELENIUM.SUCESSE			

Figura 22. Tela para encontrar indivíduos duplicados.

Fonte: Banco [...] (2024).

Se o usuário deseja verificar quais os possíveis animais duplicados, basta clicar no botão que aparece no início de cada linha dos indivíduos indicados pelo sistema como potenciais repetidos. Ao clicar nesse botão, a tela da Figura 23 será mostrada.

Mais uma nova funcionalidade do BDPFG foi a implementação de “Ordenar pedigree” (Figura 24), no menu “Análises” também. Essa tela permite que o usuário clique no botão “Ordenar pedigree” e o sistema ordene os animais por ordem de nascimento, desde os primeiros pai e mãe até os mais recentes cadastrados no sistema. Isso é muito útil para uso em softwares externos que realizam análises de melhoramento genético de animais.



Figura 23. Tela para associação de indivíduos duplicados em um animal somente.
Fonte: Banco [...] (2024).



Figura 24. Tela para ordenação de pedigree dos animais.
Fonte: Banco [...] (2024).

Após o usuário clicar em “Ordenar pedigree”, o sistema irá atualizar um campo de ordenação na tabela de indivíduos indicando a ordem de nascimento dele em relação a outros pais e filhos também.

Entrando no menu “Configurações” do sistema, pode-se encontrar funcionalidades ligadas ao gerenciamento de dados de outras tabelas do banco de dados do sistema. E uma das mais importantes é a de “Grupos contemporâneos”, a qual foi muito modificada em relação ao sistema anterior.

Os grupos contemporâneos organizam os indivíduos em grupos utilizando a variável “Fórmula” como base. Na criação de uma fórmula, o usuário especifica que campo fenotípico do indivíduo irá utilizar para classificar os animais, como por exemplo o campo “PESO”, o mais utilizado atualmente. Essa fórmula é calculada abrangendo animais com desvio de n dias em relação à sua data de nascimento, que

é o campo que serve de referência para esse cálculo. Se for preciso, o usuário ainda pode especificar um desvio padrão em relação ao número de dias indicado.

A Figura 25 mostra a tela de grupos contemporâneos. Nota-se os campos utilizados para a criação desses grupos. Na maioria dos casos usa-se o campo “PESO” como referência na criação de fórmulas, que aparecem no campo “Fórmula” da tabela abaixo.

ID G.Contemp.	Nome	Descrição	Fórmula	Variáveis	Época nascimento	Mínimo animais	Nº desvios padrão (grupo contemp.)	Nº desvios padrão (base toda)	Mínimo valor	Máximo valor	Dividir (Dias mais velho)	Grupo Contemp Referência
41	Teste1	teste	PESODESMA	[FAZ], "NASCIMENT	JAN: 0, FEV: 0, MAR: 0, ABR: 0, MAI: 0, JUN: 0, JUL: 0, AGO: 0, SET: 0, OUT: 0, NOV: 0, DEZ: 0	1	0	1	0.0	0.0	60	

+ Citar Visualizar Editar Deletar Recalcular

NAME, DESCRIPTION, DATA, FORMULANOME, EPOCANASC, MINIMOANIMAIS, NUMERODESVIOSPADRAO, MINIMOVALOR, MAXIMOVALOR, DIASMAISVELHO, NUMERODESVIOSPADRAOBASETODA, CONTEMPORARIYDREFERENCIANOME, ORIGINALID, POPULAGRAOME, GRUPOSCONTEMPSEQUENCIA, GRUPOSCONTEMPCONCATENADO e VALORVARIÁVEL são campos obrigatórios separados por tabulação.

DATA deve ser formatado entre colchetes e valores separados por vírgulas (ex.: [var1, var2]).

+ IMPORTAR

Figura 25. Tela de visualização e manipulação de grupos contemporâneos. Fonte: Banco [...] (2024).

Essa tela permite que o usuário crie, edite, remova e visualize detalhadamente um grupo contemporâneo por meio dos botões abaixo da tabela, tudo isso de forma rápida e intuitiva. A criação do grupo é feita num processo em *background*, pois pode demorar muito tempo se o número de indivíduos for muito grande. Isso permite que o usuário continue utilizando o sistema sem ficar “preso” numa única tela aguardando o processo finalizar.

Outro item do menu “Configurações” realiza o gerenciamento dos dados de grupos de usuários. Ao clicar neste item, é exibida a tela ilustrada na Figura 26.

LISTAR GRUPOS				
ID do grupo	Nome	Descrição		
3	Canchim	xxxx	Atualizar usuário	Mudar Administrador
4	produz	xxxx	Atualizar usuário	Mudar Administrador
5	Canchim2	xxxx	Atualizar usuário	Mudar Administrador
14	teste1-Adhemar	teste	Atualizar usuário	Mudar Administrador
15	teste2-Adhemar	teste	Atualizar usuário	Mudar Administrador
16	teste3-Adhemar	xxxx	Atualizar usuário	Mudar Administrador
19	selenium-teste	xxxx	Atualizar usuário	Mudar Administrador

Figura 26. Tela de manipulação de grupos de usuários.

Fonte: Banco [...] (2024).

A tela da Figura 27 permite ao usuário inserir, editar, excluir e visualizar os detalhes dos dados de um grupo de usuários. Para isso, podem ser utilizados os botões “Criar”, “Editar”, “Deletar” e “Visualizar”, respectivamente. Janelas de diálogo serão abertas para cada um desses procedimentos, orientando o usuário sobre os campos obrigatórios a serem preenchidos (no caso de criação e edição de dados).

ADICIONAR/RETIRAR USUÁRIO DE GRUPO ✕

Adicionar/Remover usuários

Figura 27. Tela para adicionar usuários ao grupo selecionado.

Fonte: Banco [...] (2024).

Essa tela também permite adicionar ou remover usuários do grupo por meio do botão “Atualizar usuário”, localizado em cada linha da tabela de grupos. Ao clicar nesse botão, a tela de diálogo mostrada na Figura 28 será exibida.

Nessa interface, é possível adicionar ou eliminar usuários do grupo apenas selecionando ou desmarcando as caixas de seleção. Após determinar quais membros integrarão o grupo, basta pressionar o botão “Salvar” para atualizar a configuração do grupo.

Outra funcionalidade disponível na tela de gestão de grupos é a capacidade de modificar o administrador do grupo. Ao pressionar o botão “Mudar administrador”, a janela ilustrada na Figura 28 será apresentada.

O usuário deve simplesmente escolher o novo administrador do grupo e clicar no botão “Gravar” para efetivar a mudança. É importante destacar que a pessoa que realiza essa alteração deve ser o atual administrador do grupo em questão.



Figura 28. Tela para alteração de administrador de um grupo.

Fonte: Banco [...] (2024).

A tela apresentada na Figura 29 serve para adicionar ou editar categorias de variáveis fenotípicas (características) e fórmulas baseadas nessas variáveis, utilizadas para cada espécie de indivíduo cadastrada (por exemplo, bovinos de corte). A criação de categorias possibilita a exibição apenas do conjunto específico de variáveis selecionadas na tela de visualização de indivíduos.

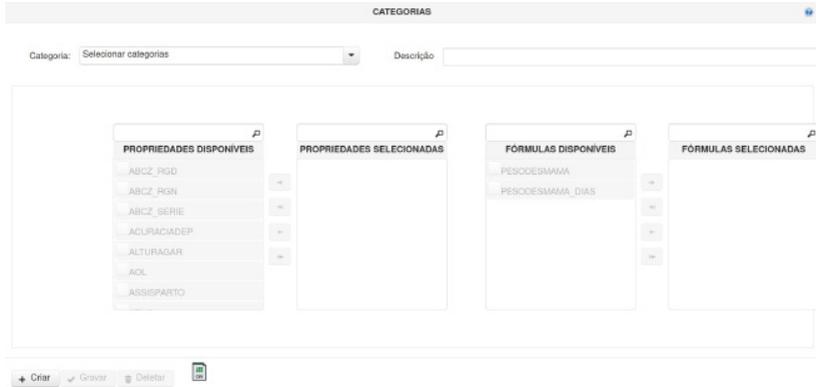


Figura 29. Tela para inserção, edição e remoção de categoria de variáveis fenotípicas.

Fonte: Banco [...] (2024).

Nessa interface, o usuário deve selecionar ou criar uma categoria e adicionar as variáveis escolhidas na seção “Propriedades disponíveis”. Também é possível incluir fórmulas criadas pelos membros do grupo atual em uma categoria. Para isso, basta selecioná-las na seção “Fórmulas disponíveis” e transferi-las para o campo “Fórmulas selecionadas”. Após fazer essas modificações, clique no botão “Gravar” para salvar as alterações. A criação de fórmulas será abordada mais adiante neste documento.

A tela mostrada na Figura 30 possibilita ao usuário adicionar, modificar ou remover dados relacionados ao genoma de um organismo já previamente registrado. Esses dados especificam o chip utilizado para a genotipagem, a versão correspondente e a qual organismo essa genotipagem se refere (por exemplo, *Bos indicus*, *Bos taurus*, etc.). Para isso, é necessário utilizar os botões “Novo”, “Editar” e “Deletar”, conforme necessário. Antes de importar o arquivo MAP, é preciso adicionar os genomas que serão associados a esses arquivos, já que para cada importação de arquivo MAP deve-se especificar a origem dos dados genotípicos.



Figura 30. Tela para inserção, edição e remoção de genomas.

Fonte: Banco [...] (2024).

Para cada ação, serão exibidas janelas de diálogo específicas que orientarão o usuário sobre os campos que precisam ser preenchidos obrigatoriamente, especialmente nos casos de criação e edição de dados. Um exemplo disso é mostrado na Figura 31 a seguir. Nesse exemplo, três campos obrigatórios devem ser preenchidos: “Espécie”, onde o usuário deve selecionar uma espécie da lista fornecida pelo sistema; “Montagem”, onde deve ser inserido o nome da montagem; e “Versão” da montagem.

A interface apresentada na Figura 32 possibilita ao usuário adicionar, modificar, remover e consultar os detalhes dos dados de uma população, que deve estar associada a um grupo de usuários e a um



Figura 31. Janela de diálogo para criação de genomas.

Fonte: Banco [...] (2024).



Figura 32. Tela para inserção, edição, remoção e visualização de populações. Fonte: Banco [...] (2024).

organismo específico (como, por exemplo, bovinos de corte). Para realizar essas ações, é necessário utilizar os botões “Criar”, “Visualizar”, “Editar” e “Deletar”, conforme apropriado.

Para cada ação, serão exibidas janelas de diálogo, como ilustrado na Figura 33. Os campos “Nome” e “ID do organismo” precisam ser preenchidos obrigatoriamente. Depois de completar o preenchimento, basta clicar no botão “Gravar” para salvar as informações.

O sistema BDPFG permite a criação de fórmulas (Figura 34) que são usadas para executar cálculos estatísticos sobre os dados armazenados. Esses dados incluem os fenótipos registrados para cada

POPULAÇÕES ✕

Nome válido

Nome: *	Teste
Descrição:	Teste 1
ID do organismo: *	Bos indicus ▾

Gravar

Figura 33. Janela de diálogo para inserção de dados de população. Fonte: Banco [...] (2024).



Figura 34. Tela para inserção, visualização e deleção de fórmulas do sistema.
Fonte: Banco [...] (2024).

animal, como peso atual, peso ao nascer, altura, entre outros. Com essas variáveis, é possível calcular o valor mais próximo, utilizando o desvio-padrão e o número máximo de dias entre a coleta de dados e a data de nascimento do indivíduo.

Durante a criação de uma fórmula, será exibida uma janela de diálogo com um formulário que contém os campos necessários para o cálculo. Um exemplo dessa janela pode ser observado na Figura 35.

The screenshot shows a dialog box titled 'FÓRMULAS' with a close button (x). The dialog contains a form with the following fields: 'Nome: *' with the value 'Formula 1', 'Descrição:' with the value 'Teste', 'Dias: *' with the value '30', 'Desvio: *' with the value '10', and 'Variável: *' with a dropdown menu showing 'PESO'. At the bottom of the dialog, there are two buttons: 'Gravar' and 'Cancelar'.

Figura 35. Janela de diálogo para inserção dos dados de uma fórmula.
Fonte: Banco [...] (2024).

Basta que o usuário preencha todos os campos necessários e, ao concluir, clique em “Gravar” para salvar as informações no sistema. Após a criação de uma fórmula, os cálculos serão aplicados à variável selecionada no formulário e, para visualizar os resultados, basta acessar a página de visualização de indivíduos (animais). Caso uma fórmula não seja mais necessária, é possível excluí-la; para isso, selecione a fórmula desejada na tabela e clique no botão “Deletar”.

No menu “Ajuda”, uma de suas funcionalidades principais é a visualização dos logs do sistema. A tela mostrada na Figura 36 ilustra a funcionalidade desse item que monitora todas as atividades realizadas no software, como a importação de arquivos, inserção, edição e exclusão de registros. Além disso, o log fornece detalhes sobre a data e o horário de cada evento, assim como a identidade do usuário que efetuou a operação no sistema.

Nessa tela de visualização de logs é possível, ainda, filtrar as informações pelo usuário, bastando, para isso, clicar no nome de cada um deles, os quais ficam na parte de cima da lista de logs registrados do sistema.

Uma nova funcionalidade no menu “Ajuda” do sistema BDPFG é a geração de backup de todos os dados do grupo atual (Figura 37).

The screenshot shows a web application interface for viewing system logs. At the top, there is a navigation menu with items: Inicio, Visualizar, Importar, Exportar, Análises, Configurações, and Ajuda. Below the menu is a section titled "PESQUISADORES PRESENTES NO GRUPO" which contains a search box with the text "bdgfteste" and a pagination control showing "(1 OF 1)". The main part of the interface is a table titled "LOGS REGISTRADOS". The table has four columns: "Logid", "Data da atualização", "Pesquisador", and "Query". There are two rows of data in the table. The first row has Logid 5, Data da atualização 2021-03-12, Pesquisador bdgfteste, and Query OPERAÇÃO: IMPORTAR | TIPO ARQUIVO: PEDIGREE | INFORMAÇÕES ADICIONAIS: pedigree283263326736380. The second row has Logid 4, Data da atualização 2021-03-12, Pesquisador bdgfteste, and Query OPERAÇÃO: IMPORTAR | TIPO ARQUIVO: INDIVDUOS | INFORMAÇÕES ADICIONAIS: indivduos5568062299125. Below the table is a pagination control showing "(1 OF 1)".

Figura 36. Tela para visualização de logs do sistema.

Fonte: Banco [...] (2024).

The screenshot shows a web application interface for listing system backups. At the top, there is a navigation menu with items: Inicio, Visualizar, Importar, Exportar, Análises, Configurações, and Ajuda. Below the menu is a section titled "LISTAR BACKUPS". It features a table with two columns: "Backup ID" and "Date Backup". There is one row of data in the table with Backup ID 15 and Date Backup 17/09/2021. Above the table are buttons for "Gerar Backup" and "Deletar", and a pagination control showing "(1 OF 1)". Below the table is another set of buttons for "Gerar Backup" and "Deletar", and a pagination control showing "(1 OF 1)".

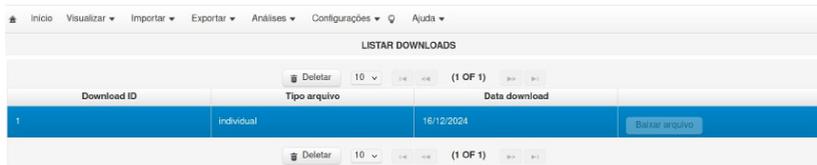
Figura 37. Tela para realização de backups do sistema.

Fonte: Banco [...] (2024).

Esse backup ocorre em segundo plano, sem interferir no uso do sistema para a realização de outras tarefas.

Basta clicar no botão “Gerar Backup” para iniciar o processo em *background* (segundo plano) de geração de um arquivo compactado (formato Zip). Assim que o processo é finalizado, é possível baixar o arquivo gerado através do botão “Baixar Backup”. Essa funcionalidade era uma das maiores demandas dos usuários do sistema.

Outra ferramenta nova nesse menu “Ajuda” é o item “Downloads”. Nessa tela (Figura 38) são listados os arquivos gerados pelos botões de download (Figura 7) na tela de visualização de indivíduos, e que foram processados em segundo plano. Isso ocorre automaticamente quando o sistema detecta que a consulta irá trazer uma quantidade de dados muito grande, a qual “travaria” o uso do sistema pelo usuário até a finalização do download.



Download ID	Tipo arquivo	Data download
1	individual	16/12/2024

Figura 38. Tela para realização de downloads de arquivos gerados em segundo plano.

Fonte: Banco [...] (2024).

A próxima tela (Figura 39) apresenta as variáveis importadas do SIExp. A importação dessas variáveis é realizada através da interface mostrada na Figura 40 (que fica no menu “Configurações”), acessível apenas aos usuários do grupo “Admin”. Essas variáveis foram definidas para a espécie com a qual o usuário irá trabalhar em seu respectivo grupo de usuários (por exemplo, bovinos, aves, entre outros).

O sistema realizará a importação das variáveis a partir de um arquivo JSON que contém uma estrutura previamente definida para cada espécie já cadastrada no SIExp. Isso inclui a determinação dos valores permitidos para cada variável e o tipo de dado correspondente a cada uma delas (como *string*, número, enumeração, entre outros).

JSON Schema utilizado para fazer a validação Offline

Balancear

Modelos de arquivos aceitos pelo sistema, observe que algumas colunas são obrigatórias.

Balancear

(1 OF 7)

Variável	Tipo	Descrição
UFFAZ	STRING	<p>Estado da fazenda</p> <p>Estado da fazenda</p> <p>Mucosa</p> <p>Escore visual, nota 1 a 9, onde 9 é desclassificante</p> <p>Valores Permitidos</p>

Figura 39. Tela para visualização das variáveis fenotípicas aceitas para um organismo importadas do SIExp.

Fonte: Banco [...] (2024).

VARIÁVEIS SIEXP

IMPORTAR VARIÁVEIS DO SIEXP.

▶ Importar

GERAR NOVO JSON SCHEMA.

▶ Criar

Figura 40. Tela para importação de variáveis do sistema SIExp (apenas usuário Admin).

Fonte: Banco [...] (2024).

Finalmente, outra funcionalidade que apenas o usuário “Admin” tem acesso, que é a tela da Figura 41, a qual permite ao usuário inserir, editar e excluir dados de uma espécie. Para isso, basta utilizar os botões “Novo”, “Editar” e “Deletar”, respectivamente. Janelas de diálogo serão abertas para cada procedimento, como a de inserir dados de uma espécie (Figura 42).



The screenshot shows a web application interface for managing species. At the top, there is a navigation menu with options: Início, Visualizar, Importar, Exportar, Análises, Configurações, and Ajuda. Below this is a header for 'GERENCIAR ESPÉCIES'. The main content area is titled 'ESPÉCIE' and contains a table with three columns: 'ID do organismo', 'Nome', and 'Designação'. The table lists several species, including Sheep, Bos taurus, Boe indicus, Gallus gallus, and Organismo 1. At the bottom of the table, there are buttons for '+ Novo', 'Editar', and 'Deletar'.

ID do organismo	Nome	Designação
9940	Sheep	Ovis aries
9913	Bos taurus	bovine,cow,domestic cattle,domestic cow
9915	Boe indicus	zebu,zebu cattle
9031	Gallus gallus	bantam,chickens
-1	DESCONHECIDO	DESCONHECIDO
1	Organismo 1	Teste 1

Figura 41. Tela que usuário Admin utiliza para adicionar espécies permitidas. Fonte: Banco [...] (2024).



The screenshot shows a dialog box titled 'ADICIONAR ESPÉCIES'. It contains a message: 'Os IDs de espécies devem OBRIGATORIAMENTE estar listados em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy>'. Below this, there is a form with three fields: 'ID do organismo: *' with the value '0132' and a 'Id novo' link; 'Nome: *' with the value 'Teste 1'; and 'Designação: *' with the value 'Teste 1'. At the bottom left, there is a 'Gravar' button with a checkmark icon.

Figura 42. Janela que o usuário Admin utiliza para adicionar uma nova espécie ao sistema. Fonte: Banco [...] (2024).

A próxima figura mostra a janela de diálogo para inserção de uma nova espécie.

Dentro do sistema BDPFG, há um menu dedicado à ajuda on-line, projetado especificamente para fornecer orientação ao usuário e auxiliá-lo na resolução de uma ampla gama de dúvidas e questões que possam surgir durante o uso do sistema.

Considerações finais

O BDPFG representa uma evolução significativa em relação ao BDGF, incorporando não apenas as funcionalidades já conhecidas,

mas também uma série de melhorias que o tornam uma ferramenta ainda mais poderosa e eficiente para o gerenciamento de dados. Uma das principais vantagens do BDPFG é a melhoria na performance das consultas ao banco de dados, permitindo que os usuários acessem e analisem grandes volumes de dados com maior rapidez e eficiência. Essa otimização é crucial para a realização de pesquisas em larga escala, onde o tempo de resposta do sistema pode impactar diretamente a qualidade e a agilidade das análises.

Além disso, o BDPFG continua oferecendo uma interface intuitiva e amigável, facilitando a navegação e o uso do sistema, mesmo para usuários menos experientes. A integração dos dados de pedigree com os dados fenotípicos em um único ambiente também representa um avanço significativo, proporcionando uma visão mais completa e integrada dos indivíduos estudados. Isso permite análises mais aprofundadas e uma melhor compreensão das correlações entre diferentes tipos de dados.

Em resumo, o BDPFG não apenas preserva os pontos fortes do BDGF, mas os amplifica, oferecendo aos usuários uma ferramenta mais rápida, completa e adaptável às necessidades futuras da pesquisa genética. Com essas melhorias, o BDPFG está bem posicionado para apoiar seus usuários na condução de estudos genômicos e de melhoramento genético, contribuindo para o avanço do conhecimento e o desenvolvimento de novas tecnologias.

Referências

APOLINÁRIO, D. R. de F.; QUEIROS, L. R.; VACARI, I.; CRUZ, S. A. B. da. **SIExp - Sistema de Informação de Experimentos da Embrapa**. Versão v. 1.7.6. Campinas: Embrapa Informática Agropecuária, 2016.

BANCO de Dados de Pedigree, Fenótipos e Genótipos. Campinas: Embrapa Agricultura Digital; Campo Grande: Embrapa Gado de Corte. Disponível em: <https://www.bdpfg-h.cnptia.embrapa.br/>. Acesso em: 4 dez. 2024.

INTRODUCING JSON. Disponível em: <https://www.json.org/json-en.html>. Acesso em: 19 set. 2024.

PURCELL, S.; NEALE, B.; TODD-BROWN, K.; THOMAS, L.; FERREIRA, M. A. R.; BENDER, D.; MALLER, J.; SKLAR, P.; BAKKER, P. I. W. de; DALY, M. J.; SHAM, P. C. PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. **The American Journal of Human Genetics**, v. 81, n. 3, p. 559-575, Sept. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1086/519795>.

