

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PAMPA

DIEGO DE CARVALHO NEVES DA FONTOURA

**UMA SOLUÇÃO DE RECOMENDAÇÕES DE ACASALAMENTOS
BASEADA EM ALGORITMOS GENÉTICOS.**

**Bagé
2019**

DIEGO DE CARVALHO NEVES DA FONTOURA

**UMA SOLUÇÃO DE RECOMENDAÇÕES DE ACASALAMENTOS
BASEADA EM ALGORITMOS GENÉTICOS.**

Dissertação de Mestrado apresentada ao Curso de Pós Graduação em Computação Aplicada da Universidade Federal do Pampa, como requisito parcial para obtenção do Título de Mestre em Computação Aplicada.

Orientador: Dr. Fernando Flores Cardoso

Coorientador: Dr. Sandro da Silva Camargo

**Bagé
2019**

Ficha catalográfica elaborada automaticamente com os dados fornecidos pelo(a) autor(a) através do Módulo de Biblioteca do Sistema GURI (Gestão Unificada de Recursos Institucionais).

N518s	Neves da Fontoura, Diego de Carvalho Uma solução de recomendações de acasalamentos baseada em algoritmos genéticos / Diego de Carvalho Neves da Fontoura. 95 f.: il. Dissertação(Mestrado)-- Universidade Federal do Pampa, MESTRADO EM COMPUTAÇÃO APLICADA, 2019. "Orientação: Fernando Flores Cardoso". 1. Inteligência artificial. 2. Computação evolutiva. 3. Melhoramento genético. 4. Diferença esperada da progenie. I. Cardoso, Fernando Flores. (orient.). II. Título.
-------	--

DIEGO DE CARVALHO NEVES DA FONTOURA

**UMA SOLUÇÃO DE RECOMENDAÇÕES DE ACASALAMENTOS
BASEADA EM ALGORITMOS GENÉTICOS.**

Dissertação de Mestrado apresentada ao
Curso de Pós Graduação em Computação
Aplicada da Universidade Federal do
Pampa, como requisito parcial para
obtenção do Título de Mestre em
Computação Aplicada.

Dissertação de mestrado defendida e aprovada em: 19 de fevereiro de 2019.

Banca examinadora:

Prof. Dr. Fernando Flores Cardoso
Orientador
(EMBRAPA)

Prof. Dra. Ana Paula Lüdtké Ferreira
(UNIPAMPA)

Prof. Dr. (Eduardo Brum Schwengber)
(UNIPAMPA)

Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Junior
(EMBRAPA)

Dedico este trabalho a Deus, aos meus pais Paulo Tadeu e Ana Maria, a minha esposa Raquel, aos meus filhos Maria e Francisco, aos meus familiares e amigos.

AGRADECIMENTO

Ao professor Dr. Sandro da Silva Camargo pela ajuda incondicional, confiança no trabalho e motivação.

Ao Prof. Dr. Fernando Flores Cardoso pela ajuda, experiência e objetividade.

A todos os professores do PPGCAP.

Aos técnicos da EMBRAPA, em especial ao Henry Gomes de Carvalho.

A todos os colegas do PPGCAP.

“Poderíeis destarte, a teor do novo conceito político-social, vestir a toga sobre o fardão e, examinando os meus títulos humildes, ajuizar no acidentado pleito. Mas nem isso me interessaria postular, porque eu mesmo, sem me negar ou contradizer, já sacudi à porta a poeira das sandálias, não como o profeta desconsolado, mas como o lidador disposto a deixar no vestiário de *Elêusis* as armas de toda a vida, enquanto junto percorremos as aleias do jardim de *Academos*”.

João Neves da Fontoura (Discurso de posse - Academia Brasileira de Letras).

RESUMO

Até 2050 a produção de alimentos deverá aumentar entre 40% e 60% com o intuito de manter a segurança alimentar de quase 10 bilhões de pessoas. O setor primário está passando por mudanças críticas focado na produção em larga escala em resposta a demanda atual e vindoura. Dentre os víveres produzidos pelo homem, destaca-se a carne como a principal fonte de proteína animal. Tanto para núcleos de melhoramento genético, multiplicadores e comercializadores, uma das etapas do processo de produção da carne bovina é a escolha de acasalamentos em busca de proles que respondam aos anseios dos produtores. Uma das ferramentas para a comparação de características superiores ou inferiores entre os animais no momento da escolha para o acasalamento é a avaliação de suas diferenças esperadas de progênes (DEPs). O objetivo principal deste trabalho é melhorar a escolha de acasalamentos com base nas Diferenças Esperadas de Progênie. A procura por combinações de acasalamentos considerando múltiplas características genéticas na busca pela maximização de resultados torna-se um problema inviável para ser tratado em tempo polinomial, sendo necessária uma estratégia heurística para sua resolução. O presente trabalho apresenta uma solução baseada em *algoritmos genéticos* (AG) que analisando o conjunto principal das variáveis envolvidas no processo irá recomendar acasalamentos ao produtor. As análises dos experimentos apontam um comportamento satisfatório do AG, uma vez que os resultados obtidos expõe a inclinação pela escolha dos animais de maior valor de DEP com base nas ponderações determinadas pelo produtor.

Palavras-Chave: Inteligência artificial. Computação evolutiva. Melhoramento genético. Diferença esperada da progênie.

ABSTRACT

By 2050, food production is expected to increase by between 40% and 60% in order to maintain the food security of nearly 10 billion people. The primary sector is undergoing critical changes focused on large-scale production in response to current and upcoming demand. Among the man-made foods, meat stands out as the main source of animal protein. For breeding nuclei, multipliers and marketers, one of the stages of the beef production process is the choice of mating in search of offspring that respond to the producers' wishes. One of the tools for comparing superior or inferior characteristics among the animals at the moment of choice for mating is the evaluation of their expected progeny differences (DEPs). The main objective of this work is to improve the choice of mating based on the Expected Progeny Differences. The search for combinations of mates considering multiple genetic characteristics in the search for the maximization of results becomes an unfeasible problem to be treated in polynomial time, being necessary a heuristic strategy for its resolution. The present work presents a solution based on genetic algorithms (GA) that analyzing the main set of variables involved in the process will recommend mating to the producer. The analyzes of the experiments indicate a satisfactory behavior of GA, since the results obtained show the inclination to choose the animals with the highest DEP value based on the weights determined by the producer.

Keywords: Artificial intelligence. Evolutionary computation. Genetic improvement. Expected progeny difference.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Destinos da carne bovina brasileira em 2017	21
Figura 2 – Pirâmide de produção bovina de Van Der Werf	22
Figura 3 – O percurso da produção da carne bovina brasileira	23
Figura 4 – Tela de login sistema PampaPlusnet	40
Figura 5 – Tela de listagem de animais do sistema PampaPlusnet	41
Figura 6 – Tela de detalhamento de animais PampaPlusnet	41
Figura 7 – Arquitetura básica de um Algoritmo Genético	44
Figura 8 – Exemplo de função de aptidão	46
Figura 9 – Exemplo de crossover e mutação de um AG	48
Figura 10 – Fluxograma do Algoritmo Genético	59
Figura 11 – Esquema criação população inicial	63
Figura 12 – Tabelas do banco de dados	66
Figura 13 – Lista da utilização de touros da simulação 1	70
Figura 14 – Lista da utilização de touros na primeira geração do AG	71
Figura 15 – Lista da utilização de touros da simulação 2	73
Figura 16 – Lista da utilização de touros da simulação 3	74
Figura 17 – Lista da utilização de touros da simulação 4	76
Figura 18 – Lista da utilização de touros da simulação 5	78
Figura 19 – Lista da utilização de touros da simulação 6	80
Figura 20 – Lista da utilização de touros da simulação 7	81
Figura 21 – Lista da utilização de touros da simulação 8	83
Figura 22 – Lista da utilização de touros da simulação 9	84
Figura 23 – Exemplo da listagem de acasalamentos de saída do AG	85

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 – Resultado da simulação 1.....	70
Gráfico 2 – Resultado da simulação 2.....	72
Gráfico 3 – Resultado da simulação 3.....	74
Gráfico 4 – Resultado da simulação 4.....	75
Gráfico 5 – Resultado da simulação 5.....	77
Gráfico 6 – Resultado da simulação 6.....	79
Gráfico 7 – Resultado da simulação 7.....	81
Gráfico 8 – Resultado da simulação 8.....	82
Gráfico 9 – Resultado da simulação 9.....	84

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Exemplo de aptidões de indivíduos para seleção por roleta viciada	47
Tabela 2 – Resultados de acurácia da utilização de AG na detecção de doenças	51
Tabela 3 – Exemplificação de Cromossomo do AG	60
Tabela 4 – Tabela descritiva da Simulação 1.....	69
Tabela 5 – Tabela descritiva da Simulação 2.....	72
Tabela 6 – Tabela descritiva da Simulação 3.....	73
Tabela 7 – Tabela descritiva da Simulação 4.....	75
Tabela 8 – Tabela descritiva da Simulação 5.....	77
Tabela 9 – Tabela descritiva da Simulação 6.....	79
Tabela 10 – Tabela descritiva da Simulação 7.....	80
Tabela 11 Tabela descritiva da Simulação 8.....	82
Tabela 12 – Tabela descritiva da Simulação 9.....	83

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABHB – Associação Brasileira de Hereford e Braford

AG – Algoritmo Genético

BIF – *Beef Improvement Federation*

BLUP – (*Best Linear Unbiased Prediction*)

CRP - Estrutura Corporal

CVD - Condição Corporal da Vaca ao Desmame

DEP – Diferença Esperada da Progênie

DNA – Ácido desoxirribonucleico

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

EST - Estatura

GPD - Ganho Pós-Desmama

LABEGEN – Laboratório de Bioinformática e Estatística Genômica da EMBRAPA
Pecuária Sul

MSC - Musculatura

PD - Peso ao Desmame

PDM - Peso Desmame Materno

PES - Perímetro Escrotal

PIB – Produto Interno Bruto

PMD - Peso da Mãe ao Desmame

PN - Peso ao Nascer

POC - Pigmentação Ocular

PS - Peso ao Sobreano

TEC - Toneladas Equivalente Carça

TMD - Total Materno ao Desmame

UMB - Umbigo

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	15
2.	REVISÃO DE LITERATURA	20
2.1	A cadeia produtiva da carne bovina no Brasil	20
2.2	Recursos genéticos e estratégias de melhoramento	24
2.3	Processo de seleção	27
2.4	Avaliação genética: BLUP e DEPS	31
2.5	Melhoramento animal baseado em DEPS	33
2.6	Sistemas de acasalamento (endogamia, cruzamento, compensatórios)	35
2.7	Programa PampaPlus	36
2.8	Computação evolucionária	41
2.9	Relatos da computação evolutiva	49
2.10	Trabalhos correlatos	52
3.	METODOLOGIA	56
3.1	Caracterização da pesquisa	56
3.2	Materiais e métodos	56
4.	ABORDAGEM PROPOSTA	59
4.1	O algoritmo genético	59
4.2	Tamanho e informações do cromossomo	60
4.3	Função de avaliação	60
4.4	Restrições dos acasalamentos	62
4.5	População inicial	62
4.6	Penalidades	64
4.7	Seleção	64
4.8	Cruzamento/reprodução e mutação	64
4.9	Condição de parada	65
4.10	Base de dados	65
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	67
5.1	Execução e simulação do AG	67
5.2	Discussão dos resultados	85
5.3	<i>Benchmark</i>	88
6.	CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS	91

1. INTRODUÇÃO

Paradoxalmente ao modo de vida nômade, o ser humano pós-revolução agrícola permanece adaptando e melhorando o processo de produção e comercialização de alimentos a fim de suprir a demanda atual e vindoura de bilhões de pessoas distribuídas no globo terrestre. Por isso, estima-se que a produção contemporânea de alimentos deverá aumentar entre 40% e 60% até o ano de 2050 com o objetivo de garantir a segurança alimentar de quase 10 bilhões de pessoas (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS, 2009).

Na busca por superar desafios produtivos, o setor primário está passando por mudanças críticas focado na produção em larga escala em resposta ao crescimento da demanda por alimentos (RISCHKOWSKY, 2007). Dentre os víveres produzidos pelo homem, destaca-se a carne como a principal fonte de proteína animal. Neste cenário, temos o Brasil como um dos principais produtores de alimentos da modernidade, onde se avulta a produção de carne bovina, sendo o país, ora o primeiro ora o segundo maior exportador do segmento. Conseqüentemente, a pecuária de corte contribui de maneira significativa à economia nacional e a segurança alimentar em epígrafe (ROSA et al., 2013).

Segundo Van Der Werf (2000), a produção pecuária está apoiada diretamente na ciência e na tecnologia. O desempenho da produção bovina, atualmente, é medido e não observado. Também não se aplica mais o conceito de intuição, e sim de predição de resultados com base em cálculos e previsões científicas. Já no tocante à biotecnologia, além da utilização de inseminação artificial, clonagem de indivíduos, fertilização *in vitro*, transferência de embriões, clonagem de genes e seleção com uso de marcadores de DNA, o rápido desenvolvimento da informática impulsionou a eficiência e a eficácia produtiva dando suporte a procedimentos de coletas e avaliações genéticas necessárias nas comparações entre indivíduos e rebanhos de animais.

O melhoramento genético bovino tende a mensurar o quão superior um animal de outro, ou da média dos outros animais da raça, em termos de valor genético para as características desejadas, propiciando a seleção de animais e, conseqüentemente, o melhoramento genético do rebanho. Existem diversos programas de melhoramento genético (protocolos e regras) utilizados atualmente.

Apesar de existirem variações de características a serem avaliadas nos diversos programas, as principais características utilizadas são: ponderais, de carcaça, escores visuais, medidas biométricas, reprodutivas e de adaptação, onde os animais são avaliados principalmente ao nascer, na desmama (entre 160 e 250 dias) e ao sobreano (entre 330 e 400 dias). Estas avaliações possibilitam identificar o valor genético dos animais, calculado por meio de técnicas estatísticas, o que permite ao produtor alcançar com maior rapidez o tipo de animal (seleção) que melhor se adapte aos seus objetivos. Usualmente estes programas de melhoramento genético utilizam-se da DEP (diferença esperada da progênie) para descrever a superioridade genética dos animais e são, de certa forma, fomentados e coordenados pelas associações de criadores de bovinos (CARDOSO, 2009; ROSA et al., 2013).

A Associação Brasileira de criadores de bovinos das raças Hereford e Braford (ABHB), juntamente com a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), oferece aos seus associados o Programa de Avaliação Genética para as Raças Hereford e Braford denominado PampaPlus, que faz uso de técnicas, regras e softwares do Programa EMBRAPA de Melhoramento Genético – GENEPLUS. Conforme as definições do Conselho Técnico do corpo de Inspectores Técnicos e do Comitê de Apoio do Programa, as características avaliadas pelo PampaPlus, que permitem comparações entre os animais destas raças, possuem foco direcionado ao interesse econômico buscando um melhoramento genético que traga rentabilidade ao produtor. O programa de melhoramento genético possui um portal *web* chamado PampaPlusnet através do qual é disponibilizado o sumário online dos exemplares das raças, permitindo também, a usuários cadastrados, a inclusão de dados das avaliações realizadas, as quais irão subsidiar a realização dos cálculos dos valores genéticos que permitam prever a contribuição do animal (CARDOSO, 2009; CARDOSO; LOPA, 2015).

Apesar de possuir uma vasta quantidade de informações referente às avaliações dos animais participantes do programa, o produtor associado encontra dificuldades em realizar a seleção de acasalamentos, pois a ferramenta utilizada não possui um módulo que atenda essa necessidade. Porém, as informações existentes no sistema PampaPlusnet são anualmente compiladas em um software, intitulado Relatório PampaPlus de Touros, Matrizes e Produtos, externo ao portal online para instalar no computador do produtor, para que o mesmo possa realizar as simulações de seleção para acasalamento, analisando individualmente cada combinação.

Conforme técnicos da EMBRAPA, esta ação de encaminhar os dados, receber um sistema para instalar no computador do associado, além da complexa interação com o usuário, aumentam as dificuldades da seleção dos acasalamentos. O objetivo do produtor participante do programa é, sem dúvida, receber sugestões de acasalamento, escolhidos através de uma abordagem estatística que conduza ao aumento da qualidade genética, relacionando suas matrizes (rebanho) com específicos reprodutores (touro/sêmen) disponíveis no programa PampaPlus. Para tanto, faz-se necessária a busca de combinações satisfatórias entre suas matrizes e os reprodutores disponíveis, restringindo, quando necessário, endogâmias, dentre outros fatores.

O crescimento do poder computacional tem permitido desenvolver sistemas para resolver problemas mais complexos, onde os métodos de buscas por soluções podem assumir diferentes técnicas computacionais até encontrar o resultado pretendido. No entanto, existem problemas intratáveis, ou seja, problemas onde o tempo de processamento necessário para resolvê-lo é considerado inaceitável pelos requisitos dos usuários. De maneira geral, os problemas são tidos como tratáveis computacionalmente quando a sua complexidade conhecida é polinomial ou inferior, e são considerados intratáveis quando sua complexidade é exponencial (TOSCANI, 2009 apud LINDEN, 2012). Problemas desta natureza não possuem soluções ótimas com tempo computacional razoável para serem resolvidos, assim, alguns destes podem ser atendidos com uma solução próxima da solução ótima, chamada de boa solução (MUNAWAR et al., 2008; LINDEN, 2012).

A ciência desenvolveu ao longo dos tempos técnicas heurísticas para resolução de problemas. Estas buscas heurísticas não possuem garantia da solução ótima, mas, em tese, se aproximam disso e devem primar pela otimização do tempo na obtenção da solução. Assim, heurísticas tem sido utilizada com muita eficiência para resolver diversos problemas práticos, sendo que dentre as técnicas heurísticas e metaheurísticas destacam-se as seguintes: algoritmos genéticos, redes neurais, *Simulated Annealing*, Busca Tabu, *Greedy Randomized Adaptive Search Procedure* (GRASP), *Variable Neighborhood Search* (VNS), Colônia de Formigas (LINDEN, 2012; VON ZUBEN, 2000).

O Algoritmo Genético é uma técnica da Computação Evolutiva que utiliza modelos computacionais dos processos de evolução darwiniana apoiadas pela teoria genética de Mendel, como uma ferramenta para resolver problemas. Funciona

mantendo uma população de estruturas, denominadas indivíduos e operando sobre eles de forma similar à evolução das espécies. Em linhas gerais, os indivíduos são classificados com base em alguma informação pertinente ao problema a ser resolvido, onde, de maneira geral, aqueles indivíduos que possuem superioridade classificatória tendem a ser selecionados para um *pseudo-acasalamento* com maior frequência que os demais, podendo gerar, assim, mais descendentes. Durante a execução do algoritmo, são realizadas seleções de indivíduos em resposta a determinados conjuntos de parâmetros válidos na efetivação de uma busca aleatório-guiada (RAZIP; ZAKARIA, 2017; LINDEN, 2012). Os indivíduos com os quais o algoritmo genético trabalha representam as soluções candidatas à resolução do problema. Encontrar a melhor representação para uma solução candidata de acordo com o problema é sempre necessário (MUNAWAR et al., 2008).

É reconhecido que as DEPs do terneiro/bezerro são herdadas, guardadas as suas taxas e proporções, do pai e mãe. No entanto, a busca por combinações de acasalamentos ideais e inferidas utilizando-se múltiplas características fenotípicas, tende a aumentar a complexidade computacional de forma exponencial para a solução deste problema. Ainda, a quantidade de informações relevantes com potencial de contribuição para realizar as recomendações de acasalamentos está disponível e subutilizada, no programa de melhoramento genético PampaPlus. Portanto, a necessidade de evolução no processo produtivo de alimentos, tanto no viés econômico quanto humanitário justifica os esforços nas pesquisas deste tema.

A aplicação de um algoritmo genético no processo de seleção de reprodutores bovinos fornecerá recomendações de acasalamentos baseado em múltiplas características de DEPs com indicação de ótimas combinações ou próximas das ideais.

Neste sentido o objetivo deste trabalho é utilizar a abordagem de algoritmos genéticos buscando melhorar processo de seleção de acasalamentos, com base nas Diferenças Esperadas de Progênie (DEPs) no contexto do programa de melhoramento genético PampaPlus. Para atingir os objetivos, devem ser identificadas as características fenotípicas relevantes no processo de seleção de bovinos em programas de melhoramento genético, as regras e restrições para acasalamento, de forma a gerar, como resultado, a melhor progênie.

Este trabalho está organizado em 6 capítulos. O capítulo 2 aborda revisão de literatura através da apresentação da cadeia produtiva da carne no Brasil, incluindo

informações sobre a produção e comercialização além de informações sobre melhoramento genético tais como: estratégia, DEP, formas de seleção de animais, características dos algoritmos genéticos, técnicas de resolução de problema e trabalhos relacionados com a utilização de algoritmos genéticos no processo melhoramento genético de animais. O capítulo 3 aborda a metodologia. O capítulo 4 descreve o algoritmo genético implementado. O capítulo 5 apresenta os resultados e a análise dos mesmos. O capítulo 6 traz as considerações finais, incluindo a conclusão.

2. REVISÃO DE LITERATURA

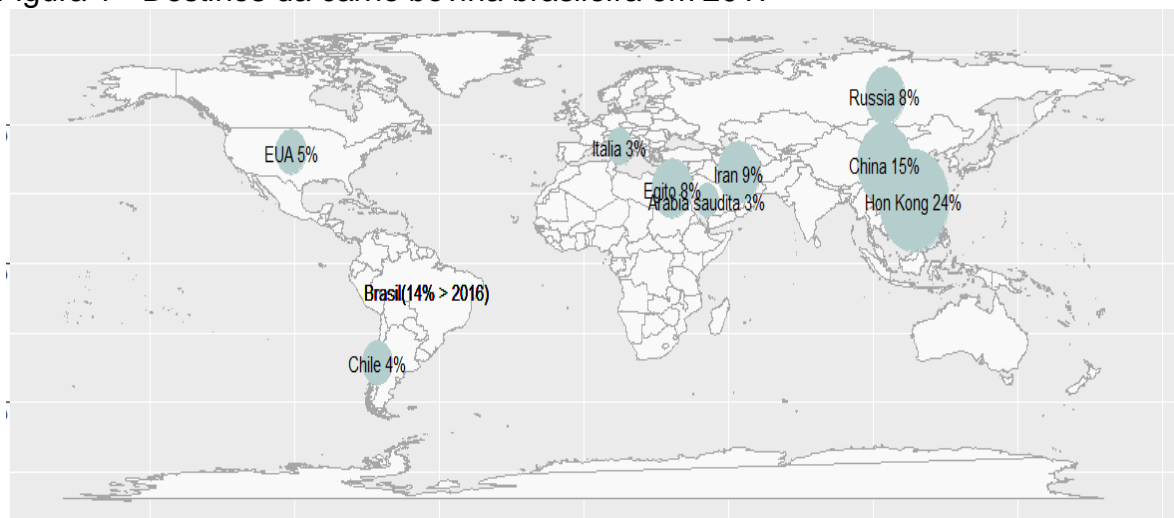
Neste capítulo consta a revisão de literatura, onde, por meio de buscas em repositórios científicos e relatórios institucionais aborda-se a cadeia produtiva da carne no Brasil, incluindo informações sobre a produção e comercialização além de informações sobre melhoramento genético tais como: estratégia, DEP, formas de seleção de animais, características dos algoritmos genéticos, técnicas de resolução de problema e trabalhos relacionados com a utilização de algoritmos genéticos no processo melhoramento genético de animais.

2.1 A cadeia produtiva da carne bovina no Brasil

Dos criatórios ao consumo, o processo de produção de carne bovina movimenta diversos setores da economia, como a indústria, o comércio, a prestação de serviços, o transporte, as relações políticas e institucionais tanto interna quanto externamente devido principalmente à vultosa produção nacional. Entre os anos de 2015 e 2016, o PIB (Produto Interno Bruto) da pecuária brasileira aumentou 12%, quase 3 (três) vezes mais que o PIB total nacional que contou com acréscimo de 4,4%. Assim o PIB da pecuária em 2016 foi de (R\$) 0,4 trilhões de reais, 30% do PIB equivalente ao Agronegócio.

Já o rebanho nacional cresceu 209% em 9 anos e em 2016 contava com 219 milhões de cabeças de gado bovino alcançando a produção de quase 10 milhões de toneladas equivalente carcaça (TEC). Deste total produzido, 80% permaneceram no mercado interno e 20% foram consumidos pelo mercado exterior. Com estas comercializações o país foi o maior exportador de carne bovina do mundo em 2016. Entre os destinos da carne brasileira, destaca-se do faturamento total de 5.515.954,00 (mil US\$), Hong Kong (19%), União Europeia (14%), China (13%), Egito (10%), Rússia (7%), Irã (6%), Chile (6%) e EUA (5%) (CARVALHO; ZEN, 2017). Ainda, no ano de 2017 este faturamento total cresceu 14% arrecadando o valor de 6.284.405,00 (mil US\$) onde os maiores importadores encontram-se em destaque na Figura 1 (ABIEC/SECEX-MDIC, 2018).

Figura 1 - Destinos da carne bovina brasileira em 2017



Fonte: Autor (2019)

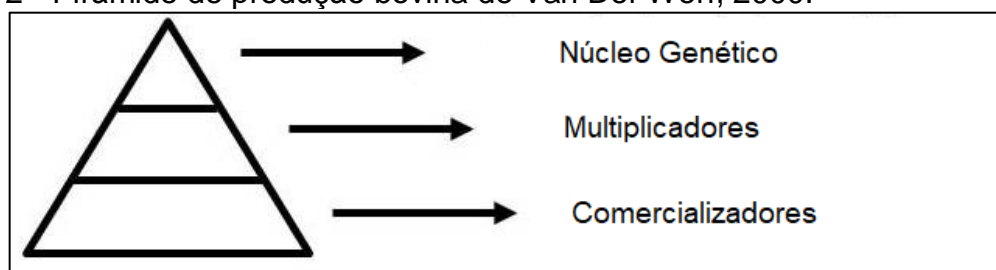
Por possuir grande variabilidade climática em um vasto território, os produtores nacionais são obrigados a utilizar raças mais adequadas para cada ambiente de manejo existente no país. Os produtores foram buscando naturalmente a melhoria do seu rebanho no sentido de maior resistência ao clima, precocidade, ganho de peso, sanidade animal, qualidade da carne, menor tempo para abate, inclusive proporcionando aos animais melhor qualidade de alimentação. Já nos últimos anos, ao contrário da cultural utilização de sistema extensivo de produção, cresceram os sistemas intensivos graças à incorporação de novas tecnologias que visam o aumento de produtividade (CARVALHO; ZEN, 2017; ABREU et al., 2015).

Em relação a isto, De Barros e Hausknecht (2005) indicaram que nas últimas décadas o setor do agronegócio obteve ganho de produtividade devido a uma série de fatores entre eles o avanço tecnológico desenvolvido por institutos de pesquisa, empresas privadas e produtores, que consolidaram tecnologias que viabilizam o aumento produtivo em condições tropicais. De maneira complementar, tanto a demanda por grãos quanto a demanda por carne bovina, tendem a sofrer intrínseca influência social em busca de qualidade, rastreabilidade, sustentabilidade e eficiência produtiva o que refletirá obrigatoriamente na utilização e desenvolvimento de tecnologias e incorporação de melhorias genéticas eficientes para atender as expectativas consumidoras. Buscando a eficiência produtiva, o cenário atual e futuro indica a intensificação dos sistemas produtivos de bovinos de corte como resultado

da forte demanda dos consumidores por produtos de qualidade que, somente será possível ao aliar o melhoramento genético à biotecnologia, bem estar animal e gestão produtiva (ROSA et al., 2013)

A exploração do mercado de produção bovina, conforme Van der Werf (2000), indica a existência de 3 (três) categorias de produtores: produtores de genética (núcleos genéticos ou núcleo de seleção), multiplicadores e comercializadores conforme ilustrado na Figura 2, onde o cume da pirâmide indica uma quantidade menor de núcleos genéticos em relação aos demais níveis da pirâmide. Os núcleos de melhoramento genético estão inclinados a potencializar características econômicas, principalmente de animais puros e exemplares da raça, ou seja, o foco é no melhoramento genético da base da produção bovina, já os multiplicadores tendem a aplicar sobre os animais oriundos dos núcleos, técnicas de cruzamentos, afim de potencializar as características híbridas entre raças, proporcionando a otimização do processo de engorda de bovinos de corte pelos comercializadores que, por sua vez, irão nutrir os animais para serem abatidos por frigoríficos e vendidos aos consumidores, seja através dos mercados de varejo, ou através da exportação para outros países. Inclusive, o processo de produção vem sendo monitorado e fiscalizado através de programas específicos governamentais e de gestão de propriedades, principalmente com a preocupação com a sanidade animal e as condições de bem estar, pois estas são exigências do mercado interno e dos blocos internacionais dos quais o Brasil participa e mantém comércio (VAN DER WERF, 2000; ABIEC/SECEX-MDIC, 2018).

Figura 2 - Pirâmide de produção bovina de Van Der Werf, 2000.



Fonte: Adaptado de Van Der Werf (2000, p.5).

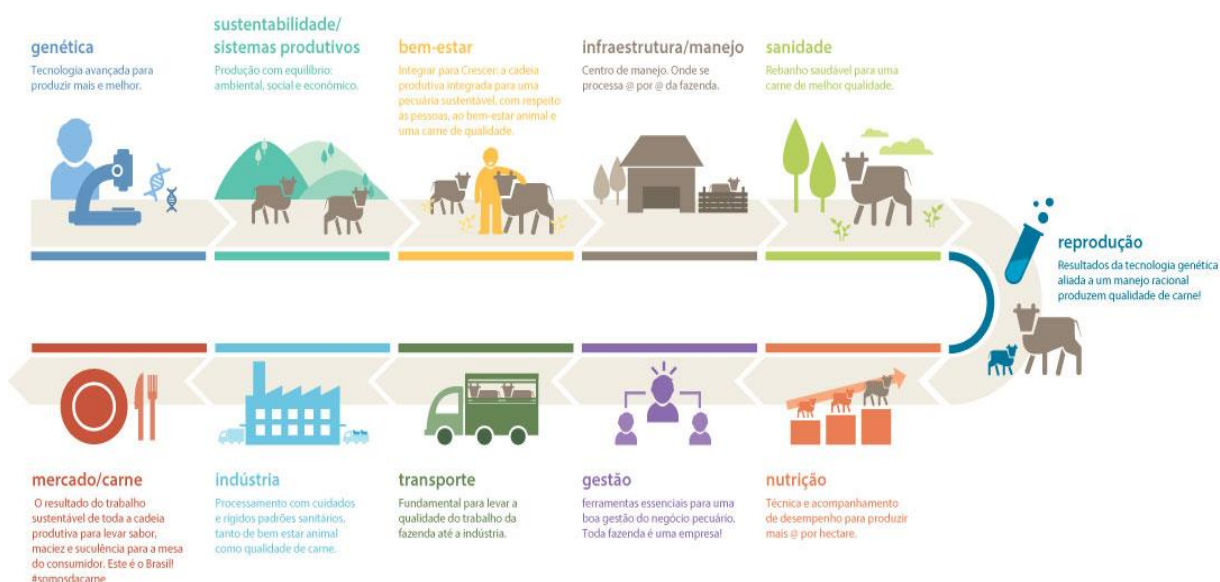
A preocupação com a qualidade e rastreabilidade da carne é foco dos produtores nacionais, uma vez que a carne bovina é passível de contaminação. Neste sentido, criar e manter certificações que garantam a qualidade e a

procedência ajuda a criar vínculos de fidelidade com o cliente, e cada vez mais estão sendo perseguidas pelos produtores conforme indicado por Ramos et al. (2017):

O consumidor está disposto a pagar pelo produto que julga mais seguro, pelo que tenha as qualidades que busca, que atenda às necessidades mais específicas do seu cotidiano, ou que vá ao encontro aos seus valores e crenças e, ainda e muito importante, confia na garantia que a “marca” oferece (RAMOS et al., 2017, p. 238).

Em síntese, o percurso da produção bovina no Brasil pode ser visualizado na Figura 3, onde se percebe no início do processo o estudo e aplicação da ciência e tecnologia, mais especificamente no melhoramento genético, seguido do planejamento do sistema de produção sustentável, da preocupação e obrigações com o bem estar animal, da adequação das estruturas e locais de manejo, do controle da saúde animal, da realização da reprodução e gestão de seus indicadores de resultados, do acompanhamento da nutrição animal, da gestão de custos, de riscos e das regras de negócio, da venda e receita, do abate, do processamento e por fim, da entrega aos consumidores.

Figura 3 - O percurso da produção da carne bovina brasileira.



Fonte: Repositório Digital da VilaBeef¹ (2018)

¹ REPOSITÓRIO DIGITAL DA VILABEEF. **O percurso da produção da carne bovina brasileira.** Disponível em: <http://vilabeef.com.br/vila-beef-na-bienal-em-sp/caminho-do-boi/>. Acesso em: 05 nov. 2018.

2.2 Recursos genéticos e estratégias de melhoramento

A domesticação dos bovinos ocorreu evolutivamente durante milhares de anos, onde os animais foram adaptando-se e convergindo para genética atual, sendo estes os recursos genéticos disponíveis. Esta evolução ocasionou a seleção natural de animais que possuíam genética favorável ao ambiente. Também, por interesse econômico, algumas características foram preservadas nos rebanhos existentes quando da supervisão e seleção pelo homem durante a reprodução. (MARION FILHO; REICHERT; SCHUMACHER, 2012). Após a descoberta do DNA (ácido desoxirribonucleico, molécula que se encontra no núcleo das células) pela ciência e de sua importância na determinação da hereditariedade, muito se tem avançado no campo do melhoramento genético para produção pecuária (ROSA et al., 2013).

O alvo pretendido, atualmente, pelo melhoramento genético em bovinos de corte é intensificar características de valores econômicos dos animais. Como exemplos, cita-se a produção de carne com maior qualidade, menor intervalo entre o nascimento e o abate e a adaptação ao ambiente de manejo. Portanto, a base do melhoramento genético se dá no monitoramento de características expressas pelos animais como, por exemplo, taxas de crescimento, qualidade de carcaça e de carne, peso corporal, adaptabilidade, eficiência produtiva entre outros indicadores. Assim, tem-se que a expressão que representa estes objetivos pode ser expressa como: $P=G+A+G*A$; onde P é a Produção, G é a Genética, e A é o Ambiente, já a interação entre genética e ambiente tem-se $G*A$ (ROSA et al., 2013).

Dois questões chaves são essenciais a serem observadas como estratégias na utilização de um programa de melhoramento genético conforme Van der Werf (2000), são elas: “Para onde ir?”, “como chegar lá?”. Estas questões geralmente estão associadas aos núcleos de produção de animais geneticamente superiores, que consiste no grupo que fica no topo da pirâmide indicada pelo autor. Nesta pirâmide a base é formada por produtores comerciais, ou seja, aqueles que se utilizam deste melhoramento genético dos núcleos para produzir animais conforme o perfil consumidor demanda. Nesta perspectiva, o produtor deve ter em mente que tipo de negócio deseja empreender.

A opção por escolher uma determinada raça bovina adaptada ao ambiente à formação de novas raças, realização de cruzamentos e sistemas combinados, formam as escolhas clássicas das alternativas para o investimento e aplicação em rebanhos bovinos. O investimento em novas raças é um empreendimento de longo prazo que necessita de um rebanho inicial (base) de proporções consideradas, diminuindo assim os problemas com consanguinidade no momento de fixar os padrões para as características desta nova raça, além de custos com prováveis obras adaptativas no sentido de oferecer conforto aos animais e o cuidado sanitário necessário. Já a utilização de raças adaptadas, por outro lado, independe de obras de infraestrutura específicas para inclusão destes animais no manejo, permitindo que o produtor concentre esforços diretamente em melhorar características genéticas e econômicas da produção. A opção entre novas raças e raças já adaptadas deve ser tomada pelo produtor a partir do conhecimento dos custos e valores de investimentos, incluindo, mas não se limitando, a taxas de retorno de investimento, ambiente de manejo, clima e o mercado pretendido. Já a utilização de cruzamentos é muito aplicada pelos produtores comerciais, por produzir efeitos de mercado imediatos (EUCLIDES FILHO, 1996; ROSA et al., 2013).

A seleção de animais para participar do processo de melhoramento genético, pode ser baseada em informações qualitativas que são tidas como informações discretas, por exemplo: musculatura e pelagem. Sendo que, *a priori*, as diferenças qualitativas são facilmente identificadas, podendo existir níveis de dificuldade de identificação e de tratamentos diferentes, na tentativa de exclusão ou permanência destas características em rebanhos com enfoque comercial ou rebanhos de núcleo genético. Já nas características quantitativas, onde se encontra o maior interesse econômico, um grande número de pares de genes, que são afetados pelo ambiente e são expressos através do fenótipo, como por exemplo: peso corporal e a taxas de crescimento, a seleção só pode ser feita de maneira indireta a partir da análise das variações dos indivíduos (ROSA et al., 2013).

Em termos genéticos o fenótipo é o que pode ser observado aparentemente em um animal, ou seja, suas características: cor dos olhos, musculatura ou informações que possam ser medidas, como por exemplo, o peso corporal. Já o genótipo de um animal, significa o conjunto de todos os seus genes. O genótipo de um animal é fixado quando de seu nascimento e não será alterado durante o período

de existência deste. Os genes são passados para os descendentes no momento da concepção reprodutiva (CARDOSO, 2009).

Com o objetivo de apresentar resumidamente alguns conceitos básicos sobre genética, mais especificamente sobre gene, alelo, locus e marcadores genéticos, implícitos na realização de toda ação de melhoramento genético, Cardoso (2009, p. 8) descreve:

Os genes são as unidades fundamentais da hereditariedade, pois através destes são transmitidas as características de pais para filhos. Cada gene é formado por uma sequência específica de nucleotídeos do DNA (ácido desoxirribonucleico) que contém a informação para produzir uma determinada proteína ou controlar uma característica. Por alelo entende-se as várias formas alternativas do mesmo gene, enquanto que locus é o local fixo (posição) em um cromossomo onde está localizado determinado gene. Os cromossomos consistem de uma longa sequência de DNA, que contém vários genes, e outras sequências de nucleotídeos com funções específicas nas células dos seres vivos. Os cromossomos, assim como os genes, existem aos pares nos bovinos. Finalmente, marcador genético é uma porção de DNA que tem sequência e posição dentro do genoma conhecidas, possuindo ao menos dois alelos distintos (polimorfismo). Os marcadores genéticos são frequentemente usados para caracterizar a predisposição a doenças e os atributos produtivos e de qualidade dos animais. (CARDOSO, 2009, p. 8)

No instante em que ocorre a fecundação, cada um dos pais contribui com metade do número total de alelos, estabelecendo-se no novo indivíduo. A segregação (casualização da formação das células) e a recombinação (sequência dos cromossomos) concomitantemente com outros eventos e forças evolutivas, formam a base indispensável da variabilidade genética de um indivíduo. Ao se considerar um gene, especificamente que promoverá mudança fenotípica definida, temos o chamado efeito aditivo. A soma dos efeitos aditivos de todo o conjunto de genes (genoma) constitui o valor genético do indivíduo (ROSA et al., 2013).

Assim, como estratégia de melhoramento genético de animais, obrigatoriamente deve-se passar pelo processo de seleção de quais animais possuem as características desejadas a transmitir para seus descendentes. Quando os animais escolhidos para realizar a reprodução possuem valor genético superior aqueles não escolhidos, o resultado será o melhoramento genético do rebanho por seleção. Porém, cabe ressaltar que a qualidade da tomada de decisão do produtor está intimamente vinculada a quantidade de informações disponíveis no momento da seleção (VAN DER WERF, 2000; CARDOSO 2009; ROSA et al., 2013).

2.3 Processo de seleção

No momento da escolha dos objetivos de seleção pelo criador, diversas situações devem ser analisadas e compreendidas no sentido de proporcionar apoio a esta decisão. Resumidamente é necessário realizar a análise de mercado e a situação produtiva e reprodutiva atual do rebanho e montar as estratégias para atingir os objetivos de seleção em médio e longo prazo. Ou seja, quem são os clientes e como melhorar o rebanho no sentido de agregar mais valor a sua produção bovina são as perguntas pertinentes no momento de escolher os objetivos de seleção. De uma maneira geral, os critérios de seleção que pretendem melhorar a eficiência dos sistemas de produção de gado de corte, que envolvem aspectos econômicos, são critérios de natureza biológica, medidos qualitativamente e/ou quantitativamente e podem ser distribuídos nos seguintes conjuntos: reprodução, produção, produto e biótipo (ROSA et al., 2013).

2.3.1 Características de reprodução

As características de reprodução analisadas como critérios de seleção, são características importantes, pois quanto melhor a fertilidade dos rebanhos maior o número de animais que podem ser ofertados no mercado. Permite também a intensificação das seleções e conseqüentemente uma maior lucratividade. Em geral dizem respeito à precocidade e a capacidade de reprodução dos animais. As características reprodutivas utilizadas como critérios de seleção para fêmeas nos rebanhos nacionais, conforme Rosa et al. (2013) são:

Idade ao primeiro parto: A redução da idade ao primeiro parto antecipa a idade reprodutiva, diminui intervalo entre gerações e conseqüentemente traz a recuperação do investimento mais rapidamente. Esta característica possui herdabilidade baixa. Mesmo assim é utilizada para gestão dos animais.

Intervalo entre partos: Significa o período de tempo entre duas partições consecutivas, determinando a eficiência reprodutiva de uma fêmea. Esta característica possui diversas maneira tendenciosas de medi-la, portanto vem sendo

substituída por: **dias para parir**, onde é contado o número de dias entre a prenhes e a parição. Possui herdabilidade de baixa magnitude. Mesmo assim serve para gestão dos animais.

Duração da gestação: Não é uma medida de fertilidade. Bezerros nascidos de um menor período de gestação tendem a proporcionar maior produção kg/hectare/ano. É uma característica auxiliar de seleção para reprodução.

Habilidade de permanência no rebanho (HPR): Esta característica permite a seleção de reprodutores que produzirão filhas com maior probabilidade de continuarem reprodutivas no rebanho por mais tempo. O HPR como critério de seleção conduz ao aumento de tempo de permanência de matrizes no rebanho diminuindo o número de novilhas para reposição.

Probabilidade de prenhes aos 14 meses de idade (PP14): Sugerida recentemente, esta característica como critério de seleção, por ser de fácil medição e apresentar valores de média herdabilidade está associada a precocidade do rebanho. Porém existe a possibilidade de em um longo período de seleção diminuir o tamanho adulto dos animais. É necessário mais estudo sobre este critério de seleção.

Os critérios de avaliação para características de reprodução dos machos, são usualmente mais exploradas, uma vez que um único macho deixará em cada período reprodutivo uma quantidade significativa de descendentes ao contrário de uma fêmea que produz, comumente, somente um animal por período reprodutivo. O perímetro escrotal do macho é a sua principal característica reprodutiva. O volume da bolsa escrotal é determinante para quantidade de sêmen que ele irá produzir. O objetivo da seleção por perímetro escrotal é obter animais mais precoces sexualmente, uma vez que a medida do perímetro não garante a sua eficácia produtiva (qualidade do sêmen). Apesar de ser utilizada como a principal característica dos machos, esta medida de precocidade ainda deve passar por estudos para compor protocolos de medidas realmente eficientes no que tange esta característica como critério de seleção para reprodução, pois, o volume da bolsa escrotal possui proporções disformes, o que não resume o poder reprodutivo do macho (ROSA et al., 2013).

2.3.2 Características de produção

As características de crescimento associadas às características do grupo de produção estão relacionadas intimamente com a medição da pesagem dos animais durante o período de seu crescimento. Também é medido e controlado o peso da mãe, para confrontar informações de capacidade materna. A seguir as características utilizadas como critério do tipo produção conforme Rosa et al. (2013):

Peso ao nascimento: Baixo peso ao nascer evita problema de parto, principalmente em novilhas, especialmente das raças europeias;

Peso maternal e peso à desmama: Peso materno é utilizado para avaliar a habilidade da mãe em proporcionar alimentação a sua prole. O peso à desmama propicia a capacidade de avaliar o próprio indivíduo. Estas duas medidas de peso possuem correlação com o peso ao sobreano com estimativas entre 0,44% e 0,90% relacionais;

Peso ao sobreano: Esta medida reflete a capacidade do animal em ganhar peso após a desmama, geralmente medido entre os 13 e os 18 meses de idade. A seleção para maiores pesos ou ganhos de peso em idades jovens poderá promover maior peso adulto dos animais que herdarem tais características. Porém, quando da existência de animais adultos maiores, maiores serão os custos de manutenção, alimentação e disponibilidade de campo. Existem algumas alternativas praticadas no sentido de equilibrar o peso e o acabamento dos animais;

Ganho de peso pré e pós desmama: Monitorar o peso nas diferentes fases de vida dos animais propicia a escolha de animais mais precoces. O ganho de peso pré desmama é influenciado diretamente pela habilidade materna. O ganho de peso pós desmama permite avaliar geneticamente o indivíduo;

Peso adulto: É uma característica de herdabilidade média, utilizado para monitorar o tamanho dos animais. Novamente, é utilizado para manter o equilíbrio dos animais, pois, animais excessivamente grandes tendem a necessitar de mais tempo para finalização do processo produtivo.

2.3.3 Características do produto

Com relação às características de produção, alguns critérios de seleção são mais utilizados, principalmente aqueles que identificam as características de qualidade da carne a ser produzida. A intenção da medição destas características antes dos abates é antecipar as informações de qualidade utilizando-se de ultrassonografia sempre que viável. Também podem ser realizadas análises do produto pós abate. A seguir as características relacionadas ao produto conforme Rosa et al. (2013):

Área de olho de lombo (AOL): Medida através de ultrassonografias apresenta herdabilidade de valores médios e possui correlações favoráveis à musculosidade do animal;

Espessura de gordura subcutânea (EGS): Medida através de ultrassonografias, expressa em milímetros, indica o grau de acabamento da carcaça. Possui valores de herdabilidades de médio a alto;

Marmoreio: Apresenta altíssimo valor de herdabilidade e é definido pela gordura entremeada no músculo. Também é aferida por ultrassonografia. Indica a suculência de uma carne e pode ser utilizada como um critério de seleção;

Maciez da carne: A maciez é o fator mais importante da qualidade de uma carne.

2.3.4 Características de biótipo

As características morfológicas relacionadas ao biótipo dos animais foram incluídas em programas de avaliação genética de bovinos de corte com o intuito de melhorar carcaça e acabamento do produto. Algumas características importantes são: altura do animal, conformação, precocidade e musculatura e conformação frigorífica, podendo ser verificadas respostas a seleção para estas características. Outras características também podem ser utilizadas nos critérios de seleção, como

por exemplo: resistência a parasitas, temperamento, eficiência alimentar e produtividade (ROSA et al., 2013).

Analisando a evolução do mercado de produção, os hábitos dos consumidores e o relacionamento custo benefício produtivo, os critérios de seleção convencionais e alternativos devem permanecer em pleno desenvolvimento garantindo parâmetros que possam mensurar a qualidade do rebanho, e proporcionar melhorias genéticas quando da utilização destes critérios na seleção dos animais.

2.4 Avaliação genética: BLUP e DEPS

Os programas de melhoramento genético da atualidade utilizam inúmeras ferramentas de avaliação, medição e compreensão dos valores genéticos a fim de proporcionar a predição da transmissão deste material às futuras gerações. Coletivamente, as técnicas estatísticas empregadas nestas mensurações são conhecidas como *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP), ou melhores preditores lineares não viciados; as quais são utilizadas para calcular a Diferença Esperada da Progênie (DEP) para cada característica em cada animal. Portanto, os métodos usados no BLUP criam soluções de equações para cada grupo contemporâneo, conjuntamente a uma equação para cada animal avaliado, podendo possuir milhares de equações a serem resolvidas simultaneamente dependendo da quantidade de animais envolvidos na avaliação (BRINKS, 2013; ROSA et al., 2013). O método BLUP pode ser utilizado, inclusive, para obter o coeficiente de consanguinidade para cada animal, pois este se utiliza de uma matriz de parentesco. Ainda, existem diversos modelos estatísticos que podem ser empregados na obtenção das DEPs, os mais usuais são: modelos animais completos, modelos animais reduzidos e modelos touro-avô materno, sendo que para cada modelo devem ser resolvidas equações específicas na obtenção da DEP (BRINKS, 2013; ROSA et al., 2013).

Conforme Cardoso (2009, p.13), a DEP serve “[...] para descrever o mérito genético dos animais”. Utilizando-se de cálculos matemáticos e modelos estatísticos, permite comparação entre todos os animais de uma determinada avaliação (medição de desempenho), ampliando a escolha de candidatos a uma seleção. Já para

Albuquerque et al. (2011, p. 1) “As DEPs servem para comparar e classificar animais. Elas devem ser interpretadas como a diferença entre o desempenho médio dos filhos de uma animal e o desempenho médio dos filhos de outro animal [...]”.

Tem-se então, que o valor de uma DEP prediz a habilidade de transmissão de um(a) reprodutor(a). Por exemplo, considerando que a DEP de um touro A é de 20 Kg, e a DEP de um touro B é de 10 Kg para a característica de peso à desmama. Então a diferença do touro A para o touro B é de 10 Kg à desmama. Portanto isto indica que se espera que os filhos do touro A possuam diferença de 10 Kg a mais do que os filhos do touro B e que os filhos do touro A possuem 20 Kg à mais que a base genética da avaliação. Estas diferenças são o reflexo dos valores genéticos no quesito peso à desmama que serão produzidos por touro (POLLAK, 1992). Com relação ao valor da DEP, este pode ser positivo ou negativo em relação à base genética. A base genética pode ser a média do rebanho ao qual o animal pertence. Portanto, quando o animal possui DEP de uma determinada característica mensurável, acima da média da base genética, seu valor será positivo, caso contrário negativo (CARDOSO, 2009).

Existem diversas características fenotípicas que são avaliadas e mensuradas utilizando-se a DEP, como por exemplo: Peso ao nascer; Peso à Desmama; Tamanho do Umbigo; Pigmentação Ocular; Estrutura Corporal; Perímetro Escrotal ao Sobreano, entre outras específicas para cada raça, onde a característica avaliada pode ser um critério para seleção. E para cada uma delas em cada avaliação realizada, pondera-se um valor de acurácia. Posteriormente, a acurácia é publicada nos relatórios (sumários) juntamente com a DEP, e reflete a quantidade de informações disponíveis no momento da avaliação (POLLAK, 1992). Além disso, a medida da acurácia recomendada pela BIF (*Beef Improvement Federation*) baseia-se na minimização da variância do erro de predileção. E pode variar de 0% a 100%, ou de 0 a 1, sendo que quando a acurácia é baixa, ou seja, quanto mais próximo de zero se encontra, indica que a DEP foi obtida com pouca quantidade de informação. Porém, quanto maior for a acurácia, pressupõe-se que a quantidade de informação utilizada no cálculo tenha sido considerável (ALBUQUERQUE et al., 2011). Assim, para Bergmann (2001), a variabilidade da acurácia reflete a segurança da informação utilizada:

Quanto mais próximo de 100%, melhor a acurácia, maior segurança no valor estimado da DEP. A interpretação desta segurança, ou acurácia BIF, pode ser também vista em termos de redução da incerteza associada à estimativa da DEP de determinado animal proporcionada pela informação disponível. Desta forma, uma acurácia de 0,20, por exemplo, significa que apenas 20% da incerteza, ou risco, associado àquela DEP foi removido pela informação disponível. (BERGMANN, 2001, p.4)

Outros conceitos são igualmente importantes no contexto de avaliação por utilização de DEP são eles: A DEP Materna, expressa somente nas fêmeas, que são referências às características e são influenciadas maternalmente, por exemplo, produção de leite; a DEP Materna Total que é uma diferença esperada no desempenho total da futura progênie das filhas de um reprodutor que devido à sua bagagem genética transmitiu estas para suas descendentes; a DEP interina que é calculada para animais jovens onde os valores das DEPs de seus pais e de sua própria performance são utilizados para estimativa de sua progênie, uma vez que ela ainda não existe, sendo a acurácia deste tipo de DEP extremamente baixa; a DEP de Pedigree, que é estimada como a média das DEPs do touro e da vaca, ou seja, a DEP do animal jovem é igual a $\frac{1}{2}$ DEP do touro e $\frac{1}{2}$ DEP da vaca, podendo ainda ser estimada, caso só existam informações do touro, utilizando-se $\frac{1}{2}$ DEP do touro e $\frac{1}{4}$ DEP do avô materno sendo que esta DEP de pedigree é inferior a DEP interina por não utilizar nem mesmo a desempenho do próprio animal jovem (BRINKS, 2013; ROSA et al., 2013). É importante ressaltar que em programas genéticos onde os touros jovens são utilizados sem uma acurácia relevante de suas DEPs, quando verificado algum defeito genético em suas progênies, ou uma “DEP real” muito inferior o que se havia estimado, este animal e seus produtos podem ser eliminados do rebanho, já que ainda representam , provavelmente, uma parcela pequena de animais (ROSA et al., 2013).

2.5 Melhoramento animal baseado em DEPS

Não basta calcular e analisar os valores DEP, é necessário utilizá-los em simulações e aplicações reais de melhoramento genético. Mesmo sendo de fácil interpretação na prática, pelo fato de existirem inúmeras características avaliadas, bem como a mudança da base genética ao longo do processo, é difícil saber

rapidamente se um animal possui DEP boa ou ruim. Por este motivo foram incrementadas classes de percentil. Os percentis formam os limites a cada 1% de um grupo de valores. Onde se tem que, a classe dos animais ranqueados a 1%, denomina-se como os 1% melhores animais da avaliação, ou seja, são considerados os animais como TOP 1%. Do mesmo modo, têm-se os animais ranqueados como parte dos 15% melhores, dos 20% melhores e assim sucessivamente, de maneira a mostrar para quem estiver realizando a análise dos índices que estes animais se destacam dentre os demais da avaliação, no conjunto de todas as características do programa de melhoramento. Este tipo de medida minimiza a discriminação entre os animais, pois em cada grupo de percentil, inúmeros animais fazem parte (ROSA et al., 2013).

Em suma, são realizadas duas etapas de avaliações dos animais pertencentes aos programas de melhoramento genético, uma delas à desmama e outra pós desmama, onde, juntamente com os dados de análises de parentescos (matriz BLUP) são gerados os valores genéticos para cada característica (DEP), com objetivo de mensurar as vantagens que estes animais poderão significar na reprodução dos rebanhos dos adquirentes. Então, de posse dos objetivos de seleção, dos valores de DEP dos animais avaliados, e dos percentis para o conjunto de características da raça, o produtor irá buscar a utilização de touros e matrizes geneticamente superiores para as características que deseja incluir, manter ou melhorar em seu rebanho. Por exemplo, se o produtor deseja utilizar a monta de touros, ou sêmen, em suas vacas/novilhas, o mesmo deverá proceder com a análise dos relatórios (sumários) em busca de animais com as características desejadas, como: baixo peso ao nascer (característica desejada para acasalar com novilhas, onde a fácil parição é importante para não prejudicar a primeira produção); pigmentação ocular (característica importante para Hereford, pois estes possuem graves problemas oculares); perímetro escrotal (característica avaliada por produtores de touros, ou seja, a busca por predileção de produtos com precocidade reprodutiva); levando em consideração a proximidade sanguínea entre os animais (consanguinidade).

Com o intuito de proporcionar disseminação e utilização das informações de avaliações genética dos animais, os núcleos, associações e empresas participantes dos programas de melhoramento genético, produzem os relatórios anuais, conhecidos como Sumários de avaliações das raças. Conforme dissertado, a

intenção destes relatórios é oferecer indicativos de valores genéticos dos animais para serem utilizados pelos produtores.

2.6 Sistemas de acasalamento (endogamia, cruzamento, compensatórios)

Acasalamento é o ato de combinar reprodutor (macho) e matriz (fêmea) com o objetivo de produzir novos animais, podem ser realizados ao acaso ou direcionados. Os acasalamentos efetuados ao acaso oferecem iguais chances de reprodução a todos os animais “pré-selecionados” (machos e fêmeas), já o acasalamento direcionado tende a selecionar indivíduos que possam de alguma maneira propiciar o ganho genético e econômico no seu resultado (prole). Em termos gerais pode-se considerar o acasalamento real, ou seja, a própria reprodução através do ato sexual, ou através de outras técnicas como a inseminação artificial, fertilização *in vitro* e transferência de embriões. Assim, o acasalamento consiste da ferramenta indispensável na busca pelo melhoramento genético do rebanho, quando direcionado em sentido oposto a endogamia. As principais formas de acasalamento são (CARDOSO, 2009):

Acasalamento de semelhantes: A combinação dos melhores machos com as melhores fêmeas, ou dos piores machos com as piores fêmeas, é utilizada na prática quando a população do rebanho não possui proporções de tamanho significativo. Em resumo, os semelhantes genéticos (melhores ou piores) são combinados entre si;

Acasalamento compensatório: A escolha de animais que possuem diferenças genéticas irá incidir em compensação das características no seu produto (prole), por exemplo, acasalar touros grandes com vacas pequenas ou vice-versa, tende a contribuir na formação de animais homogêneos de tamanhos médios;

Acasalamento endogâmico: Consiste em acasalar animais com parentesco, ou seja, que possuem algum ancestral em comum, gerando assim produtos consanguíneos. A consanguinidade foi utilizada expansivamente no princípio do processo de padronização das raças a fim de fixar os biótipos, porém muitos são os efeitos negativos deste tipo de acasalamento em programas de melhoramento

genético, assim o controle deste deve ser permanentemente monitorado conforme discorre Rosa et al. (2013):

O controle da consanguinidade é feito evitando o acasalamento de parentes. A partir do conhecimento do pedigree, o parentesco entre todos os animais é calculado e se impõe limites ao nível máximo de parentesco dos animais que estão acasalando. Na prática, o limite vai depender da população que se está trabalhando, mas um nível razoável é evitar o acasalamento de animais que tenham pelo menos um avô em comum o que resulta em 6,25% de parentesco ou 3,125% de consanguinidade. A endogamia ou consanguinidade tem por efeito principal o aumento da homozigose, que leva a perda de vigor dos animais, principalmente para características reprodutivas, reduzindo o número de animais produzidos e a economicidade da atividade; aumento da taxa de aparecimento de defeitos genéticos relacionados a genes com alelo recessivo deletério, o que pode aumentar muito a taxa de descarte involuntário e facilitar a perda aleatória de alelos por amostragem, levando ao esgotamento da variabilidade sem que ela seja explorada para obtenção de ganho (ROSA et al., 2013, p.162).

Acasalamento para cruzamento: É utilizado no acasalamento entre animais de raças distintas. Comumente utilizado na produção comercial com intuito de catalisar o “valor-híbrido” das características complementares raciais. A chamada heterose tem efeito positivo no tocante às características econômicas, como por exemplo: sobrevivência de terneiros (cria), taxas de crescimento e habilidade materna. Por exemplo, em um cruzamento entre as raças Angus e Charolês, onde a primeira possui média de peso a desmama de 160 Kg, e a segunda média de 180 Kg, a média da cruz destes exemplares de raça tende a fornecer um terneiro (produto) com média a desmame de 170 Kg.

2.7 Programa PampaPlus

O programa PampaPlus de avaliação e melhoramento genético disponibilizado pela ABHB, visa medir, calcular, analisar e disponibilizar informações de relevância econômica aos seus associados e interessados no programa de melhoramento referente aos animais avaliados. Com intuito de facilitar o acesso as informações pertinentes do programa, o mesmo possui ferramenta online de consulta aos relatórios (sumários) das avaliações realizadas na população Hereford e Braford participantes do programa de melhoramento, intitulado PampaPlusNet (www.pampaplusnet.com.br). As avaliações genéticas do programa de

melhoramento são realizadas através do LABEGEN (Laboratório de Bioinformática e Estatística Genômica da EMBRAPA Pecuária Sul) e do programa de melhoramento GENEPLUS. A filosofia do PampaPlus é a integração plena entre os participantes no compromisso de promover o melhoramento genético e seleção de animais (CARDOSO; LOPA, 2015).

Durante o processo de cálculo dos valores genéticos dos animais são realizadas análises de consistência dos dados a fim de minimizar os erros de inserção e coleta, sendo, inclusive, tratados os valores discrepantes. A avaliação genética utiliza a metodologia de Modelos Mistos, sendo adotado o Modelo Animal considerando múltiplas características. Assim os dados de desempenho do próprio animal e de seus parentes são considerados no cálculo do valor genético (CARDOSO; LOPA, 2015; ROSA et al., 2013). Também são considerados os dados de efeitos ambientais, como por exemplo, o manejo. Com isso é possível realizar avaliação dos animais e comparar os seus desempenhos em diferentes rebanhos e condições de manejos, além de comparações entre diferentes gerações de animais. A característica “âncora” com a qual todas as demais características são avaliadas em conjunto, é o peso a desmama, o que permite através de associações genéticas, aumentar a precisão das avaliações. Para realizar as estimativas de avaliação é utilizado o programa REMLF90 (CARDOSO; LOPA, 2015; ROSA et al., 2013).

No que tange à qualidade das avaliações, a formação de grupos contemporâneos, onde são considerados animais de mesma raça, rebanho, ano-estação nascimento, sexo e que tenham sido criados sob o mesmo regime alimentar, bem como a formação de grupos de manejo, que tenham sofrido as mesmas interferências e influências de gestão, como por exemplo, taxa de lotação, disponibilidade de forrageiras, restrições alimentares e sanitárias, são essenciais para obtenção das informações que serão utilizadas nos cálculos das características reprodutivas, de crescimento, morfológicas e de carcaça, alvos da seleção PampaPlus (CARDOSO; LOPA, 2015; ROSA et al., 2013).

Para realizar as avaliações são obtidas medidas objetivas e de escores visuais as quais são coletadas nas propriedades por técnicos treinados e capacitados da ABHB. Estas medidas podem ser obrigatórias ou opcionais, sendo que as medidas obrigatórias são essenciais para a definição das DEPs e do Índice de Qualificação Genética PampaPlus (IQG), já as medidas opcionais são utilizadas para mostrar outras características importantes das raças que não entram no cálculo

do índice PampaPlus, e sim no índice Pampaplus Ampliado, geralmente utilizado por criatórios que possuem um nível avançado no controle do manejo e seleção de animais e buscam por melhoria de características adicionais dos rebanhos (CARDOSO; LOPA, 2015).

As medidas objetivas obrigatórias são: peso ao desmame, peso ao sobreano, perímetro escrotal ao sobreano, Data de todos os partos de todas as fêmeas, sendo estas informações de obtenção métricas ou documental. Já as medidas obrigatórias de escores visuais as quais o técnico deverá ponderar os escores através da comparação dos animais contemporâneos e com base nas características estipuladas para a raça são: Escore de Musculatura (de 1 a 5), Escore de Estatura (de 1 a 5), Características Raciais (de 1 a 3), Aprumos e locomoção (de 1 a 3), Características Sexuais secundárias (de 1 a 3). Além das medidas objetivas e de escore visuais obrigatórias, o programa realiza a obtenção das medidas objetivas e de escores opcionais sendo as objetivas: Peso ao nascer, Peso da vaca ao desmame, Assistência ao parto, Área de olho de lombo (AOL), Espessura de gordura subcutânea (EG), Espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8), Gordura intramuscular (IM), Altura da Garupa ao sobreano. E as de escore visuais: Escore de estrutura corporal, Escore de condição corporal, Tamanho do umbigo, Pigmentação e proteção ocular (CARDOSO; LOPA, 2015).

2.7.1 Índice de Qualificação Genética PampaPlus (IQG)

O IQG é um valor de cunho classificatório, que agrega a contribuição genética de um animal nas características escolhidas para a seleção, através da ponderação das importantes contribuições de cada característica. A importância da característica e conseqüentemente impactante no cálculo do IQG é segmentado em características produtivas (Total Maternal a desmama 30%, Ganho Pós Desmama 15%, Peso ao Sobreano 15%, Escore de Musculatura 12,5%, Escores de Estatura 12,5%) e características reprodutivas (Perímetro Escrotal 15%). Já o índice Ampliado é segmentado nas seguintes ponderações: (Total Maternal a Desmama 15%, Ganho Pós Desmama 15%, Peso ao Sobreano 10%, AOL ao Sobreano 10%, EGS ao

Sobreano 10%, Escore de Musculatura 10%, Escores de Estatura 0,5%, Escore de Estatura Corporal 0,5%) e características reprodutivas (Perímetro Escrotal 10%, Intervalo de Partos 10%). Em síntese, o IQG resume em um único valor as qualidades do animal, classifica as características importantes e foi estipulado de acordo com os objetivos a serem alcançados no melhoramento (CARDOSO; LOPA, 2015).

2.7.2 Portal PampaPlusNet

O portal online do programa de melhoramento desenvolvido em linguagem PHP e banco de dados Mysql, disponibiliza aos participantes PampaPlus e demais interessados, diversas opções relevantes de compartilhamento de informações. Algumas destas opções são:

- Consultar todos os dados de animais de sua propriedade;
- Gerar catálogo, em formato PDF ou Excel, de animais pré-selecionados em que o criador escolhe quais DEPs deseja apresentar;
- Cadastrar os Comunicados de “Cobertura das Fêmeas por Estação de Monta”, de sua propriedade, junto a ABHB;
- “Ativar” touros pais ou mães doadoras para torna-los disponíveis no cadastro de coberturas;
- Cadastrar grupos de reprodutores múltiplos junto a ABHB e torná-los disponíveis no cadastro de coberturas;
- Cadastrar receptoras de sua propriedade registradas ou não;
- Cadastrar os “Comunicados de Nascimentos” dos produtos perante a ABHB tornando-os imediatamente disponíveis para cadastro das avaliações fenotípicas à desmama e/ou ao sobreano;
- Cadastrar as avaliações fenotípicas realizadas ao Desmame e ao Sobreano dos animais que possuem registro genealógico, também daqueles que não se enquadram para registro ou mesmo aqueles que ainda não foram registrados;

- Consultar protocolos de cadastramento, consultar ou ativar touros pais ou mães doadoras;
- Consultar Sumários de touros ou touros jovens on-line, onde constam as DEPs de todos os touros avaliados no PampaPlus.

Assim, pode-se visualizar nas imagens capturadas das telas do sistema PampaPlusnet algumas características deste sistema. Na Figura 4, o login de acesso é obrigatório para algumas funcionalidades, embora o acesso ao Sumário Online seja gratuito e sem necessidade de perfil. Na Figura 5 é possível notar botões e caixas de seleção que proporcionarão filtros no sumário, onde o proprietário poderá consultar as características dos animais. Assim, na Figura 6 visualizam-se destacadamente as características de um exemplar selecionado na listagem do sumário. As seguintes legendas são importantes para análise dos dados das avaliações no sistema: **PN** = Peso ao Nascer, **PDd** = Peso ao Desmame, **PDM** = Peso Desmame Materno, **TMD** = Total Materno, **PS** = Peso ao Sobreano, **GPD** = Ganho Pós-Desmama, **PMD** = Peso da Mãe ao Desmame, **PES** = Perímetro Escrotal, **MSC** = Musculatura, **EST** = Estatura Corporal, **CRP** = Estrutura Corporal, **CVD** = Condição Corporal da Vaca ao Desmame, **UMB** = Tamanho do Umbigo, **POC** = Pigmentação Ocular. - **AC** – Acurácia.

Figura 4 – Tela de login sistema PampaPlusnet



Fonte: PampaPlusnet (2018).

Figura 5 – Tela de listagem de animais do sistema pampaPlusnet

Sumário On-line - Novembro/2017

Para realizar buscas no sumário digite o valor desejado nos campos acima de cada coluna, para obter mais informações sobre comandos avançados clique aqui.

Selecione as opções abaixo para visualizar diferentes informações sobre os animais:

Animal Passo Crescimento Pós-Desmama Avaliação Visual

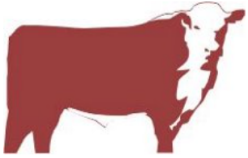
Registro	Tatuagem	Nasc	Nome	Estabelecimento	Raça	Livro	GS	NReb	NF	IQG	%	Tat Pai	Nome Pai	Tat Mãe	Nome Mãe
236983	M059	2013	DO BOLSO M059	ESTANCIA DO BOLSO	PH	PC		2	39	3,6	0,1	X3605	PALENQUERO DOMINANTE 117	H08	DO BOLSO H08
170551	L231	2009	RECLUTA L231 PATRIOTA	RECLUTA	PH	PC		9	306	2,8	0,5	F41	RECLUTA F41	G017	RECLUTA G017
232107	7885	2008	SÃO FERNANDO TORO 7885	SAO JOAQUIM	PH	PO		2	35	2,5	1,0	6	SANTA INES TORO 6 8190	8452	SÃO FERNANDO BEAUTY C8452
233362	2973	2008	MAUÁ RELEASE DO PONTAL 2973	MAUÁ	PH	PO		2	13	2,5	1,0	1961	MAUÁ RELEASE DO PONTAL 1961	A128	MAUÁ WREATH A128
138789	A50	2001	DO BOLSO A50	ESTANCIA DO BOLSO	PH	PC		2	29	2,3	1,0	829	CB BOLSO KEYNOTE 829	P69	DO BOLSO P69

© 2016 Laboratório de Bioinformática e Estatística Genômica

Fonte: PampaPlusnet (2018).

Figura 6: Tela de detalhamento de animais PampaPlusnet

Animal - Avaliação Novembro/2017



Tatuagem: M059	Gênero: M
Nascimento: 13/07/2013	Raça: Hereford Mocho
Livro: PC	Registro Def.: 236983
Grau de Sangue:	Nome: DO BOLSO M059

Pai: EST-IA-511 PALENQUERO DOMINANTE 117
Mãe: PC - Puro Controlado-165500 DO BOLSO H08

Número de reb. c/ filhos: 2 Número de filhos avaliados: 39

• Genealogia • Descendentes

DEPS							
Info	DEP	AC	%	Info	DEP	AC	%
PN (Kg)	0,18	39,0	65,0	PMD (Kg)	7,51	86,0	
PDd (Kg)	10,36	47,0	0,1	PES (cm)	0,20	25,0	24,0
PDM (Kg)	-0,96	16,0	67,0	MSC (1-5)	0,20	39,0	7,0
TMD (Kg)	4,23	-	4,0	EST (1-5)	0,04	40,0	40,0
PS (Kg)	23,61	41,0	0,1	CRP (1-5)	0,13	38,0	11,0
GPD (g/d)	18,25	24,0	0,1	CVD (1-5)	0,04		24,0

Valores Fenotípicos para Escores
Características Raciais: 3,00
Aprumos e Locomoção: 3,00
Características Sexuais: 3,00
Índice Geral: 3,56 0,10%

Fonte: PampaPlusnet (2018).

Assim, o produtor que deseja melhorar seu rebanho em aspectos genéticos, deve utilizar-se dos sumários disponibilizados através do sistema online PampaPlus.

2.8 Computação evolucionária

Os Algoritmos Evolucionários (EA – *Evolutionary Algorithm*), propostos primeiramente por J.D Bagley em 1967, são inspirados e modelados com base no processo da evolução natural das espécies Darwiniana e apoiados pelos conceitos genéticos de Mendel. Em seu livro “A Origem das Espécies”, Charles Darwin [1859] (2003) comenta que, quanto melhor um indivíduo se adaptar ao seu meio ambiente,

maior será a sua chance de sobreviver e por isso gerar mais descendentes que os menos adaptados.

Os Algoritmos Evolucionários foram aplicados com sucesso no reconhecimento de padrões, redes neurais, processamento de imagens, controle industrial, ciência biológica entre outros. Tanto os algoritmos evolucionários quanto a inteligência artificial são tidos pelas pessoas como as principais tecnologias computacionais do futuro (TANG, 2017). Conforme Von Zuben (2000), os EA são empregados em diferentes áreas da ciência moderna:

Conceitos de computação evolutiva têm sido empregados em uma variedade de disciplinas, desde ciências naturais e engenharia até biologia e ciência da computação. A idéia básica, surgida nos anos 60, é aplicar o processo de evolução natural como um paradigma de solução de problemas, a partir de sua implementação em computador. [...] A vantagem mais significativa da computação evolutiva está na possibilidade de resolver problemas pela simples descrição matemática do que se quer ver presente na solução, não havendo necessidade de se indicar explicitamente os passos até o resultado, que certamente seriam específicos para cada caso. É lógico que os algoritmos evolutivos correspondem a uma seqüência de passos até a solução, mas estes passos são os mesmos para uma ampla gama de problemas, fornecendo robustez e flexibilidade. (VON ZUBEN, 2000, p.2)

Ademais, são algoritmos de buscas heurísticas pertencentes à área da Inteligência Artificial. Basicamente seu funcionamento requer a criação de populações de indivíduos, também chamados de cromossomos, que sofrem operações de manipulações genéticas como a mutação e a recombinação quando da criação de novas gerações de indivíduos oriundos da seleção de pais e acasalamentos virtuais. O funcionamento básico dos EA consiste em localizar nas populações, soluções representadas por indivíduos, que possuam as melhores qualidades com foco na resolução do problema, repetindo o processo e combinando com outras soluções até alcançar uma ainda melhor para satisfazer o enigma. Em resumo, os EA são técnicas de buscas aleatório-guiadas, que possuem componentes de aleatoriedade, porém dependem do status atual da solução para guiar para as próximas interações. A aplicação deste tipo de algoritmo é indicada na solução de problemas onde o tempo computacional para executar um algoritmo específico seja exponencialmente inviável na obtenção da solução ideal. Assim, algoritmos que utilizam técnicas heurísticas não garantem a solução ideal, mas, geralmente encontram boas soluções em tempos computacionais razoáveis (LINDEN, 2012).

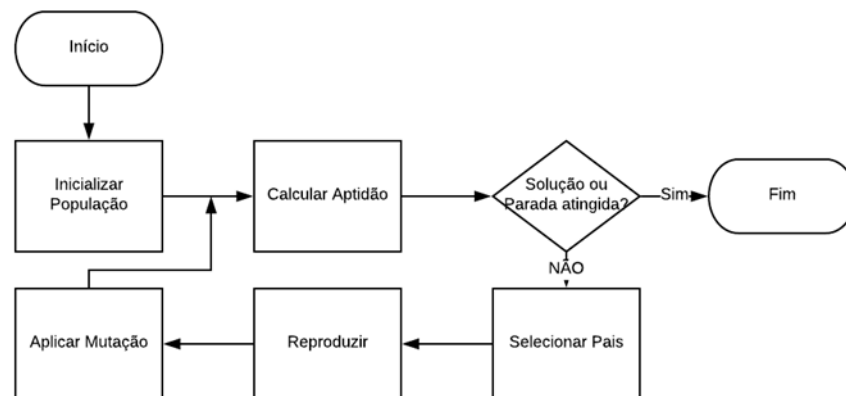
Ainda, dentro dos ramos da computação evolutiva, encontram-se distintas técnicas como as Estratégias Evolucionárias, Algoritmos Genéticos e a Programação Genética. Os Algoritmos Genéticos (AG) utilizam a heurística de otimização global, então, não permanecem retidos em soluções chamadas de mínimos locais como nos métodos de gradiente (*hill climbing*) por exemplo. Já os algoritmos utilizados pelas técnicas de Estratégias Evolucionárias, possuem funcionalidades indicadas para solução de problema de otimização numérica. Há ainda a Programação Genética, a qual consiste na iniciativa de tentar fazer com que os próprios programas evoluam através da autoconfiguração e autocriação na busca para resolver alguma questão que lhe é atribuída, produzindo assim inteligência de máquina em nível humano (LINDEN, 2012).

2.8.1 Algoritmos Genéticos

Por serem inspirados pela teoria da evolução, os algoritmos genéticos mantêm uma população de soluções, chamados indivíduos e preconizam que os mais aptos devam gerar descendentes, sem, contudo, descartar os indivíduos menos aptos. Para tanto, os cromossomos são formados por diversos genes, semelhante a um vetor, onde cada gene representa o valor de uma determinada característica daquele indivíduo tornando-o uma solução candidata para solução do problema. O valor constante no gene é similar a um alelo da ciência natural. Os indivíduos são classificados com base em suas características onde são aplicadas funções de aptidão que irão ranquear os indivíduos em mais ou menos apto para solução do problema. Após, são selecionados através de alguma técnica randômica ponderal, que irá escolher os indivíduos que serão os pais das novas gerações. Os indivíduos resultantes desta seleção passam pelo processo de crossover ou recombinação, o qual identifica quais genes do pai e quais genes da mãe o indivíduo filho irá herdar (o resultado da combinação de dois indivíduos pais, gera, utilizando AG básico, dois novos indivíduos filhos), podendo ainda, sofrer mutação, com probabilidade definida pelo programador, o que poderá melhorar ou piorar o indivíduo como um candidato a solução do problema (LINDEN, 2012).

Para Akachukwu (2014), a definição correta dos cromossomos e da função de avaliação também chamada de *fitness* é de vital importância, pois, os cromossomos são representações abstratas das soluções candidatas, assim a função de avaliação quantifica o desejo de solução. A arquitetura básica de um algoritmo genético pode ser visualizada na Figura 7, onde se verifica que a partir da criação da população inicial, existem mecanismos que buscam a convergência à indivíduos mais adaptados para resolução do problema. Para cada indivíduo desta população inicial aplica-se a classificação de aptidão com base em uma função-objetivo que irá selecionar os indivíduos a participarem do processo de otimização. Este processo de otimização em algoritmos genéticos refere-se a aplicação de métodos baseados na evolução natural sexuada, onde o pseudo-acasalamento irá gerar novos indivíduos e aplicar sobre eles a recombinação genética e a mutação probabilística gerando assim uma nova geração à ser submetida ao *looping* algorítmico até um momento determinado de parada (GONDRO; KINGHORN, 2008).

Figura 7: Arquitetura básica do Algoritmo Genético.



Fonte: Autor (2019)

2.8.1.1 Representação de Indivíduos

A representação do indivíduo de um algoritmo genético é vital para obtenção da solução de um problema. Esta abstração consiste na tradução do problema real em um modelo computacionalmente factível de solução. A representação do

cromossomo é semelhante a um vetor, onde cada posição deste vetor é indivisível e pode ser chamada de gene, em analogia a um cromossomo biológico. O conteúdo de cada gene pode ser do tipo binário, real, strings ou qualquer estrutura que possa representar o problema computacionalmente, porém, para cada tipo de informação constante nos genes, incorrerão em funções diferentes de tratamentos quando da realização das funções de aptidão e operações genéticas. A seguir alguns exemplos destas representações, inclusive a visualização de tamanhos distintos de cromossomos (LINDEN, 2012):

- Representação binária para 8 características (genes):

1	0	1	0	1	1	1	0
---	---	---	---	---	---	---	---

- Representação real para 5 características (genes):

0.5	1.8	2.2	1.0	2.0
-----	-----	-----	-----	-----

- Representação listas para 3 características (genes):

R1	R2	R3
----	----	----

2.8.1.2 Funções de Avaliação

Também referenciada como função de aptidão, imprime sobre os indivíduos cálculos avaliativos de suas representações como solução ao problema. As funções de avaliação devem ser próprias para cada solução de problema, uma vez que irão determinar a qualidade do resultado da busca (LINDEN, 2012). Por exemplo, na busca de um valor de x em uma equação, a função de avaliação deverá ser tal qual a própria função de x , testando o quão um indivíduo está apto ou não para assumir a posição de x na função. Assim, aqueles indivíduos classificados como relevantes para obtenção da solução, serão submetidos ao processo de seleção. Um exemplo de função de avaliação onde se busca um valor para x na obtenção de um resultado da equação igual (=) a 20 seria pode ser visualizado na Figura 8.

Figura 8 - Exemplo de função de aptidão.

```
#função de aptidão
f <-function(x)
{
  #equação 2 * x + 5 = 20
  resultado = 2 * x + 5

  if (resultado > 20)
    return (20 - resultado)
  else
    return (resultado - 20)
}
```

Fonte: Adaptado de LINDEN (2012, p.58)

2.8.1.3 Seleção de Pais

Com base na função de aptidão, cada cromossomo recebe um valor classificatório, ou valor de *fitness*, e com base neste valor terá mais chances de ser escolhido para criar novos indivíduos através do acasalamento virtual. Supondo um cromossomo de 8 genes, onde cada gene represente uma característica, poderá ser criada uma função de avaliação com ponderações de pesos para cada característica, afim de maximizar a obtenção dos melhores indivíduos, assim a função de *fitness* irá classificar com base nesta função de aptidão a ordem de mais ou menos apto a resolução do problema. Para realizar a seleção estocástica, podem ser utilizadas várias técnicas de seleção, como a roleta viciada, o torneio, a seleção uniforme, o ranking, entre outras, que deverão ser escolhidas conforme a otimização do problema requisitar (LINDEN, 2012).

Seleção por Roleta Viciada:

Na seleção por roleta viciada cada cromossomo recebe um % (percentual) de uma roleta virtual que será girada para cada seleção de parceiros, o que, estatisticamente irá prover aquele indivíduo mais relevante, maiores chances de gerar descendentes e assim os indivíduos mais aptos vão formar, em sua maioria, as novas populações de indivíduos candidatos à solução do problema (LINDEN, 2012).

Na Tabela 1 os cromossomos representados por uma sequência de bits, recebem uma avaliação da função de aptidão e após recebem uma fatia da roleta proporcional a sua vantagem da avaliação.

Tabela 1 - Exemplo de aptidões de indivíduos para seleção por roleta viciada

CROMOSSOMO	AVALIAÇÃO	PEDAÇO DA ROLETA (%)
10010111	7	20,6
01101111	1	2,9
10101010	26	76,5
TOTAL	34	100

Fonte: Autor (2019)

Seleção por torneio:

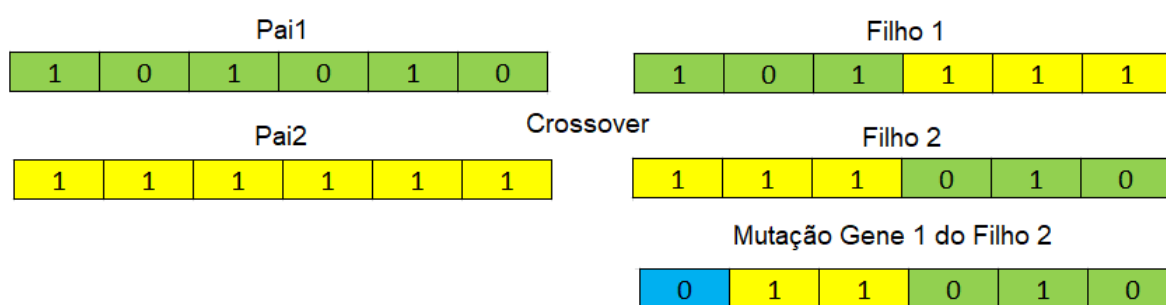
Assim como na seleção por roleta viciada, a seleção por torneio utiliza os valores classificatórios da função de aptidão para, em confrontos entre os indivíduos, selecionar o melhor dentre a competição instituída. Podem ser realizadas competições entre dois ou mais indivíduos, podendo ainda, já que os indivíduos serão pareados/chaveados através de função randômica, que o mesmo indivíduo seja selecionado para ser ambos competidores. Cada torneio seleciona 1 (um) dos pais de cada crossover que será realizado (LINDEN, 2012).

2.8.1.4 Operações de Crossover e Mutação

Assim como na natureza, e sendo baseada nela, os algoritmos genéticos aplicam a recombinação de genes e possíveis perturbações, chamadas de mutações de forma probabilística. Então, após a seleção dos pais, os filhos são formados por partes dos genes da “mãe” e partes dos genes do “pai”. Alguns genes são selecionados e submetidos a probabilidade de mutação, ou seja, após a recombinação ou crossover, de forma probabilística um determinado gene será submetido a mutação, e caso ocorra, seu valor será alterado. Se o valor do gene for binário igual a 1 e a mutação for determinada para aquele filho, este gene terá seu valor alterado para 0. Isto pode melhorar ou piorar sua condição para resolução do

problema, mas somente será descoberto ao final da execução do algoritmo. Com exemplo a seguir, visualizado na Figura 9, tem-se a recombinação de 2 filhos e a mutação de 1 gene através de função probabilística. Neste exemplo binário quando um gene é marcado para permutação recebe um valor que está dentro do domínio das possibilidades, neste caso 0 ou 1 (LINDEN, 2012).

Figura 9 – Exemplo *crossover* e mutação de um AG



Fonte: Autor (2019)

2.8.1.5 Elitismo

O elitismo é um método utilizado para garantir que uma porção de determinados indivíduos superiores se mantenham nas próximas gerações, assim as melhores soluções com base nas funções objetivas de adaptação são mantidos e com isto garante-se que na geração de novos indivíduos os mesmos devam ser superiores aos indivíduos de outras gerações. No conceito básico dos algoritmos genéticos, uma a população original não é mantida, somente a nova população, e assim as gerações ancestrais tendem a não participar das novas gerações. O elitismo proporciona a manutenção dos melhores indivíduos de cada população. Este método pode ser utilizado, mas não é obrigatório (LINDEN, 2012).

2.8.1.6 Steady State

Dependendo da abstração do problema e da especificação cromossômica, faz-se necessária a manutenção de todos os indivíduos das populações ancestrais e das novas populações, para garantir esta aplicabilidade, assim como no mundo real, existe a possibilidade de manter todos indivíduos, sendo um dos pontos interessantes do *steady state* que os pais possam cruzar com os filhos recém gerados. Podendo ainda, em determinadas aplicações eliminar os pais inferiores aos filhos. Este conceito de *Steady state* pode incorrer em grandes populações e comprometer o tempo de execução do algoritmo (LINDEN, 2012).

2.8.1.7 Convergência Genética e condição de parada

Após a geração das novas populações, é a verificação da condição de parada do algoritmo, que pode se dar por interações, tempo ou por atingir determinado resultado. A convergência genética deve ser realizada para avaliar se ocorreu alguma alteração que represente distintas soluções para o problema. Em termos gerais, pode ser realizada na obtenção do somatório das funções de adaptação onde poderá ser verificado se ocorreu melhora ou não na avaliação dos indivíduos com relação a sua capacidade de resolução do problema. E, assim determinar o encerramento do *looping* do algoritmo (LINDEN, 2012).

2.9 Relatos da computação evolutiva

A computação evolutiva é utilizada em diversas áreas do conhecimento, principalmente pelo fato de ser uma técnica de busca global e possuir métodos com base na evolução das espécies que propicia a resolução de problemas mono e multi objetivos.

Fonseca e Fleming (1995) ilustram em seu trabalho a possibilidade de mudanças simples em métodos dos Algoritmos Genéticos para explorar múltiplos objetivos com mínimo de esforço. Resumiram em suas conclusões que os AG são poderosas ferramentas na resolução deste tipo de problema.

Já Ting e Büning (2003), relatam que existe a possibilidade de ajustes nos cruzamentos dos cromossomos dos AG proporcionando uma convergência diferenciada quando se utiliza ao invés de um par de indivíduos pais, multi – pais, aplicando a técnica chamada de crossover diagonal.

No trabalho de Das et al. (2005), é proposto um esquema de ajuste de parâmetros dinamicamente ao longo da execução do algoritmo de Diferencial Evolutivo (DE) que compara as soluções, produto de cruzamentos entre cromossomos pais, e substitui estes na nova população de acordo com a função de otimização. Ainda, foram aplicados dados “ruidosos” e realizada a investigação da dinamicidade de auto ajustes dos algoritmos, onde foram constatadas que ao longo das gerações os ruídos são repassados para as funções de *fitness*, e, eventualmente o DE perde sua precisão e velocidade de convergência.

Para Das et al. (2009), a DE é conhecida como um esquema simples e eficiente de otimização global de espaços contínuos. Descreve neste artigo uma gama de variantes que podem ser melhoradas em um DE, afim de propiciar ajustes e evitar a convergência prematura e lenta que podem existir em determinadas aplicações da técnica.

Em Othman e Abdel-Azim (2012) é proposto um algoritmo híbrido baseado em algoritmos genéticos, utilizando estratégias de seleção e crossover não clássicas, onde alguns espaços do cromossomo candidato é preenchido através permutação de genes e não somente através de crossover. Os resultados deste trabalho indicaram possível convergência para solução local somente, porém podendo encontrar a melhor solução local.

No trabalho de levantamento sobre a utilização de algoritmos genéticos para diagnóstico de doenças de Sindhiya e Gunasundari (2014), vários trabalhos relacionados à utilização de AG combinados a técnicas de aprendizado de máquina são comentados, onde se percebe a relevante significância desta técnica de busca em grandes representações de dados. Na Tabela 2 encontram-se resumidas as técnicas e resultados obtidos dos trabalhos revelados.

Tabela 2 - Resultados de acurácia com a utilização de AG na detecção de doenças.

Autor / Ano	Doença	Técnica	Banco de Dados	Accuracia
Sidahmed Mokeddem 2013	Coronary Artery Diseases (CAD)	GA, Bayes Naive	CAD dataSet	85,50%
Nidhi Bhatla 2012	Heart	GA, Decision Tree	UCI MachineLearning	99,62%
Kerry Seitz 2012	Lung Nodule Similariy	GA	the LIDC database	86,91%
Ephzibah 2011	Diabets	GA Fuzzy Logic	Pim a Indian Dabetes	89%
Sumit Bhatia 2008	Heart	Integer Coded Genetic Algoritimic	Cleveland Heart Diseded Database	90,57%
Karegowda 2011	Diabetes	GA Black Propagation Network	UCI Repository PIM a Indian Diabet	94,60%

Fonte: Adaptado de Sindhiya; Gunasundari (2014, p.3)

Já, no levantamento sobre a utilização de AG entre 2003 e 2013 em aplicações de Engenharia Elétrica, no que tange a otimização da utilização de sistemas elétricos, realizado por Akachukwu (2014), eleva a capacidade desta técnica de otimização e busca global na resolução de problemas multi-objetivos intitulado aos AG como algoritmos de pesquisa, robusto, que permite a rápida localização de áreas de solução de alta qualidade em um espaço de pesquisa relativamente grande.

Também modelado para solucionar problemas das Ciências Agrárias, mais especificamente relacionado à previsão climática, Gumaste e Kadam (2016), desenvolveram uma solução utilizando AG e computação *mobile*, que auxilia o produtor rural na visualização da previsão climática, contribuindo para tomada de decisões pré e pós - atividade agrícola. Utilizaram como base informações climáticas entre os anos de 2010 e 2015, porém, não demonstraram resultados obtidos, provavelmente por ser uma apresentação de proposta de solução, mas, mostram graficamente os resultados pretendidos.

Razip e Zacaria (2017) publicaram interessante trabalho explorando a inicialização das populações utilizadas em algoritmos genéticos, onde, ao invés de gerar populações iniciais aleatórias, utilizaram soluções iniciais direcionadas a otimização do problema, o que demonstrou em seus estudos possuir grande probabilidade de convergência à solução já em gerações iniciais. Também é relatado neste trabalho ser esta uma iniciativa não encontrada antes na literatura pesquisada.

No que tange a complexidade de busca por resolução de problemas multi-objetivos, Zini (2009), discorre sobre o assunto indicando a capacidade dos AG em alcançar os objetivos. Cita em seu trabalho diversas técnicas aplicadas por algoritmos genéticos para alcançar os resultados como, por exemplo: VEGA (acrônimo do termo inglês Vector Evaluated Genetic Algorithm), MOGA (acrônimo do termo inglês Multiple Objective Genetic Algorithm), NPGA (acrônimo do termo em

inglês Niche-Pareto Genetic Algorithm), NSGA (acrônimo do termo em inglês Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm), NSGA-II (do inglês: Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm) entre outros. De modo geral estas técnicas se baseiam em adaptações para utilização das operações básicas dos algoritmos genéticos, ou seja, seleção, crossover e mutação.

Por fim, o reconhecido trabalho de Storn e Price (1997), o qual cria o conceito de Diferencial Evolutivo. É uma proposta de um novo método para busca global utilizando a heurística e conceitos amplamente difundidos na computação evolutiva. A metodologia utilizada indica que, caso uma solução preliminar esteja disponível, a população inicial pode ser gerada pela adição de desvios aleatórios para a solução nominal. A mutação é realizada antes do crossover e então os genes são misturados com os parâmetros de outro vetor predeterminado, o vetor alvo, para produzir o chamado vetor experimental. Se o vetor de teste produz um valor de função de custo menor que o vetor de destino, o vetor de teste substitui o vetor de destino na geração seguinte. Esta última operação é chamada seleção. Cada vetor populacional tem que servir uma vez como o vetor alvo para que inúmeras competições ocorram em uma geração. Para aumentar a diversidade dos vetores de parâmetros perturbados (mutação), o crossover é introduzido. Para decidir se deve ou não se tornar um membro da geração $G + 1$, o julgamento vetor testado é comparado ao vetor alvo usando o critério guloso. E se vetor testado produz um valor de função de custo menor que vetor alvo então é substituído, caso contrário, o vetor antigo é mantido na população.

2.10 Trabalhos correlatos

Alguns trabalhos foram encontrados em repositórios científicos combinando a computação evolucionária à seleção de animais para acasalamento com ênfase no melhoramento genético. A seguir um breve resumo destes trabalhos.

No trabalho de Carvalheiro; Queiroz e Kinghorn (2010) foi desenvolvido um programa baseado na técnica de Diferencial Evolutivo (DE) em busca da contribuição genética ótima na seleção de candidatos a reprodução. A função de aptidão utilizou dados de DEP e restrição com penalização para acasalamentos

consanguíneos. Nos resultados apresentam que o programa se mostrou computacionalmente eficiente e viável para ser aplicado na prática e as consequências esperadas de sua aplicação, em comparação a procedimentos empíricos de controle da endogamia e/ou com a seleção baseada apenas no valor genético esperado, seriam a melhora da resposta genética futura e limitação mais efetiva da taxa de endogamia. Indicando em suas conclusões que é possível usar a evolução diferencial como um método de otimização para realizar a seleção ótima de contribuição genética. O programa desenvolvido de evolução diferencial é computacionalmente eficiente e viável para aplicações práticas.

Em Kinghorn (2011), é descrito um algoritmo de seleção de acasalamento amplamente utilizado e apresenta uma extensão que possibilita a aplicação de restrições em certos acasalamentos, conforme ditado através de uma matriz de permuta de acoplamento grupal. Obtendo como resultado um algoritmo completo mais rápido do que o DE de sua publicação anterior de penalizar soluções que quebram restrições, concluindo que a velocidade do método apresentado estende o uso da seleção de parceiros e permite a implementação em programas relativamente grandes em unidades de reprodução. Na metodologia foi utilizado um componente de representação de problema que usa um vetor de números (análogo a um genótipo de multilocus) e traduz esses números para uma representação de uma solução (análoga a um fenótipo), que neste caso é uma lista de acasalamento.

Gerado ainda um componente de função objetiva que avalia cada fenótipo para calcular sua condição física análoga à aptidão seletiva. Apresentando nas palavras do autor uma vantagem chave é: o motor de otimização ser altamente desarticulado pelo próprio problema, não "conhece" ou "compreende" o problema, ele simplesmente entrega soluções candidatas, em uma forma bruta, e recebe retorno sobre o valor de cada um desses. Isso significa que o problema em si pode se tornar cada vez mais complexo, sem a necessidade de aumentar a complexidade da maquinaria de otimização. A função objetivo pode avaliar um conjunto de acasalamento completo.

As restrições de acasalamento por candidato são parametrizadas pelas variáveis: **Maxuse**: o valor máximo para o animal. Por exemplo, Maxuse = 1 acasalamento para fêmeas de acoplamento naturais, 30 acasalamentos para touros de acasalamento natural, 1.000 acasalamentos para touros de inseminação artificial; **Minuse**: O valor mínimo para o animal dado que o indivíduo será usado pelo menos

em parte. Por exemplo, se um touro deve ser selecionado para acasalamento natural, pode-se especificar um tamanho mínimo de grupo feminino de $Minuse = 15$ para esse touro, pois os grupos de acasalamento menores que este tamanho podem não ser aceitáveis para o criador; **AbsMinuse**: o valor mínimo absoluto para o animal. Isso geralmente é zero, mas pode ser configurado com valor mais alto, por exemplo, quando um criador tem um dado número de doses de sêmen disponíveis e insiste em que estes devem ser todos usados.

O algoritmo utilizado por Kinghorn (2011), intitulado Matesel/GroupFix não é um algoritmo genético, apesar de possuir métodos análogos a computação evolutiva. Conforme resultados apresentados, esta ferramenta supera em velocidade a utilização de um algoritmo de DE utilizado pelo autor em outros trabalhos.

Barreto Neto (2014) em sua dissertação, aplicou a teoria da contribuição genética para otimizar o valor genético na geração seguinte em 12 núcleos de seleção de acasalamento seletivo com 500 fêmeas de ovelhas da raça Santa Inês. Utilizou AG para encontrar a contribuição genética ótima para a próxima geração de animais componentes de núcleos de seleção com pedigree estruturado e valores genéticos de características de importância econômica, estimados através de Preditores Lineares Não Viciados BLUP associados as DEPs. Os resultados obtidos comprovaram a eficácia da utilização de seleção de animais utilizando BLUP-DEP, bem como a eficiência dos AG no processo computacional. Também indicou nos resultados que o aumento do intercâmbio de material genético entre os núcleos é altamente recomendável para ampliar o ganho genético e a IA pode ser o método de escolha para atingir este objetivo, desde que se mantenha um controle sobre a consanguinidade.

Apesar de terem sido encontrados trabalhos que utilizam técnicas da Computação Evolutiva na busca por recomendações de acasalamentos, nenhum trabalho encontrado utilizou a técnica de Algoritmos Genéticos. Também não foram encontradas evidências de que os trabalhos publicados tivessem como objetivo dos algoritmos implementados, a recomendação de uma estação de acasalamentos com restrições de consanguinidade, limitando máximos e mínimos de utilização de touros, com flexibilidade de manutenção pelo usuário da função objetivo utilizando as DEPs do programa de melhoramento genético PampaPlus.

Fundamenta-se, portanto, a utilização de ferramentas heurísticas em busca de combinações de acasalamento de animais bovinos utilizando os valores de DEP

dos animais. Com o objetivo de simular e identificar ótimas combinações de acasalamento, respeitando os diversos interesses produtivos e penalizando combinações restritas, a utilização de um algoritmo genético específico para o problema, onde a representação cromossômica devidamente identificada, combinada com validações de parâmetros de crossover, tendo em sua função objetiva as maiores aptidões dos cromossomos e comparando as técnicas abordadas de geração de novas gerações, entregará aos participantes do programa uma simulação de melhoramento da qualidade genética de seu rebanho conforme objetivos pretendidos.

3. METODOLOGIA

Neste capítulo estão descritos os procedimentos científicos utilizados, a fim de atender os objetivos propostos, bem como a caracterização da pesquisa, suas fases, materiais e métodos utilizados.

3.1 Caracterização da pesquisa

A pesquisa realizada durante a execução deste trabalho pode ser caracterizada como uma pesquisa aplicada, quantitativa, qualitativa, explicativa e experimental. Pois, entrega conhecimento a ser aplicado imediatamente na solução do problema da escolha dos acasalamentos bovinos. Utilizou-se de técnicas computacionais e estatísticas na busca por resultados numéricos indicativos de maximização (quantitativo) das qualidades genéticas dos rebanhos (qualitativa). Ao realizar a análise dos resultados, da aplicação do método, é possível identificar os fatores que determinam ou contribuem para a ocorrência de fenômenos, tornando a objetividade da pesquisa explicativa e assim possibilitando o aprofundamento do conhecimento da realidade. Para a validação da hipótese foi aplicado o AG à base de dados do programa de melhoramento genético PampaPlus caracterizando o procedimento como experimental.

3.2 Materiais e métodos

Após a escolha do tema, foi realizado um estudo de viabilidade da execução da técnica heurística na busca pela combinação de acasalamento de bovinos. Em seguida delimitou-se o escopo de abrangência do AG, onde ficou definido que o resultado deverá ser a combinação ótima, resultante da utilização da técnica heurística, entre os touros e as vacas participantes da simulação, com base na avaliação das seguintes restrições: a quantidade máxima e mínima de acasalamento

que um touro sêmen pode participar e a limitação percentual da consanguinidade dos bezerros oriundos dos cruzamentos. A função de avaliação das soluções é baseada nas DEPs dos futuros bezerros, função esta, similar ao IQG do programa de melhoramento genético PampaPlus, com a possibilidade de ajustes dos objetivos do produtor os quais podem ser definidas no momento da simulação.

O banco de dados do programa de melhoramento genético PampaPlus foi analisado e foram identificados os atributos e relacionamentos entre as Tabelas do banco de dados MYSQL relevantes para a utilização das simulações. O AG foi desenvolvido utilizando a linguagem R, uma linguagem amplamente utilizada em inteligência artificial, mineração de dados, aprendizado de máquinas, biologia e estatística e possui uma vasta colaboração científica e pacotes gratuitos. O R é uma linguagem vetorizada, o que permite aplicação de funções em vetores e matrizes sem a necessidade de laços de repetição dado a dado. (MAZZONETTO; HÖLBIG, 2014). Esta linguagem possui pacotes para conexão direta com banco de dados MYSQL e seus scripts podem ser chamados para execução em back-end pelo PHP. Outras linguagens poderiam ser utilizadas, como o Python, o C++, o GO, ou até mesmo o Java, porém, além de ser utilizado como método nesta pesquisa, o AG será ampliado e disponibilizado para ser utilizado pela EMBRAPA onde a linguagem R é rotineiramente utilizada e a infraestrutura possui total compatibilidade.

Foi utilizada a IDE RStudio, bem como o pacote Rcpp que proporciona a criação de funções em C++ incorporadas ao código R. As funções em C++ foram necessárias para aperfeiçoar o tempo de execução do AG quando da necessidade de percorrer matrizes ou vetores em laços avaliando dado a dado e validando condições específicas. Para geração dos Gráficos foi utilizado o pacote Plotly.

Para testar e validar a hipótese o AG desenvolvido foi aplicado à instancias da base de dados do programa de melhoramento genético PampaPlus. A validação da hipótese foi realizada através da análise dos resultados da aplicação do algoritmo, onde a maximização das avaliações das respostas das combinações entre vacas e touros (valores mais altos), a convergência para o limite da evolução das simulações realizadas e a verificação de aplicação das restrições nos resultados obtidos corrobora com a hipótese da pesquisa.

Após a implementação do AG, foram realizadas simulações com o intuito de validar o algoritmo. Para os testes, foi utilizado um *Notebook* com processador *Core*

i7, com 8 GB de memória RAM, disco SSD de 240 GB, Windows 10 64 bits. Não foi utilizada paralelização ou clusterização, sendo a execução do AG em modo serial.

Algumas funções do AG foram desenvolvidas utilizando o pacote Rcpp, o qual permite desenvolvimento na linguagem C/C++, o que otimiza o desempenho de alguns laços de que não são realizados de forma eficiente em R. Além disto, onde visualiza-se neste documento o Id do touro, o qual, foi substituído internamente no AG por um índice de sua posição de armazenamento nas matrizes R, melhorando o desempenho do AG. Porém, a fim de facilitar o entendimento do leitor, o Id do touro está sendo utilizado em todos os exemplos.

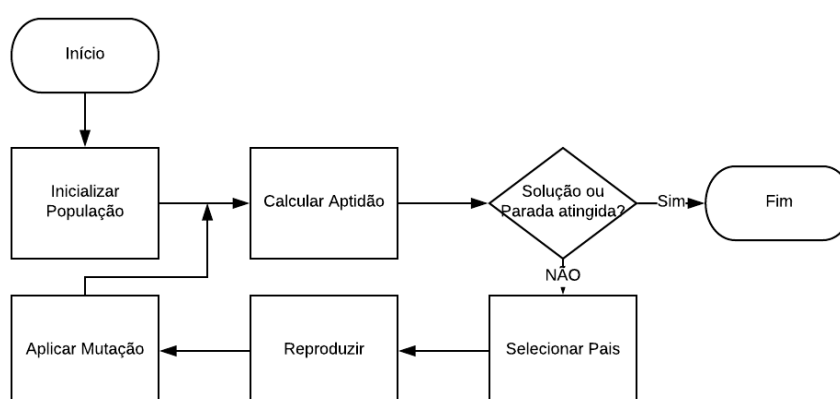
4. ABORDAGEM PROPOSTA

Neste tópico, encontra-se a descrição do Algoritmo Genético bem como as informações de tamanho dos cromossomos (número de genes), dados dos cromossomos (alelos), tamanho e criação da população inicial, função de avaliação de aptidão (*fitness*), técnica de seleção, forma de cruzamento (reprodução), forma de mutação, condições de parada e formação de novas gerações.

4.1 O algoritmo genético

O algoritmo genético desenvolvido seguiu o modelo canônico da técnica e está ilustrado na Figura 10. Os dados dos touros e das vacas bem como suas informações de DEPs são selecionados diretamente no banco de dados e armazenados em estruturas de matrizes, listas e vetores no ambiente RStudio. Também são selecionadas diretamente no banco de dados as informações de máximo e mínimo de utilização de cada touro, bem como o valor máximo de consanguinidade do novo animal desejado.

Figura 10 – Fluxograma do algoritmo genético



Fonte: Autor (2019)

4.2 Tamanho e informações do cromossomo

O tamanho de cada cromossomo, também chamado de indivíduo do AG, é igual a quantidade de vacas escolhidas para simulação, ou seja, se o usuário escolher 100 vacas, o cromossomo terá 100 genes, como um vetor de 100 posições, onde cada posição representa uma vaca. Dentro de cada gene é vinculado um Id (identificador do banco de dados) de um touro, assim, para cada indivíduo do AG tem-se um Id de touro em cada gene (vaca). Na Tabela 3, está ilustrada uma exemplificação de 5 genes, onde cada posição representa uma vaca e cada informação dentro do gene representa um Id de touro do banco de dados.

Tabela 3 – exemplificação de cromossomos do AG

4545	1112	2055	1020	1020
------	------	------	------	------

Fonte: Autor (2019)

Neste exemplo, o touro de Id 1020 está representado para combinar com a vaca 4 e com a vaca 5. Cada indivíduo gerado no AG é uma possível resposta a solução do problema (combinar vacas e touros para acasalamento). O AG deve calcular o valor de aptidão deste cromossomo, o qual representa uma solução candidata, sendo este um problema de otimização, devendo a abordagem buscar o cromossomo com melhor avaliação de aptidão (maior aptidão) e que seja válido às restrições.

4.3 Função de avaliação

A função de aptidão é composta pela média da combinação de cada característica (indicador) presente no programa de melhoramento genético PampaPlus, multiplicado pelo fator de relevância daquelas características desejadas pelo produtor. Então, a soma destas médias ponderadas de cada característica de cada combinação (gene x alelo) de todo o cromossomo é o valor de aptidão daquele cromossomo. A seguir é apresentada uma ilustração da função de aptidão utilizada.

$$\begin{aligned}
\text{Aptidao}_{cr} = & ((\text{vaca}_{xcr}\text{PNDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{PNDEP})/2) * \text{PNDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{PDDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{PDDEP})/2) * \text{PDDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{PDDEPM} + \text{touro}_{xcr}\text{PDDEPM})/2) * \text{PDDEPM}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{PDTM} + \text{touro}_{xcr}\text{PDTM})/2) * \text{PDTM}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{PSDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{PSDEP})/2) * \text{PSDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{GPDDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{GPDDEP})/2) * \text{GPDDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{PVDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{PVDEP})/2) * \text{PVDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{CCVDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{CCVDEP})/2) * \text{CCVDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{CEDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{CEDEP})/2) * \text{CEDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{MDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{MDEP})/2) * \text{MDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{EDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{EDEP})/2) * \text{EDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{ECDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{ECDEP})/2) * \text{ECDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{UDEP} + \text{touro}_{xcr}\text{UDEP})/2) * \text{UDEP}_{\text{param}} + \\
& ((\text{vaca}_{xcr}\text{PODEP} + \text{touro}_{xcr}\text{PODEP})/2) * \text{PODEP}_{\text{param}} +
\end{aligned}$$

onde:

- Aptidao_{cr} é o resultado da aptidão do cromossomo (cr);
- $\text{vaca}_{xcr}\text{DEP}$ é a DEP (explícita na função) da vaca x (posição) do cr (do cromossomo);
- $\text{touro}_{xcr}\text{DEP}$ é a DEP (explícita na função) do touro x (posição) do cr (do cromossomo);
- $\text{DEP}_{\text{param}}$ é o valor da ponderação da DEP (explícita na função), calculado conforme objetivo do produtor. Se o objetivo do produtor for 80% da aptidão em decorrência do peso ao nascimento e 20% em decorrência do ganho de peso diário, estes pesos serão divididos pelo sigma da característica, calculado e fornecido pelo programa PampaPlus, para que as grandezas das DEPs sejam correspondentes e assim os objetivos do produtor sejam replicados na função objetiva do AG.

Das quatorze características DEPs presentes no programa de melhoramento, três possuem melhores avaliações minimalistas, são elas PNDEP, PVDEP e UDEP, ou seja, quanto menor este valor, melhor a característica. Assim atribui-se o sinal de

– (negativo) na formação do seu parâmetro, tornando o maior valor da $Aptidao_{cr}$ o melhor resultado da otimização.

4.4 Restrições dos acasalamentos

As restrições impostas para solução do problema são consideradas na execução do AG, onde os cromossomos que não forem válidos são penalizados em suas avaliações de fitness, são elas:

- a) O mínimo de utilização dos touros deve ser representado na solução, ou seja, se um determinado touro contém o parâmetro de mínima utilização igual a 5, deve aparecer no mínimo em cinco combinações de acasalamento da solução encontrada;
- b) O máximo de utilização dos touros deve ser representado na solução, ou seja, se um determinado touro contém o parâmetro de máxima utilização igual a 30, este touro não pode aparecer em mais de 30 combinações de acasalamento da solução encontrada;
- c) A consanguinidade máxima do produto de cada combinação touro/vaca deve ser respeitada. Por exemplo, se a consanguinidade definida for de 3%, na solução encontrada não poderá existir uma combinação entre um touro e vaca que gere um produto com consanguinidade maior que 3%.

4.5 População inicial

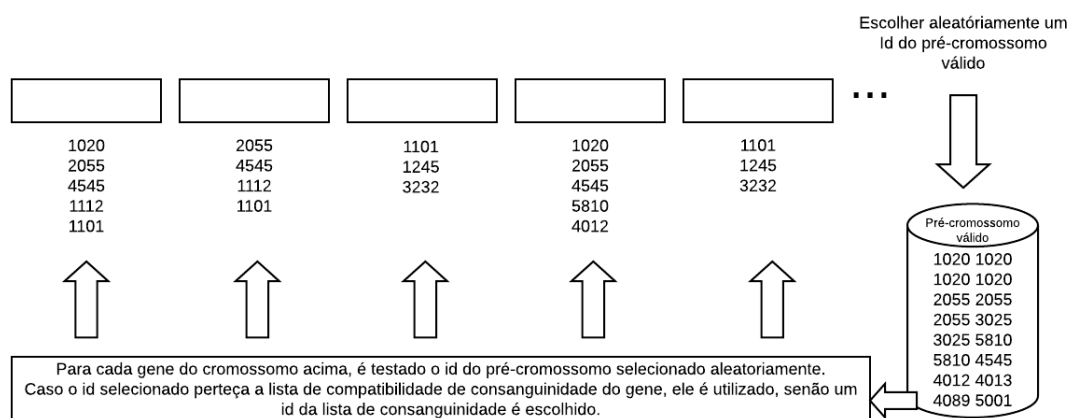
A população inicial do AG tem a quantidade de indivíduos igual ao dobro do número de vacas escolhidas para simulação, ou seja, se forem escolhidas 100 vacas a população inicial terá 200 cromossomos com 100 genes, cada um sendo este tamanho populacional inalterado durante as gerações de evolução do AG. O tamanho da população inicial foi definido com base em outros trabalhos publicados entre eles o trabalho de Carvalheiro; Queiroz e Kinghorn (2010) e o trabalho de

Kinghorn (2011). Pelo fato de existirem restrições explícitas, a população inicial deste AG não é gerada totalmente aleatória, mas sim, implementando uma função de alocação que criará um vetor intitulado pré-cromossomo.

Para realizar esta implementação de restrição na população inicial, na busca de cromossomos válidos, foi utilizado um vetor que contém os Ids de touros em quantidades mínimas e máximas. Assim, ao criar um cromossomo da população inicial, escolhe-se de forma aleatória um Id do vetor do arranjo pré-cromossomo. Também foi utilizado um vetor com ids válidos de consanguinidade para cada vaca, então, ao escolher um Id (touro) aleatoriamente do vetor pré-cromossomo para preencher um gene (vaca) do cromossomo é verificado se este Id consta como um Id válido de consanguinidade. Caso não pertença à lista de Ids válidos de consanguinidade para aquela vaca o Id não é utilizado e é selecionado aleatoriamente um Id do vetor de consanguinidade, mantendo preferencialmente a validade de consanguinidade.

Esta atividade é realizada na criação da população inicial para cada cromossomo, permitindo que, junto ao vetor de pré-cromossomo, sejam escolhidos aleatoriamente outros Ids com intuito de manter a diversidade e amplitude global das possíveis soluções, ou seja, para cada cromossomo gerado na população inicial, um pré-cromossomo com Ids de mínimos necessários até o limite de máximos possíveis é gerado anteriormente. A Figura 11 ilustra a aplicação técnica de geração de cromossomos válidos.

Figura 11 – esquema de criação da população inicial



4.6 Penalidades

A geração inicial pode possuir alguns ou muitos indivíduos válidos tanto em consanguinidade quanto em máximos e mínimos de touros. Ao realizar o cálculo da aptidão de cada indivíduo, as restrições são levadas em consideração e aqueles cromossomos que não possuem validade em uma das regras são penalizados em 50% de seu valor de aptidão, o que favorecerá os indivíduos válidos no momento da escolha para reprodução, sem restringir por completo os demais indivíduos durante a execução do AG.

4.7 Seleção

A forma de seleção de roleta viciada proporciona mais chance ao indivíduo com valor maior de aptidão ser selecionado para o cruzamento. Como os cromossomos inválidos estão penalizados, os cromossomos válidos têm maior chance de serem selecionados. Durante os testes, verificou-se a convergência muito tardia utilizando somente a roleta viciada. Além da roleta viciada, utilizou-se o torneio para seleção mais eficiente de cromossomos válidos para reprodução. A implementação final da seleção funciona da seguinte maneira: escolhe-se 2 cromossomos através da roleta viciada e realiza-se um torneio entre estes dois cromossomos escolhidos, selecionando o maior, repetindo esta seleção para o segundo pai (cromossomo).

4.8 Cruzamento/reprodução e mutação

Após a seleção dos pais (cromossomos) para reprodução, é realizado o cruzamento (*crossover*) a partir de uma posição (gene) aleatória dos cromossomos, exceto a posição 1 de cada cromossomo. A taxa de mutação pode ser ajustada de 0 a 100% de probabilidade, onde um gene (escolhido aleatoriamente) dos filhos

(novos cromossomos) resultantes do cruzamento, quando sofrerem mutação, terá seu alelo substituído por um Id de touro compatível em consanguinidade com o gene (vaca).

4.9 Condição de parada

O AG possui condição de parada inicial de 1000 gerações e, ao final destas, o melhor cromossomo válido é indicado como combinação para acasalamento. A utilização de 1000 gerações foi adotada, pois os testes iniciais mostravam convergência do AG antes das 800 gerações, porém para validação do AG optou-se por esta condição de parada.

4.10 Base de dados

Os dados utilizados nas avaliações do AG foram recuperados diretamente das Tabelas do banco de dados do sistema PampaPlus, disponíveis no servidor da EMBRAPA Pecuária Sul. A Figura 12 ilustra as Tabelas do banco de dados utilizadas no compartilhamento de informações. Com exceção da Tabela *pampaplusresul*, as demais foram criadas especificamente para esta comunicação entre o AG e o sistema legado. A Tabela *acasalamento_criador* é populada quando o usuário seleciona os animais que farão parte da simulação. Atualmente isto é feito manualmente, mas será a saída de dados do *front-end*. As informações dizem respeito ao Id do proprietário, o gênero do animal, o máximo de utilização escolhido para cada touro e o mínimo de utilização informado. Quando o valor do campo mínimo estiver ajustado para 0, não garante a utilização do touro nas soluções apresentadas pelo AG. A Tabela *pampaplusresul* é formada principalmente pelo Id do proprietário, pelo Id do animal e pelos valores de suas DEPs. A Tabela *parametrouuario* recebe os percentuais de ponderação de cada DEP para o simulado. A Tabela *consanguinidade_criador* é formada pela percentual de consanguinidade de cada descendente entre machos e fêmeas escolhidos para a

simulação. A Tabela *resultadoAG* será utilizada em trabalhos futuros quando da integração definitiva entre o AG e o sistema PampaPlus e será a única manipulada com a inserção de dados pelo algoritmo. A Tabela será utilizada para reter o resultado da simulação do AG, armazenando os Ids do touros e o Ids das vacas para cada proprietário que tenha realizado a simulação.

Figura 12 – Tabelas do Banco de dados.

Table Name	Field Name	Data Type	Primary Key
pampaplusresul	facadeanimais_id	INT(11)	Yes
	proprietarios_id	INT(11)	Yes
	genero	TEXT	No
	nome	TEXT	No
	IQG	DOUBLE	No
	PNDEP	DOUBLE	No
	PDDEP	DOUBLE	No
	PDDEPM	DOUBLE	No
	PDTM	DOUBLE	No
	PSDEP	DOUBLE	No
	GPDEP	DOUBLE	No
	PVDEP	DOUBLE	No
	CCVDEP	DOUBLE	No
	CEDEP	DOUBLE	No
	MDEP	DOUBLE	No
	EDEP	DOUBLE	No
	ECDEP	DOUBLE	No
parametrosusuario	id	INT	Yes
	proprietarios_id	INT(11)	Yes
	PNDEP	DOUBLE	No
	PDDEP	DOUBLE	No
	PDDEPM	DOUBLE	No
	PDTM	DOUBLE	No
	PSDEP	DOUBLE	No
	GPDEP	DOUBLE	No
	PVDEP	DOUBLE	No
	CCVDEP	DOUBLE	No
	CEDEP	DOUBLE	No
	MDEP	DOUBLE	No
	EDEP	DOUBLE	No
acasalamento_criador	facadeanimais_id	INT(11)	Yes
	proprietarios_id	INT(11)	Yes
	genero	TEXT	No
	touro_maxuse	INT(11)	No
	touro_minuse	INT(11)	No
consanguinidade_criador	id	INT	Yes
	proprietarios_id	INT(11)	Yes
	paifacadeanimais_id	INT(11)	Yes
	maefacadeanimais_id	INT(11)	Yes
	consanguinidade	DOUBLE	No
resultadoag	id	INT(11)	Yes
	proprietarios_id	INT(11)	Yes
	paifacadeanimais_id	INT(11)	Yes
	maefacadeanimais_id	INT(11)	Yes

Fonte: Autor (2019)

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Este Capítulo irá apresentar os resultados dos experimentos. Nele se encontram as simulações do AG desenvolvido, bem como as discussões acerca dos resultados obtidos. O intuito principal é mostrar as aplicações do AG e suas limitações, com foco na validação da hipótese e na comparação com outras soluções publicadas. Foram realizados 9 (nove) experimentos utilizando a base de dados do programa de melhoramento genético PampaPlus. Onde um conjunto de variáveis de entrada foi alterado, como: os parâmetros da função objetivo, os valores da máxima utilização de touros, os valores da mínima utilização de touros e o percentual de consanguinidade. O objetivo destes experimentos foi variar alguns parâmetros definidos na metodologia como relevantes, verificando se o algoritmo encontraria de forma satisfatória as melhores combinações, mantendo as regras através das penalidades impostas.

5.1 Execução e simulação do AG

Durante as simulações foram alterados parâmetros e valores com intuito de verificar o comportamento do AG, utilizando uma base de dados real, na busca por resultados que satisfizessem os objetivos propostos. As simulações apresentadas contemplam os diversos objetivos elencados neste trabalho.

Na simulação 1 o objetivo é verificar se o AG encontra uma solução primando pela utilização dos melhores touros disponíveis. Para tanto nenhuma restrição de consanguinidade foi parametrizada. Porém, foi definida a máxima utilização de todos os touros em 30 acasalamentos. O valor da classificação dos resultados dos acasalamentos foi calculado utilizando a função IQG do programa PampaPlus. Assim, os machos com melhores IQGs deveriam ser escolhidos e combinados com Vacas que maximizassem o valor da classificação do acasalamento.

A simulação 2 foi realizada para verificar se o AG encontraria melhores soluções quando prolongada a geração de parada e aumentada o tamanho da

população, utilizando os demais parâmetros da simulação 1. A simulação 3 foi utilizada para demonstrar a replicação da simulação 1.

A simulação 4 foi realizada para verificar se o AG iria respeitar a regra de consanguinidade, então o melhor touro teve todos os seus acasalamentos invalidado através da alteração do percentual de consanguinidade no banco de dados para 4%, assim, o AG não deveria escolher este touro, mesmo que este possuísse o maior IQG dentre os touros participantes do simulado.

A simulação 5 foi realizada para validar a regra de mínima utilização de touros, onde 3 touros de IQGs distintos tiveram seus parâmetros de mínima utilização alterados. A simulação 6 foi realizada para validar os objetivos do produtor, ou seja, caso este não deseje selecionar acasalamentos com base nas DEPs do IQG e sim em outras características, o AG deveria escolher os touros com as melhores características definidas.

A simulação 7 foi realizada para validar a utilização de outros animais do base de dados real. A simulação 8 foi realizada para validar as regras de consanguinidade utilizando os novos animais selecionados. A simulação 9 foi realizada para validar as regras de máxima a mínima utilização de touros utilizando os novos animais selecionados. Todas as simulações apresentadas forma replicadas diversas vezes. Com estas simulações foi possível analisar o desempenho do AG e aplicação das regras definidas.

A Tabela 4 mostra os parâmetros utilizados na simulação 1. Nesta simulação, a população inicial do AG foi definida como o dobro do número de vacas, o tamanho da população foi definido como o dobro da quantidade de vacas, pois este valor mostrou-se satisfatório durante os testes, além disto, em diversos trabalhos foi utilizada taxa semelhante, como em Carvalheiro; Queiroz e Kinghorn (2010). Já o limite de consanguinidade para descendentes de cada acasalamento foi limitada em 3% o que não permite até um avô em comum. A taxa de mutação do AG está fixada em 10%, pois após teste durante o desenvolvimento esta taxa mostrou-se satisfatória na convergência do AG, os touros participantes da simulação tiveram seu parâmetro de máxima utilização ajustado para 30 combinações, pois este é o referencial usual de utilização de um touro em monta natural. Não foi definido mínimo de utilização para nenhum touro. Nesta simulação, nenhum acasalamento possuía restrição de consanguinidade acima de 3%. A função objetivo está considerando somente as DEPs formadoras do índice IQG de qualidade do

programa de melhoramento genético PampaPlus, desconsiderando as demais DEPs.

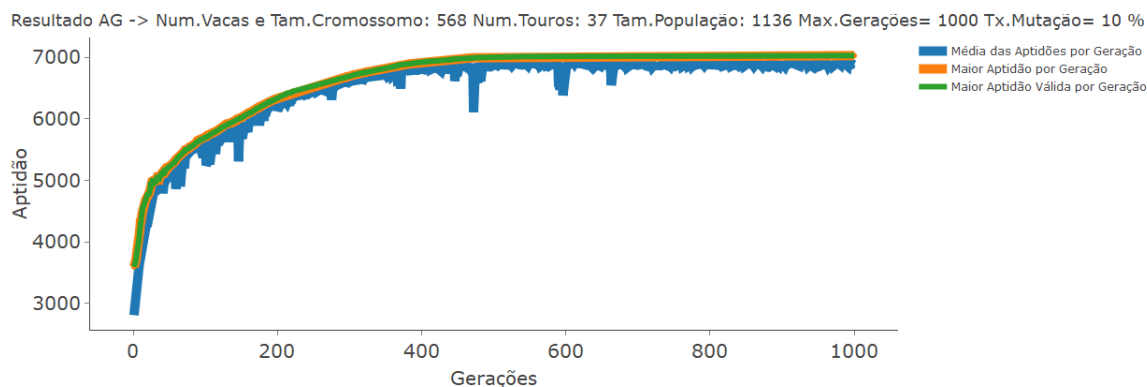
Tabela 4 – Tabela descritiva da Simulação 1.

Simulação 1	Parâmetros
Número de Touros	37
Número de Vacas	568
Tamanho da População	1136
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Similar ao IQG
Observações	Todos os touros podem acasalar com todas as vacas até o limite máximo de cada touro, sem mínimo definido.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 1 ilustra a evolução das soluções geradas pelo AG. É possível identificar a evolução média das aptidões por geração, a evolução da maior aptidão por geração e a maior aptidão válida por geração, sendo que, a aptidão válida refere-se ao cromossomo que não quebra as regras de máximo e mínimo de utilização de touros definidas pelo produtor. A linha verde e a linha laranja estão sobrepostas pois as maiores aptidões válidas são também as maiores aptidões do AG, estas linhas possuem cores distintas, pois o AG pode encontrar soluções que não sejam validas durante as simulações ficando visível então no Gráfico. O valor da maior aptidão válida na primeira geração está em torno de 3.700, ou seja, a combinação para acasalamento entre as 568 vacas e os 37 touros tem como somatório das médias das DEPs de cada touro x vaca, ponderadas pelos parâmetros do índice IQG em 3.700. O AG evolui a melhor aptidão para o valor aproximado de 7.000 gerando uma melhora próxima a 52%.

Gráfico 1 – resultado da simulação 1.



Fonte: Autor (2019)

A Figura 13 mostra um relatório da utilização de cada touro ao final da simulação. É possível identificar os máximos e mínimos de utilização definidos para cada touro, bem como o seu uso na melhor solução encontrada. Além disto, para visualização referencial, também se encontra nesta Figura o IQG de cada touro. Dezoito touros tiveram sua máxima utilização, um touro teve 24 utilizações e 1 touro teve 4 utilizações. Se for comparada a multiplicação da utilização pelo valor do IQG, apesar de não utilizar somente os melhores touros, o AG encontrou uma ótima solução.

Figura 13 – lista de utilização de touros da simulação 1.

Id:	89320	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4104
Id:	93504	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2841
Id:	98598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3229
Id:	99629	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.0948
Id:	202854	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2411
Id:	256290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.902
Id:	260788	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.2414
Id:	298642	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.141
Id:	298823	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-2.6075
Id:	298824	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	24	válido?	SIM	IQG:	0.1404
Id:	310467	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-1.0406
Id:	310540	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3767
Id:	310931	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3097
Id:	344756	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.348
Id:	349290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.3874
Id:	363374	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.5834
Id:	363675	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.8656
Id:	370505	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-1.1522
Id:	370548	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2826
Id:	370797	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4122
Id:	370805	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0744
Id:	394077	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0107
Id:	413808	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3111
Id:	417984	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.1602
Id:	440176	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4917
Id:	440199	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.6836
Id:	444230	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.2664
Id:	445010	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.2155
Id:	445571	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	4	válido?	SIM	IQG:	0.0787
Id:	513598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4798
Id:	513912	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.5799
Id:	532785	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.265
Id:	533501	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4517
Id:	670565	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.8839
Id:	823149	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.8761
Id:	835096	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.9254
Id:	880340	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.9255>

Fonte: Autor (2019)

A fim de mostrar a qualidade da evolução do AG, foi realizada a evolução do AG com a mesma parametrização da simulação 1, exceto pela quantidade de gerações limitada a 1 geração e não 1000. É possível notar na Figura 14 que todos os touros foram utilizados, em maior ou menor quantidade de acasalamentos devido a solução inicial gerar combinações aleatórias de touros e vacas onde ao decorrer das gerações e da execução das etapas do AG de avaliação, penalização, cruzamento e mutação estas combinações são maximizadas em decorrência da função objetivo. Também é possível notar que a população está sendo gerada respeitando as regras de máximo e mínimo de utilização de touros.

Figura 14 – utilização de touros na população inicial da primeira geração.

Id: 89320	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 15	OK	IQG: 0.4104
Id: 93504	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 7	OK	IQG: -0.2841
Id: 98598	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 18	OK	IQG: -0.3229
Id: 99629	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 12	OK	IQG: -0.0948
Id: 202854	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 14	OK	IQG: -0.2411
Id: 256290	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 19	OK	IQG: -0.902
Id: 260788	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 17	OK	IQG: 0.2414
Id: 298642	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 18	OK	IQG: -0.141
Id: 298823	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 9	OK	IQG: -2.6075
Id: 298824	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 15	OK	IQG: 0.1404
Id: 310467	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 20	OK	IQG: -1.0406
Id: 310540	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 13	OK	IQG: 0.3767
Id: 310931	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 14	OK	IQG: -0.3097
Id: 344756	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 12	OK	IQG: -0.348
Id: 349290	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 17	OK	IQG: 1.3874
Id: 363374	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 17	OK	IQG: 0.5834
Id: 363675	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 13	OK	IQG: 1.8656
Id: 370505	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 11	OK	IQG: -1.1522
Id: 370548	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 13	OK	IQG: -0.2826
Id: 370797	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 14	OK	IQG: 0.4122
Id: 370805	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 16	OK	IQG: 1.0744
Id: 394077	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 15	OK	IQG: 1.0107
Id: 413808	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 14	OK	IQG: 0.3111
Id: 417984	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 22	OK	IQG: 0.1602
Id: 440176	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 19	OK	IQG: -0.4917
Id: 440199	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 21	OK	IQG: 1.6836
Id: 444230	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 15	OK	IQG: 1.2664
Id: 445010	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 12	OK	IQG: 0.2155
Id: 445571	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 18	OK	IQG: 0.0787
Id: 513598	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 15	OK	IQG: 0.4798
Id: 513912	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 20	OK	IQG: 0.5799
Id: 532785	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 22	OK	IQG: 0.265
Id: 533501	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 11	OK	IQG: -0.4517
Id: 670565	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 17	OK	IQG: 0.8839
Id: 823149	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 14	OK	IQG: 1.8761
Id: 835096	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 14	OK	IQG: 0.9254
Id: 880340	maxUse: 30	minUse: 0	uso: 15	OK	IQG: -0.9255>

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 5 apresenta os parâmetros da simulação 2. Nesta simulação a geração de parada foi definida em 1500 e o tamanho da população definida em 5680. Esta simulação tem objetivo de verificar se para o problema em epígrafe as regiões globais estão sendo acessadas pelo AG.

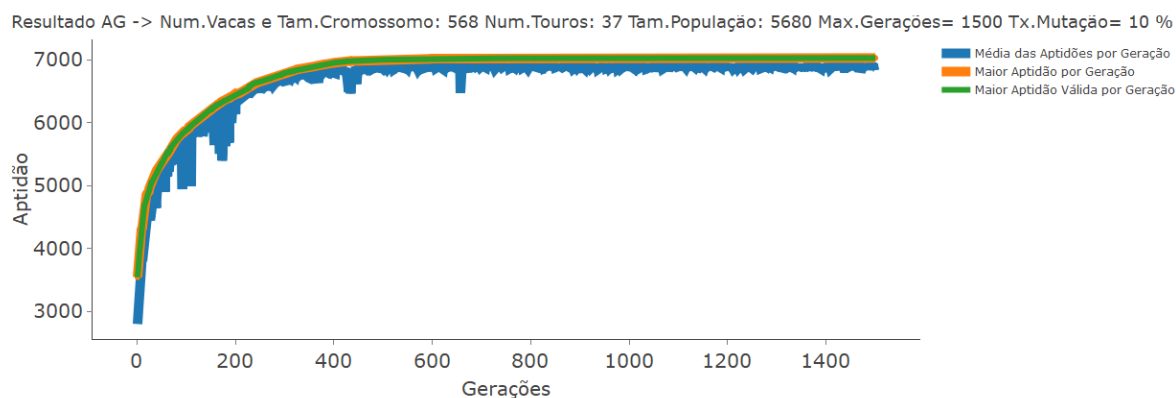
Tabela 5 – Tabela descritiva da Simulação 2

Simulação 2	Parâmetros
Número de Touros	37
Número de Vacas	568
Tamanho da População	5680
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1500
Função de Avaliação	Similar ao IQG
Observações	Todos os touros podem acasalar com todas as vacas até o limite máximo de cada touro, sem mínimo definido.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 2 ilustra a evolução das soluções pelo AG. Apesar de aumentar em 5 vezes o tamanho da população e em 50% a quantidade de gerações, os resultados entre a simulação 1 e a simulação 2 são muito similares.

Gráfico 2 – resultado da simulação 2.



Fonte: Autor (2019)

Na Figura 15, é possível notar que a única alteração com relação aos touros utilizados na simulação 1, foi que o touro de Id: 298824 foi utilizado 28 (vinte e oito) vezes ao contrário das 24 (vinte e quatro) da simulação 1, tendo os demais resultados, de touros, mantidos, com exceção do touro de Id: 445571 que não foi utilizado na simulação 2.

Figura 15 – lista de utilização de touros da simulação 2.

Id: 89320	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.4104
Id: 93504	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.2841
Id: 98598	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.3229
Id: 99629	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.0948
Id: 202854	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.2411
Id: 256290	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.902
Id: 260788	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.2414
Id: 298642	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.141
Id: 298823	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -2.6075
Id: 298824	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 28	válido?	SIM	IQG: 0.1404
Id: 310467	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -1.0406
Id: 310540	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.3767
Id: 310931	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.3097
Id: 344756	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.348
Id: 349290	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.3874
Id: 363374	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.5834
Id: 363675	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.8656
Id: 370505	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -1.1522
Id: 370548	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.2826
Id: 370797	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.4122
Id: 370805	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.0744
Id: 394077	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.0107
Id: 413808	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.3111
Id: 417984	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: 0.1602
Id: 440176	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.4917
Id: 440199	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.6836
Id: 444230	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.2664
Id: 445010	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: 0.2155
Id: 445571	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: 0.0787
Id: 513598	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.4798
Id: 513912	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.5799
Id: 532785	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.265
Id: 533501	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.4517
Id: 670565	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.8839
Id: 823149	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.8761
Id: 835096	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.9254
Id: 880340	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.9255>

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 6 apresenta os parâmetros da simulação 3. Esta simulação é uma replicação da simulação 1. A fim de demonstrar as diferentes respostas, mas a busca por resultados de maximização.

Tabela 6 – Tabela descritiva da Simulação 3

Simulação 3	Parâmetros
Número de Touros	37
Número de Vacas	568
Tamanho da População	1136
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Similar ao IQG

Observações

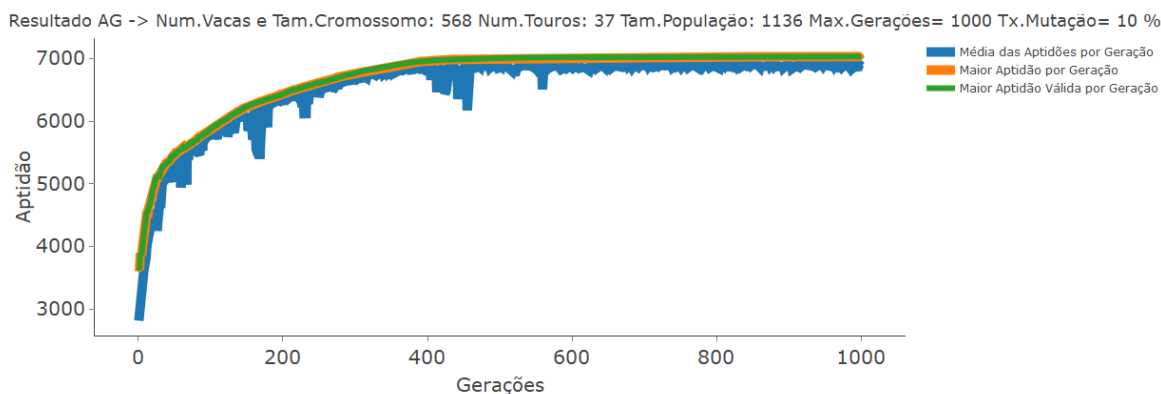
Todos os touros podem acasalar com todas as vacas até o limite máximo de cada touro, sem mínimo definido.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 3 ilustra a evolução das soluções pelo AG. Esta é uma replicação da simulação 1. A utilização de touros não teve diferenças, com exceção de que na simulação 1 o touro de Id: 298824 foi utilizado 24 vezes e nesta simulação 3 foi

utilizado 27 vezes, já o touro de Id: 445571 foi utilizado 4 vezes na simulação 1 e nesta simulação 3 foi utilizado somente 1 vez. O valor da aptidão entre as duas simulações se mostrou semelhante.

Gráfico 3 – resultado da simulação 3 (replicação dos parâmetros da simulação 1).



Fonte: Autor (2019)

A Figura 16 ilustra a utilização de cada touro durante a simulação. É possível identificar que outros touros foram utilizados pelo AG em comparação com a simulação 1.

Figura 16 – lista de utilização de touros da simulação 3.

Id:	89320	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4104
Id:	93504	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2841
Id:	98598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3229
Id:	99629	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.0948
Id:	202854	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2411
Id:	256290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.902
Id:	260788	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.2414
Id:	298642	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.141
Id:	298823	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-2.6075
Id:	298824	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	27	válido?	SIM	IQG:	0.1404
Id:	310467	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-1.0406
Id:	310540	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3767
Id:	310931	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3097
Id:	344756	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.348
Id:	349290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.3874
Id:	363374	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.5834
Id:	363675	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.8656
Id:	370505	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-1.1522
Id:	370548	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2826
Id:	370797	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4122
Id:	370805	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0744
Id:	394077	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0107
Id:	413808	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3111
Id:	417984	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.1602
Id:	440176	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4917
Id:	440199	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.6836
Id:	444230	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.2664
Id:	445010	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.2155
Id:	445571	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	1	válido?	SIM	IQG:	0.0787
Id:	513598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4798
Id:	513912	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.5799
Id:	532785	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.265
Id:	533501	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4517
Id:	670565	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.8839
Id:	823149	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.8761
Id:	835096	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.9254
Id:	880340	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.9255>

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 7 apresenta os parâmetros da simulação 4. Nesta simulação, a geração de parada foi definida e 1000 e o tamanho da população definida em 1136. Esta simulação difere-se da simulação 3, pelo fato de ter sido ajustado o valor mínimo de consanguinidade dos acasalamentos do touro de Id 823149 para 4%, fazendo com que acasalamentos que usam o touro de Id 823149 passem a ser inválidos. Assim este touro não pertence a solução válida do AG.

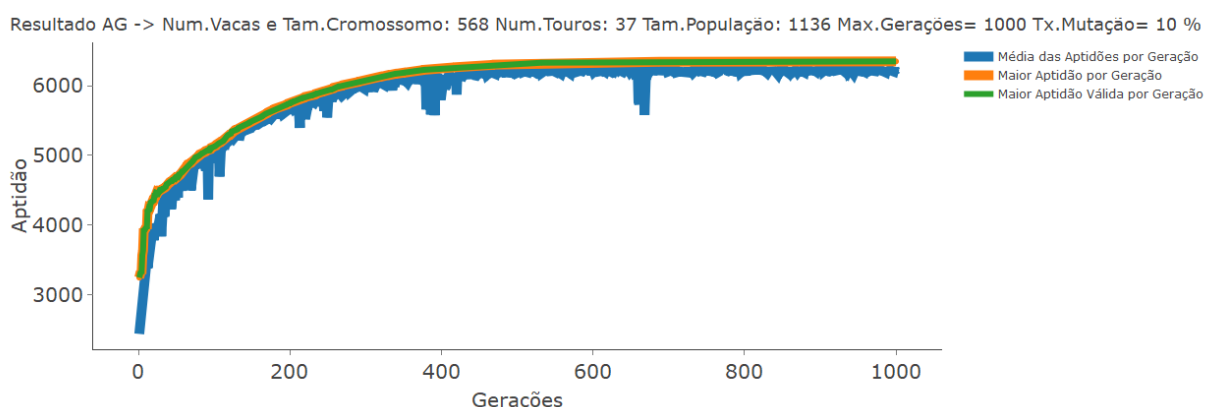
Tabela 7 – Tabela descritiva da Simulação 4

Simulação 4	Parâmetros
Número de Touros	37
Número de Vacas	568
Tamanho da População	1136
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Similar ao IQG
Observações	Restrição de consanguinidade de todas combinações com o touro de Id: 823149 tendo o valor de consanguinidade ajustado para 4%

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 4 ilustra a evolução das soluções pelo AG. É possível perceber o valor de aptidão mais baixo com relação ao Gráfico da simulação anterior, pois o melhor touro não é válido para nenhuma combinação de acasalamento.

Gráfico 4 – resultado da simulação 4.



Fonte: Autor (2019)

A Figura 17 ilustra a utilização de cada touro durante a simulação 4. Onde se pode perceber que o touro de Id: 823149 não foi utilizado para solução do problema pelo AG.

Figura 17 – lista de utilização de touros da simulação 4.

Id:	89320	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4104
Id:	93504	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2841
Id:	98598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3229
Id:	99629	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.0948
Id:	202854	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2411
Id:	256290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.902
Id:	260788	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.2414
Id:	298642	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.141
Id:	298823	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-2.6075
Id:	298824	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.1404
Id:	310467	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-1.0406
Id:	310540	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3767
Id:	310931	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3097
Id:	344756	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.348
Id:	349290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.3874
Id:	363374	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.5834
Id:	363675	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.8656
Id:	370505	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-1.1522
Id:	370548	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2826
Id:	370797	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4122
Id:	370805	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0744
Id:	394077	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0107
Id:	413808	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3111
Id:	417984	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	1	válido?	SIM	IQG:	0.1602
Id:	440176	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4917
Id:	440199	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.6836
Id:	444230	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.2664
Id:	445010	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	1	válido?	SIM	IQG:	0.2155
Id:	445571	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	26	válido?	SIM	IQG:	0.0787
Id:	513598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4798
Id:	513912	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.5799
Id:	532785	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.265
Id:	533501	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4517
Id:	670565	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.8839
Id:	823149	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	1.8761
Id:	835096	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.9254
Id:	880340	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.9255>

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 8 apresenta os parâmetros da simulação 5. Nesta simulação a geração de parada foi definida e 1000 e o tamanho da população definida em 1136. O touro de Id 823149 continua com consanguinidade inválida para todos os acasalamentos. E difere-se da simulação 4, pelo fato de terem sido ajustados a pretensão de utilização mínima de 3 (três) outros touros, são eles Id: 260788 / IQG 0.2414 / Min: 30, Id: 370505 / IQG: -1,1522 / Min: 10, Id: 440199 / IQG: 1.6836 / Min: 10.

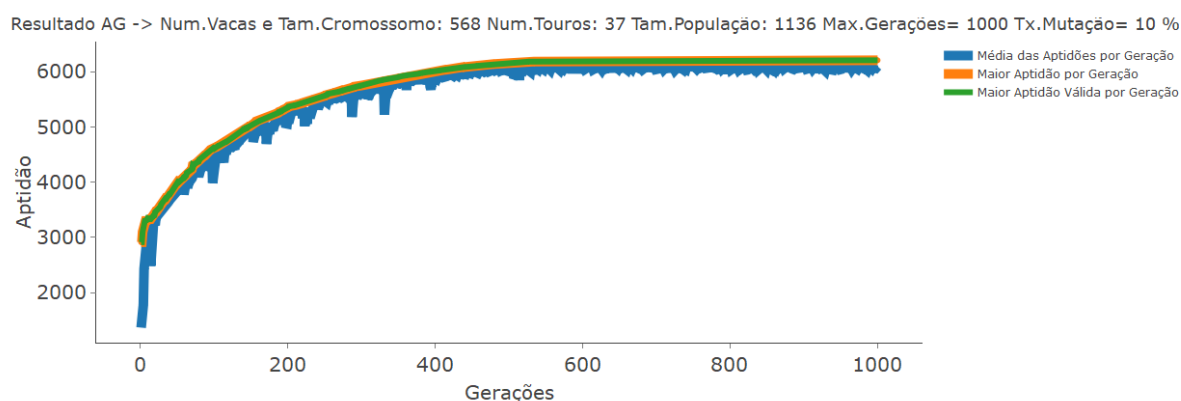
Tabela 8 – Tabela descritiva da Simulação 5

Simulação 5	Parâmetros
Número de Touros	37
Número de Vacas	568
Tamanho da População	1136
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Similar ao IQG
Observações	Restrição de consanguinidade de todas combinações com o touro de Id 823149 tendo o valor de consanguinidade ajustado para 4% e 3 (três) touros com mínimo de utilização definidos: Id: 260788 / IQG 0.2414 / Min: 30, Id: 370505 / IQG: -1,1522 / Min: 10, Id: 440199 / IQG: 1.6836 / Min: 10.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 5 ilustra a evolução das soluções pelo AG. É possível identificar a evolução média dos cromossomos de cada geração, bem como a evolução da melhor combinação encontrada em cada geração. A maior aptidão válida varia de aproximadamente 2.900 na primeira geração até 6000 na última geração, ou seja, uma melhora de mais de 100% em relação a melhor combinação inicial.

Gráfico 5 – resultado da simulação 5.



A Figura 18 ilustra a utilização de cada touro durante a simulação. É possível identificar os máximos e mínimos definidos para cada touro, bem como o seu uso. O touro Id: 823149 não foi combinado com nenhuma vaca, já o touro Id: 260788 teve seu mínimo de utilização ajustado para 30 e foi utilizado 30 vezes, o touro de Id: 370505 teve seu mínimo de utilização ajustado para 10 e teve 10 utilizações, poderia

ter sido utilizado até 30 vezes, mas como é um touro inferior, o AG respeitou o mínimo e as respostas que maximizavam o valor da função objetivo foram localizadas. Em contrapartida, o touro Id: 440199 também teve seu mínimo ajustado para 10, porém como é um touro de qualidade superior (DEPs superiores) teve seu máximo de utilização realizado pelo AG.

Figura 18 - lista de utilização de touros da simulação 5.

Id: 89320	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.4104
Id: 93504	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.2841
Id: 98598	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.3229
Id: 99629	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.0948
Id: 202854	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.2411
Id: 256290	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.902
Id: 260788	MáximoUso: 30	MínimoUso: 30	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.2414
Id: 298642	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.141
Id: 298823	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -2.6075
Id: 298824	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.1404
Id: 310467	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -1.0406
Id: 310540	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.3767
Id: 310931	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.3097
Id: 344756	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.348
Id: 349290	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.3874
Id: 363374	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.5834
Id: 363675	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.8656
Id: 370505	MáximoUso: 30	MínimoUso: 10	Uso: 10	válido?	SIM	IQG: -1.1522
Id: 370548	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.2826
Id: 370797	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.4122
Id: 370805	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.0744
Id: 394077	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.0107
Id: 413808	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.3111
Id: 417984	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: 0.1602
Id: 440176	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.4917
Id: 440199	MáximoUso: 30	MínimoUso: 10	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.6836
Id: 444230	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 1.2664
Id: 445010	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: 0.2155
Id: 445571	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 18	válido?	SIM	IQG: 0.0787
Id: 513598	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.4798
Id: 513912	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.5799
Id: 532785	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.265
Id: 533501	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.4517
Id: 670565	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.8839
Id: 823149	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: 1.8761
Id: 835096	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IQG: 0.9254
Id: 880340	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IQG: -0.9255>

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 9 apresenta os parâmetros da simulação 6. Nesta simulação, foi ajustada a função objetivo, onde duas DEPs distintas do índice IQG foram ponderadas para serem as DEPs objetivas do produtor. Assim, a DEP de Peso ao Nascimento (PNDEP) e a DEP de Ganho de Peso Diário (GPDDEP) foram ponderadas da seguinte maneira: 80% para PNDEP e 20% para GPDDEP. Nenhum touro teve mínimos definidos e todos possuíam validade de consanguinidade, podendo ser combinado todos os touros com todas as vacas.

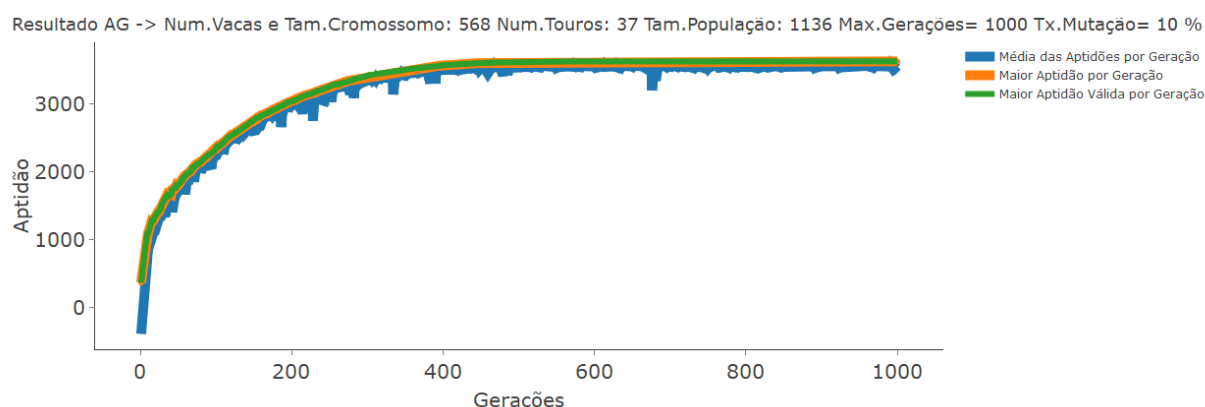
Tabela 9 – Tabela descritiva da Simulação 6

Simulação 6	Parâmetros
Número de Touros	37
Número de Vacas	568
Tamanho da População	1136
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Ponderando em 80% para PNDEP e 20% para GPDDEP.
Observações	Restrição de consanguinidade de todas combinações com o touro de Id 823149 tendo o valor de consanguinidade ajustado para 4%. E Função IQG ponderando em 80% para PNDEP e 20% para GPDDEP.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 6 ilustra a evolução das soluções pelo AG. É possível identificar a evolução média dos cromossomos de cada geração, bem como a evolução da melhor combinação encontrada em cada geração.

Gráfico 6 – resultado da simulação 6.



Fonte: Autor (2019)

A Figura 19 é possível observar que os touros utilizados, em sua maioria, possuem a média ponderada de PNDEP e GPDDEP maiores. Importante ressaltar que a DEP PNDEP tem maior qualificação com menores valores, ou seja, quanto menor melhor.

Figura 19 - lista de utilização de touros da simulação 6.

Id:	89320	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4104	PNDEP80%+GPDDEP20%	5.37863
Id:	93504	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.2841	PNDEP80%+GPDDEP20%	-10.52088
Id:	98598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3229	PNDEP80%+GPDDEP20%	-13.37121
Id:	99629	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.0948	PNDEP80%+GPDDEP20%	-7.433504
Id:	202854	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	-0.2411	PNDEP80%+GPDDEP20%	15.03748
Id:	256290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	-0.902	PNDEP80%+GPDDEP20%	1.879904
Id:	260788	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	27	válido?	SIM	IQG:	0.2414	PNDEP80%+GPDDEP20%	1.715895
Id:	298642	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	-0.141	PNDEP80%+GPDDEP20%	19.7261
Id:	298823	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	-2.6075	PNDEP80%+GPDDEP20%	26.61459
Id:	298824	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.1404	PNDEP80%+GPDDEP20%	11.23591
Id:	310467	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-1.0406	PNDEP80%+GPDDEP20%	-8.741886
Id:	310540	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3767	PNDEP80%+GPDDEP20%	12.28081
Id:	310931	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.3097	PNDEP80%+GPDDEP20%	-5.349892
Id:	344756	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	-0.348	PNDEP80%+GPDDEP20%	12.56762
Id:	349290	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	1.3874	PNDEP80%+GPDDEP20%	-11.20492
Id:	363374	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.5834	PNDEP80%+GPDDEP20%	-4.888913
Id:	363675	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	1.8656	PNDEP80%+GPDDEP20%	-45.04982
Id:	370505	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	-1.1522	PNDEP80%+GPDDEP20%	16.02118
Id:	370548	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	1	válido?	SIM	IQG:	-0.2826	PNDEP80%+GPDDEP20%	1.62539
Id:	370797	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.4122	PNDEP80%+GPDDEP20%	-8.432404
Id:	370805	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0744	PNDEP80%+GPDDEP20%	57.74302
Id:	394077	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.0107	PNDEP80%+GPDDEP20%	8.623025
Id:	413808	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.3111	PNDEP80%+GPDDEP20%	13.73479
Id:	417984	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.1602	PNDEP80%+GPDDEP20%	-6.555443
Id:	440176	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4917	PNDEP80%+GPDDEP20%	-8.432404
Id:	440199	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	1.6836	PNDEP80%+GPDDEP20%	4.277775
Id:	444230	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	1.2664	PNDEP80%+GPDDEP20%	-14.64934
Id:	445010	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.2155	PNDEP80%+GPDDEP20%	-53.0156
Id:	445571	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.0787	PNDEP80%+GPDDEP20%	4.099676
Id:	513598	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.4798	PNDEP80%+GPDDEP20%	15.50779
Id:	513912	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.5799	PNDEP80%+GPDDEP20%	-37.44933
Id:	532785	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	0.265	PNDEP80%+GPDDEP20%	-16.05012
Id:	533501	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	-0.4517	PNDEP80%+GPDDEP20%	-21.11489
Id:	670565	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.8839	PNDEP80%+GPDDEP20%	2.610629
Id:	823149	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	0	válido?	SIM	IQG:	1.8761	PNDEP80%+GPDDEP20%	6.732201
Id:	835096	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	0.9254	PNDEP80%+GPDDEP20%	19.67912
Id:	880340	MáximoUso:	30	MínimoUso:	0	uso:	30	válido?	SIM	IQG:	-0.9255	PNDEP80%+GPDDEP20%	5.712345

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 10 apresenta os parâmetros da simulação 7. Nesta simulação, a base de dados foi alterada, constando de 148 vacas e 17 touros, todos distintos da base de dados das simulações anteriormente expostas. A função objetiva é similar ao IQG em sua ponderação nas principais DEPs. O tamanho da população é o dobro do número de vacas, ou seja, 296. Nesta simulação não foi ajustado mínimo de touros nem restrita consanguinidade, ou seja, todos os touros podem acasalar com todas as vacas até o limite de utilização máximo de touros definido em 30.

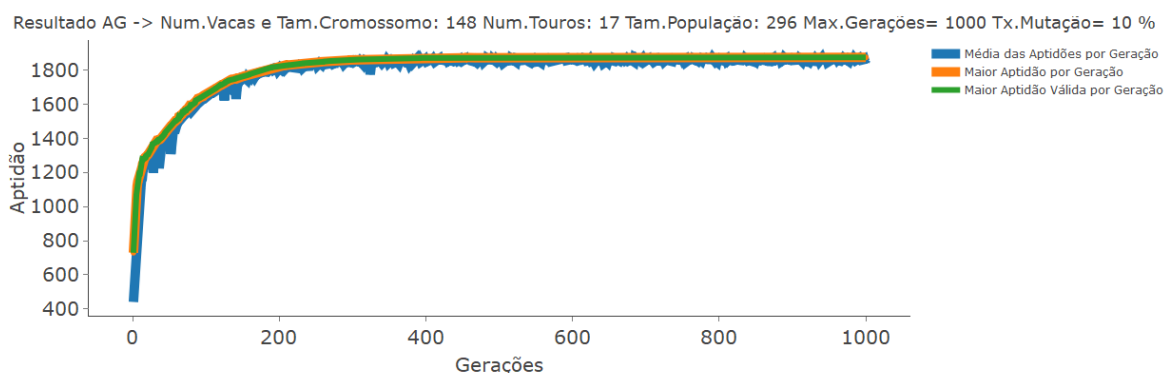
Tabela 10 – Tabela descritiva da simulação 7.

Simulação 7	Parâmetros
Número de Touros	17
Número de Vacas	148
Tamanho da População	296
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Similar ao IQG.
Observações	Nenhuma restrição de consanguinidade existente. Todos os touros poderiam acasalar com todas as vacas até o limite máximo de cada touro, sem mínimo obrigatório.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 7 ilustra a evolução das soluções pelo AG. É possível notar que diferente dos Gráficos anteriores, a linha azul, a linha laranja, e a linha verde estão muito próximas, indicando que tanto as médias quanto as maiores aptidões de acasalamento são muito semelhantes. Isto se deve ao fato da quantidade de animais e dos valores de suas DEPs. É possível visualizar que no início da execução do AG, a maior aptidão válida estava próxima ao valor 750, porém com a evolução do AG na última geração este valor está próximo de 1.800, gerando um aumento de mais de 100%.

Gráfico 7 – resultado da simulação 7.



A Figura 20 ilustra a utilização de cada touro durante a simulação. É possível identificar que o AG utilizou em sua maioria os animais com IQG mais elevado, apesar deste não ser um parâmetro exclusivo da função objetiva.

Figura 20 - lista de utilização de touros da simulação 7.

Id: 257357	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: -0.0753
Id: 259451	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: -1.6108
Id: 259455	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: -0.3499
Id: 259456	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 27	válido? SIM	IQG: 0.6508
Id: 284385	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: 0.0731
Id: 284407	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: -1.2555
Id: 284416	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 1	válido? SIM	IQG: -0.4628
Id: 318628	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido? SIM	IQG: 0.6615
Id: 331630	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: 0.4727
Id: 375797	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: -1.7902
Id: 531837	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: -0.3522
Id: 535135	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido? SIM	IQG: 0.6793
Id: 536853	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: -0.953
Id: 795027	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: 0.3588
Id: 795047	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido? SIM	IQG: 1.2078
Id: 795048	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 30	válido? SIM	IQG: 1.8221
Id: 843984	MáximoUso: 30	MínimoUso: 0	Uso: 0	válido? SIM	IQG: 0.6152>

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 11 apresenta os parâmetros da simulação 8. A diferença entre esta simulação e a simulação 7, está na alteração do valor de consanguinidade entre os acasalamentos do melhor touro. O touro de Id: 795048 teve sua validade anulada para acasalar com todas as vacas da simulação.

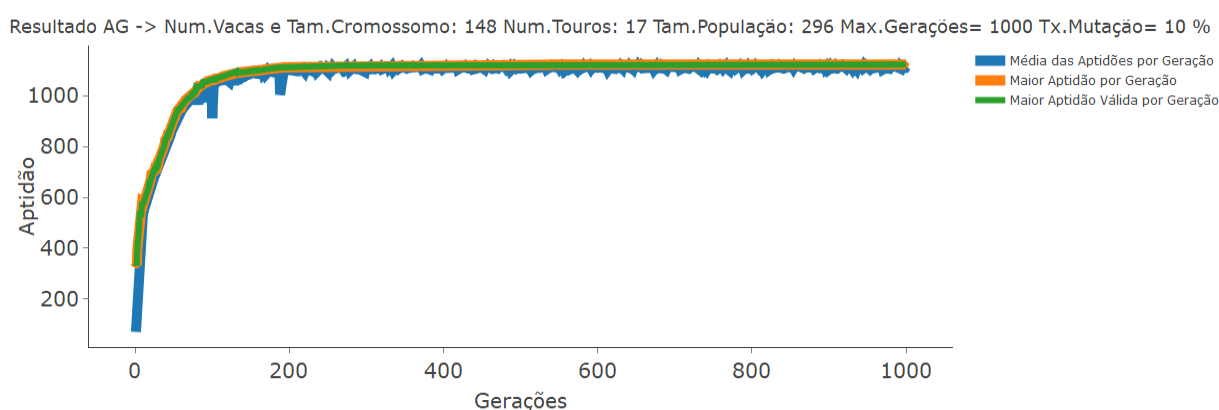
Tabela 11 – Tabela descritiva da Simulação 8

Simulação 8	Parâmetros
Número de Touros	17
Número de Vacas	148
Tamanho da População	296
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Similar ao IQG.
Observações	Nesta simulação foi ajustado o valor da consanguinidade dos touros de Id: 795047, 795048 e 535135 para 4% com todas as vacas, restringindo assim as suas utilizações.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 8 ilustra a evolução das soluções pelo AG. É possível identificar que os valores das aptidões foram consideravelmente inferiores aos da simulação anterior que utilizou todos os touros. Mas ilustra também que o AG encontrou a solução.

Gráfico 8 – resultado da simulação 8.



Fonte: Autor (2019)

A Figura 21 ilustra a utilização de cada touro durante a simulação. Nesta simulação, a consanguinidade do touro de ID 795048, que possui o melhor IQG, foi ajustado para consanguinidade de 4% com todas as vacas da simulação, tornando-

se inválido para representar uma resposta ao problema. Na Figura, observa-se a não utilização deste touro. O AG utilizou, na sua maioria os melhores touros disponíveis.

Figura 21 - lista de utilização de touros da simulação 8.

```

Id: 257357 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.0753
Id: 259451 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -1.6108
Id: 259455 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.3499
Id: 259456 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 30 válido? SIM IQG: 0.6508
Id: 284385 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 0.0731
Id: 284407 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -1.2555
Id: 284416 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.4628
Id: 318628 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 30 válido? SIM IQG: 0.6615
Id: 331630 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 30 válido? SIM IQG: 0.4727
Id: 375797 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -1.7902
Id: 531837 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.3522
Id: 535135 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 0.6793
Id: 536853 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.953
Id: 795027 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 28 válido? SIM IQG: 0.3588
Id: 795047 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 1.2078
Id: 795048 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 1.8221
Id: 843984 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 30 válido? SIM IQG: 0.6152>

```

Fonte: Autor (2019)

A Tabela 12 apresenta os parâmetros da simulação 9. Nesta simulação, a geração de parada foi definida em 1000 e o tamanho da população definida em 296. O touro de Id 795048 continua com consanguinidade inválida para todos os acasalamentos. E diferencia-se da simulação 8, pelo fato de terem sido ajustados a pretensão de utilização mínima de 3 (três) outros touros, são eles Id: 259451 / IQG - 16.108 / Min: 10, Id: 284407 / IQG: -12.555 / Min: 10, Id: 795047 / IQG: 12.078 / Min: 10.

Tabela 12 – Tabela descritiva da Simulação 9

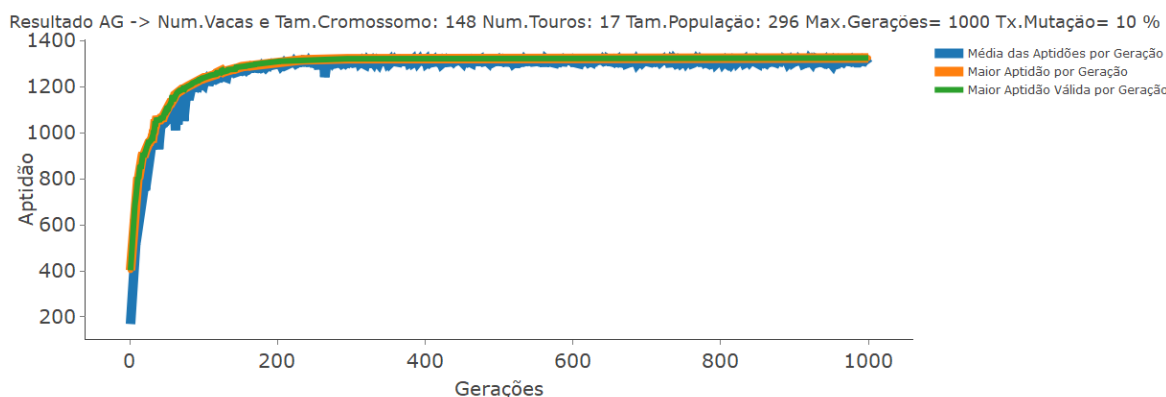
Simulação 9	Parâmetros
Número de Touros	17
Número de Vacas	148
Tamanho da População	296
% Consanguinidade	Menor ou igual a 3%
% Mutação	10%
Geração de Parada	1000
Função de Avaliação	Similar ao IQG.
Observações	Nesta simulação não existe restrição de consanguinidade com nenhuma combinação. Foi ajustado o valor de mínima utilização de dois animais de IQG inferior e um animal de IQG superior.

Fonte: Autor (2019)

O Gráfico 9 a seguir ilustra a evolução das soluções pelo AG. É possível identificar a evolução média dos cromossomos de cada geração, bem como a evolução da melhor combinação encontrada em cada geração. O valor da aptidão diminui drasticamente com relação as demais simulações utilizando esta base de

dados, pois alguns animais de características inferiores foram indicados com mínima utilização.

Gráfico 9 – resultado da simulação 9.



A Figura 22 ilustra a utilização de cada touro durante a simulação. É possível identificar os máximos e mínimos definidos para cada touro, bem como o seu uso. O touro Id: 795048 não foi combinado com nenhuma vaca, já o touro Id: 259451 teve seu mínimo de utilização ajustado para 10 e foi utilizado 10, o touro de Id: 284407 teve seu mínimo de utilização ajustado para 10 e foi utilizado 10 vezes, poderiam ter sido utilizados até 30 vezes, mas como são touros inferiores o AG respeitou o mínimo e as respostas que maximizavam o valor da função objetivo foram localizadas. Em contrapartida, o touro Id: 795047 também teve seu mínimo ajustado para 10, porém como é um touro de qualidade superior (DEPs superiores) teve seu máximo de utilização realizado pelo AG.

Figura 22 - lista de utilização de touros da simulação 9.

```

Id: 257357 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.0753
Id: 259451 MáximoUso: 30 MínimoUso: 10 Uso: 10 válido? SIM IQG: -1.6108
Id: 259455 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.3499
Id: 259456 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 8 válido? SIM IQG: 0.6508
Id: 284385 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 0.0731
Id: 284407 MáximoUso: 30 MínimoUso: 10 Uso: 10 válido? SIM IQG: -1.2555
Id: 284416 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.4628
Id: 318628 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 30 válido? SIM IQG: 0.6615
Id: 331630 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 0.4727
Id: 375797 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -1.7902
Id: 531837 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.3522
Id: 535135 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 30 válido? SIM IQG: 0.6793
Id: 536853 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: -0.953
Id: 795027 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 0.3588
Id: 795047 MáximoUso: 30 MínimoUso: 10 Uso: 30 válido? SIM IQG: 1.2078
Id: 795048 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 30 válido? SIM IQG: 1.8221
Id: 843984 MáximoUso: 30 MínimoUso: 0 Uso: 0 válido? SIM IQG: 0.6152>

```

> Fonte: Autor (2019)

A Figura 23 ilustra a saída do AG para entregar a recomendação de acasalamento da simulação. A variável V1 é o Id do proprietário do rebanho, a variável V2 é o Id do Pai (touro) e a variável V3 é o Id da Mãe (vaca). Esta saída pode ser em arquivo de texto ou inserida diretamente em uma Tabela do banco de dados onde o AG estiver rodando.

Figura 23 – Exemplo da listagem de acasalamentos de saída do AG

	A	B	C	D	E
1	V1	V2	V3		
2	557	370797	88157		
3	557	440199	88158		
4	557	417984	88161		
5	557	835096	88162		
6	557	89320	88164		
7	557	394077	88166		
8	557	417984	88171		
9	557	370797	88172		
10	557	417984	88173		
11	557	835096	88174		
12	557	363675	88179		
13	557	440199	88181		
14	557	370805	88183		

Fonte: Autor (2019)

5.2 Discussão dos resultados

Além das simulações apresentadas nos resultados, diversos testes e alterações no algoritmo foram implementadas seguindo estudos relatados nos trabalhos correlatos. O AG passou a convergir somente quando da implementação de uma população inicial não aleatória em sua plenitude, mas sim, uma população inicial inclinada na resolução do problema conforme sugestionado por Razip e Zacaria (2017). Somente com a população inicial respeitando regras de consanguinidade, máxima e mínima utilização de touros não foi suficiente para visualizar a convergência do AG em busca de maximização da função objetivo. Foi necessária a aplicação de penalidades aos cromossomos das novas gerações que infringiam às regras impostas, conforme enfatizado no trabalho de Carvalheiro; Queiroz e Kinghorn (2010), permitindo assim que cromossomos válidos pudessem gerar descendentes com maior frequência que aqueles não válidos.

Entretanto, mesmo penalizando os inválidos, se a forma de seleção fosse aleatória como no torneio, ainda não seria possível atingir os resultados pretendidos. Deste modo, seguindo Carvalheiro; Queiroz e Kinghorn (2010), foi implementada a

roleta viciada que proporciona aqueles cromossomos com maior aptidão uma maior probabilidade de seleção para acasalamento. Nos estudos de Linden (2012), encontramos indicativos de possibilidade de utilização de diversas formas de seleção conjuntas, o que de fato foi utilizado e apresentou resultados de convergência rápida, mas não imatura.

Apesar de indicar nos relatórios das simulações a quantidade de touros escolhidos e algumas breves comparações entre os melhores touros, o AG proporciona a melhor combinação entre touros e vacas, ou seja, com que vaca o touro está sendo acasalado, e esta composição, indica ao final do AG quais touros com quais vacas irão acasalar para obter o indicativo da simulação.

Na simulação 1, é possível verificar que o AG selecionou a maioria dos touros com IQG superior, porém algumas sugestões foram de touros inferiores a touros não selecionados. Neste caso específico, onde somente as DEPs participantes do IQG foram utilizadas na busca dos acasalamentos, uma comparação direta entre os touros selecionados e os touros potencialmente selecionáveis, verifica-se a semelhança com um valor máximo que poderia ter sido obtido.

Na simulação 2, buscou-se comprovação se o tamanho da população inicial representada pelo dobro do número de vacas, quando ampliado traria maior abrangência as demais áreas de busca. Assim, foi definido o tamanho da população 10 vezes a quantidade de vacas, ou seja, aumento de 5 vezes o tamanho da população da simulação 1 e um aumento de 50% das gerações passando de 1.000 para 1.500. Nesta simulação, os percentuais de escolha dos melhores touros não foram alterados de forma extrema, indicando que para esta resolução de problema o tamanho a população inicial sendo duas ou dez vezes o número de vacas tem pouco impacto no resultado final, porém quanto maior a população inicial, maior o tempo de processamento do AG.

Na simulação 3, foi uma replicação da simulação 1, apesar de apresentar algumas diferenças na utilização de touros, o que nota-se é a busca do AG pela ótima solução. Conforme exposto durante a pesquisa realizada, as respostas de um AG dificilmente irão se repetir, porém ambas respostas, tanto da simulação quanto da simulação 2 indicam resolver o problema de combinação de acasalamento de forma satisfatória.

Na simulação 4, foi propositalmente invalidado o melhor touro, atribuindo a combinação deste com todas as vacas participantes da simulação a

consanguinidade de 4%, ou seja, acima dos 3% estabelecidos para as simulações. Nota-se que o AG resolveu o problema não utilizando o referido touro, validando a regra de restrição de consanguinidade e comparando o IQG dos touros selecionados, escolhendo na sua maioria os melhores touros possíveis.

Na simulação 5, além da restrição de consanguinidade do touro 823149, foi imposta a utilização mínima de 3 touros, onde foi notória a aplicação das indicações mínimas. Porém, aqueles que não eram superiores nas qualidades que compunham a função objetivo, não ultrapassaram o mínimo inferido. Já, aqueles que possuíam DEPs superiores foram utilizados até o máximo delimitado.

Na simulação 6, os objetivos do produtor (em forma de simulação) para combinação de acasalamento são diferentes do IQG do programa, onde a ponderação de seus objetivos inclinaram-se para 80% de peso ao nascimento e 20% para ganho de peso diário. Neste contexto em que a DEP PNDEPé melhor quando seu valor é menor, evidencia-se que os valores baixos ou negativos são o alvo desta DEP. Desprezando as demais DEPs, o AG selecionou na sua maioria os melhores touros para a função indicada.

Na simulação 7, onde foram utilizados outros animais do programa, foi definida uma função objetivo com as ponderações do IQG. Apesar de visível a indicação de touros com IQG abaixo de touros com IQG maior, se comparada a valoração dos IQGs entre os touros utilizados e os não utilizados, o AG escolheu na sua maioria os melhores touros.

Na simulação 8, a mesma base de dados da simulação 7 foi utilizada, porém foi ajustado o valor da consanguinidade do touro de maior IQG, touro de id: 795048 para que fosse incompatível com todas as vacas da simulação. O valor de 4% infringe a regra da consanguinidade utilizada que foi de 3%. O AG não utilizou o touro incompatível e, assim como na simulação 7.

Na simulação 9, além do touro com melhor IQG estar limitado pela consanguinidade, 3 (três) touros tiveram seus mínimos indicativos ajustados, onde foi notória a aplicação do AG, porém aqueles que não eram superiores geneticamente aos demais participantes, não ultrapassaram o mínimo inferido. Já aqueles que possuíam DEPs superiores foram utilizados até o máximo delimitado.

Conforme análise das simulações observa-se que o AG respeita as regras de consanguinidade, de máxima utilização de touros, de mínima utilização de touros, de ajuste de função objetiva, podendo contribuir e indicar combinação de

acasalamentos entre animais que possuam suas DEPs disponíveis. A técnica mostrou-se satisfatória na busca que maximização de resultados. Sendo uma técnica heurística, ou seja, que não analisa todas as possibilidades possíveis, podem ocorrer que, durante a criação da população inicial, algumas possibilidades não sejam contempladas e, salvo ocorrerem durante as reproduções ou mutações, não serão utilizadas. Ainda, para cada execução do AG, uma nova resposta será gerada, pois esta técnica é uma técnica heurística que utiliza da aleatoriedade guiada.

5.3 *Benchmark*

Neste tópico, foram revisitados os trabalhos correlatos e verificadas as diferenças entre os métodos e os achados científicos buscando a validação da contribuição da pesquisa. Infelizmente não foi possível a comparação entre as respostas advindas deste trabalho e das soluções dos demais trabalhos, exceto pela diferenciação de técnicas abordadas. Nestas comparações, não existe o intuito de indicar melhores e piores resultados, mas sim, de trazer a discussão os diversos caminhos disponíveis na busca pelo conhecimento.

No trabalho de Carvalheiro; Queiroz e Kinghorn (2010), foi utilizado o algoritmo Diferencial Evolutivo (DE), um método heurístico baseado nos algoritmos evolucionários, definido inicialmente por Storn e Price (1997), que consiste, assim como nos algoritmos genéticos, de cromossomos que são as representações das respostas candidatas. O número máximo de acasalamentos para cada macho foi definido em 40. O DE incrementava o valor dentro do alelo até o máximo de 40, indicando que cada alelo representa um touro. O trabalho realizado teve desdobramentos para gerações futuras em um período de 10 anos, analisando a endogamia e ganho genético dos resultados. A contribuição das fêmeas neste trabalho não foi otimizada, prevalecendo a utilização dos índices únicos dos machos.

Nosso trabalho diferencia-se deste, além da técnica empregada, pois utilizamos Algoritmos Genéticos (AG) ao invés de Diferencial Evolutivo (DE), principalmente pela formação do cromossomo onde, ao invés de atribuir a cada touro (alelo) do cromossomo quantidades de vacas que seriam acasaladas. Nosso

cromossomo possui para cada vaca (alelo) a indicação de um touro. Além disto, nosso trabalho utiliza na função objetivo além dos múltiplos indicadores dos touros, os correlatos indicadores das fêmeas, indicando assim, para somente um período de monta, a melhor combinação entre os touros e as vacas da simulação.

No trabalho de Kinghorn (2011), foi utilizado um algoritmo proprietário intitulado GroupFix, que ao invés de utilizar a penalização nas soluções candidatas que quebrem as regras propostas, utiliza a fixação permissionária, ou seja, uma estratégia que requer um tratamento mais detalhado no estágio de representação do problema para garantir que nenhuma solução candidata rompa as restrições. O GroupFix, além da indicação de acasalamentos para o período de montas, proporciona a análise de gerações sobrepostas dando embasamento para tomadas de decisões futuras. O GroupFix permite a seleção de acasalamento entre animais de vários rebanhos em múltiplas simulações, além de utilizar uma matriz de permissão que é consultada antes de realizar os acoplamentos. No artigo está descrito que o GroupFix não possui nenhuma prova de que o algoritmo acessa espaços de solução completa, porém através da mediação de um supervisor, foi realizado teste por este mediador, onde o algoritmo encontrou uma solução produzida independentemente do GroupFix para validação. O GroupFix é utilizado pelo portal Matesel, um portal utilizado pelos produtores de bovinos de corte da Austrália que participam de associações com programas de melhoramentos genéticos cadastrados.

Nosso trabalho diferencia-se deste, além da técnica empregada, pois utilizamos Algoritmos Genéticos e o *GroupFix* que também é um algoritmo de características evolutivas não identifica a técnica utilizada, e também, principalmente pelo método de validação das soluções candidatas, onde utilizamos penalizações ao invés de fixação permissionária. Além disso, as publicações acerca do acesso pelos Algoritmos Genéticos e Algoritmos Evolucionários às regiões globais para solução do problema estão amplamente difundidas. O *GroupFix* é utilizado como *back-end* pelo portal Matesel <https://www.matesel.com> ou <http://matesel.une.edu.au/>, onde realizamos testes disponíveis pelo autor, porém não foi possível realizar comparações com a execução da base de dados do PampaPlus, pois o *MateSel* está atualmente disponível apenas para as Sociedades Australianas de Raça de Carne que possuem um sistema de banco de dados de desempenho e de pedigree ILR2 (*International Livestock Registry*). Na documentação do referido portal,

encontra-se, ainda, a indicação de que a otimização do progresso genético utiliza como base um índice de seleção. Assim, outra diferença com o GroupFix está na utilização de múltiplas DEPs com pesos escolhidos pelo produtor.

6. CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS

Este trabalho objetivou utilizar a abordagem de algoritmos genéticos buscando melhorar o processo de seleção de acasalamentos, com base nas Diferenças Esperadas de Progênie (DEPs) no contexto do programa de melhoramento genético PampaPlus. Para tanto, foi desenvolvido um algoritmo genético utilizando técnicas abordadas em trabalhos científicos já publicados, como a criação da população inicial inclinada para a solução do problema, penalização de respostas candidatas que não respeitavam as regras definidas, ajustes da função objetivo ponderando pelas características de preferencia do produtor, bem como limitando a máxima utilização e a mínima utilização de touros e percentual de consanguinidade.

A problemática da pesquisa foi resolvida, ou seja, a hipótese foi corroborada quando da validação do algoritmo genético foi realizada através das simulações. Foi possível identificar soluções de acasalamentos de bovinos com base nas Diferenças Esperadas de Progênie (DEP), onde as respostas ótimas encontradas pelo AG mostram a concentração da utilização de touros superiores e consequentemente de combinações com vacas que maximizaram os valores de resposta da função objetivo.

A aplicação do AG em bases de dados reais e simuladas indicam que a abordagem traz melhoria no processo, uma vez que mostra evolução de combinações de acasalamento com base em uma função matemática objetiva que reflete os desejos do produtor por melhorar determinadas características do seu rebanho. Esta não é uma abordagem final, pois é um algoritmo longe da maturidade e principalmente por necessitar de melhorias de desempenho, onde é possível diminuir o tempo de processamento atual, possibilitar também que as regras possam ser quebradas quando o AG não encontrar solução válida realizando através ajustes automáticos de suas regras. Acreditamos que a utilização deste AG em conjunto com um *front-end* possa alcançar resultados ainda mais satisfatórios no que tange o processo de escolha de acasalamentos de bovinos pelos produtores de gado, pois, através de uma interface intuitiva, o usuário poderá selecionar os animais, escolher as ponderações da sua função objetivo, visualizar graficamente de forma

simplificada os resultados gerados pelo AG, podendo, ainda, através desta interface, reorganizar os resultados e analisar as diferenças.

A maior contribuição deste trabalho está na indicação de sua validade como ferramenta de seleção de acasalamentos com base em múltiplos objetivos utilizando uma busca heurística de simples implementação. O AG trará benefícios não só a produtores de genética, mas a toda cadeia produtiva de carne bovina, e consequentemente aos consumidores, pois ao fornecer recomendações de acasalamento que podem aumentar, como exposto nas simulações em alguns casos, mais de 100% o melhoramento genético, de uma combinação de acasalamento realizada aleatoriamente. Durante o desenvolvimento do AG, muitos obstáculos com a linguagem de desenvolvimento surgiram e abriram vertentes de estudo para a pesquisa de otimização de códigos, bem como para a aplicação de técnicas de paralelismo e clusterização.

Com relação a trabalhos futuros, pretende-se:

- Publicar artigo em revista especializada
- Armazenar as simulações para acesso posterior pelos usuários
- Desenvolver relatórios dinâmicos
- Otimizar a execução do AG utilizando técnicas de paralelismo, clusterização após esgotadas as melhorias no algoritmo atual.
- Implementar como *back-end* do sistema legado PampaPlusnet, onde a utilização rotineira pelos produtores de genética deste programa poderão indicar melhorias e entregar *feedbacks* de seus avanços. A implementação deste *back-end* já está em desenvolvimento, conjuntamente com técnicos da EMBRAPA que estão desenvolvendo o *front-end* já com interfaces de comunicação com AG.

REFERÊNCIAS

ABREU, Urbano Gomes Pinto de, et al. Sistemas intensivos de produção na região tropical brasileira. *In: JORNADA [DO] NÚCLEO DE ESTUDOS EM SISTEMAS DE PRODUÇÃO DE BOVINOS DE CORTE E CADEIA PRODUTIVA*, 10.; SIMPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE SISTEMA DE PRODUÇÃO DE BOVINOS DE CORTE, 2., 2015. **Anais[...]**. Porto Alegre: UFRGS, 2015.

AKACHUKWU, Chichebe Maduabuchi. et al. A decade survey of engineering applications of genetic algorithm in power system optimization. *In: Intelligent Systems, Modelling and Simulation (ISMS)*, 2014 5th International Conference on. IEEE, 2014. p. 38-42.

ALBUQUERQUE, Lúcia Galvão, et al. **Princípios de avaliação genética**. 2011. Disponível em:
http://www2.ufersa.edu.br/portal/view/uploads/setores/183/arquivos/PRIN_CIPIOS%20DE%20AVALIACAO%20GENETICA.pdf. Acesso em: 21 dez. 2017.

BARRETO NETO, Arnaldo Dantas. **Estrutura populacional e otimização de esquemas de acasalamento em ovinos com uso de algoritmos evolucionários**. 76 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, Sergipe 2014. Disponível em:
https://ri.ufs.br/bitstream/riufs/6383/1/ARNALDO_DANTAS_BARRETO_NETO.pdf. Acesso em 20 nov. 2018.

BARROS, Alexandre Lahóz Mendonça de ; HAUSKNECHT, José Carlos O. Farrill Vannini. Mudanças tecnológicas elevam produtividade. **Revista Visão Agrícola**, Piracicaba, n. 3, p. 59 a 62, jan/jun. 2005.

BERGMANN, José Aurélio Garcia, Deps: Como calcular e como utilizar. *In: SIMPÓSIO NACIONAL SOBRE PRODUÇÃO E GERENCIAMENTO DA PECUÁRIA DE CORTE*, v. 2, 2001, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: UFMG, 2001. p. 191-195.

BRINKS, James Stephen. Diferença Esperada na Progênie. (Definições, Cálculos, Interpretações e Usos). **Manual do Criador**. Tradução: Núcleo de Zootecnia, revisão Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira – Botucatu: UNESP, 2013.

CARDOSO, Fernando Flores. **Ferramentas e estratégias para o melhoramento genético de bovinos de corte**. Bagé: EMBRAPA, 2009. 42 p. (Pecuária Sul Documentos, v.83).

CARDOSO, Fernando Flores; LOPA, Thaís Maria Bento Píres. (org.) **PampaPlus: avaliação genética Hereford e Braford**. [Manual do 7º Curso de Melhoramento de Bovinos de corte PmpaPlus / EMBRAPA]. Bagé: EMBRAPA- Pecuária Sul, 2015.

CARVALHEIRO, Roberto; QUEIROZ, Sandra Aidar de; KINGHORN, Brian. Optimum contribution selection using differential evolution. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 7, p. 1429-1436, 2010.

CARVALHO, Thiago Bernardino de; ZEN, Sérgio. A cadeia de pecuária de corte no Brasil: evolução e tendências. **Revista iPecege**, v. 3, n. 1, p. 85-99, 2017.

DARWIN, Charles. A origem das espécies. [2003].

DAS, Swagatam; KONAR, Amit; CHAKRABORTY, Uday Kumar. **Two improved differential evolution schemes for faster global search**, to appear in the ACM-SIGEVO Proceedings of GECCO, Washington D.C., jun. 2005. Disponível em: <https://dl.acm.org/citation.cfm?id=1068177>. Acesso em: 05 nov. 2018.

DAS, Swagatam; KONAR, Amit; CHAKRABORTY, Uday Kumar. **Differential Evolution Using a Neighborhood-Based Mutation Operator**, IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Vol. 13, No. 3, p. 526-553, jun. 2009. Disponível em: https://www.softcomputing.net/tevc2009_1.pdf. Acesso em: 07 nov. 2018.

EUCLIDES FILHO, Kepler. **O melhoramento genético e os seus cruzamentos em bovinos de corte**. Campo Grande: EMBRAPA-CNPGC, 1996. 35 p.(EMBRAPA-CNPGC, 63).

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. U. How to Feed the World in 2050. *In*: **Rome: High-Level Expert Forum**. 2009.

FONSECA, Carlos Manuel Mira da; FLEMING Peter John. **An overview of evolutionary algorithms in multiobjective optimization**. Evolutionary Computation, v. 3, Spring 1995.

GONDRO, Cedric; KINGHORN, Brian. **Application of Evolutionary Algorithms to solve complex problems in Quantitative Genetics and Bioinformatics**. Guelph: University of Guelph, 2008.

GUMASTE, Sneha ; KADAM, Anil kumar Jayendra. Future weather prediction using genetic algorithm and FFT for smart farming. *In: **Computing Communication Control and automation (ICCUBEA), 2016 International Conference on.** IEEE, 2016. p. 1-6.*

KINGHORN, Brian. An algorithm for efficient constrained mate selection. **Genetics Selection Evolution**, v. 43, n. 1, p. 4, 2011.

LINDEN, Ricardo. **Algoritmos genéticos** – 3.ed. Rio de Janeiro: Editora Ciência Moderna Ltda., 2012.

MARION FILHO, Pascoal José; REICHERT, Henrique; SCHUMACHER, Gabriela. A pecuária no Rio Grande do Sul: a origem, a evolução recente dos rebanhos e a produção de leite. *In: **ENCONTRO DE ECONOMIA GAÚCHA, 6., 2012, Porto Alegre. Anais[...]***. Porto Alegre: FEE, 2012. Disponível em: http://cdn.fee.tche.br/eeg/6/mesa13/A_Pecuaria_no_RSA_origem_Evolucao_Recent_e_dos_Rebanhos_e_a_Producao_de_Leite.pdf. Acesso em: 20 fev. 2018.

MAZZONETTO, Angela; HÖLBIG, Carlos Amaral. Computação de alto desempenho em R: paralelização e técnicas de otimização. *In: **ENCONTRO ANUAL DE TECNOLOGIA DA INFORMAÇÃO E SEMANA ACADÊMICA DE TECNOLOGIA DA INFORMAÇÃO. Anais [...]***. Frederico Westphalen – RS, 2014, p. 269-272.

MUNAWAR, Asim et al. A survey: Genetic algorithms and the fast evolving world of parallel computing. *In: **HIGH PERFORMANCE COMPUTING AND COMMUNICATIONS, 2008. HPCC'08. 10TH IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON.** Anais[...]*. [S.l]: IEEE, 2008. p. 897-902.

OTHMAN, Mohamed Ben; ABDEL-AZIM, Gamil. **Multiple sequence alignment based on genetic algorithms with new chromosomes representation**, IEEE, p. 1030-1033, 2012.

POLLAK, Edgar. **Diferença Esperadas na Progenie (comparações dentro de raças)**. Tradução: Rodrigo de Almeida Teixeira. Tradução de: Expected Progeny Differences (Whithin Breed Comparsons) *In: PROCEEDING OF SYMPOSIUM ON APPLICATION OF EXPECTED PROGENY DIFFERENCES (EDP) TO LIVESTOCK IMPROVEMENT 1992, Anais[...]*. [S.l]:[s.n], 1992.

RAMOS, Dirceu Guilherme et al. Cadeia produtiva da carne bovina no Brasil. **Revista Interação Interdisciplinar**, v. 1, n. 1, p. 229-244, 2017.

RAZIP, Hajar; ZAKARIA, Mohd Nordin. Combining approximation algorithm with genetic algorithm at the initial population for NP-complete problem. *In: RESEARCH AND DEVELOPMENT (SCORED), 2017 IEEE 15TH STUDENT CONFERENCE ON. Anais[...]. [S.]: IEEE, 2017. p. 98-103.*

RISCHKOWSKY, Barbara; PILLING, Dafydd. **The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture.** Food & Agriculture Org., 2007.

ROSA, Antônio do Nascimento, et al. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus.** 1ª edição. Brasília, DF: EMBRAPA, 2013.

SILVA, Edna Lúcia da; MENEZES, Estera Muszkat. **Metodologia da pesquisa e elaboração de dissertação.** 4. ed. Florianópolis: UFSC, 2005. 138 p. Disponível em: www.posarq.ufsc.br/download/metPesq.pdf. Acesso em: 5 abr. 2018.

SINDHIYA, Sonika; GUNASUNDARI, Selvaraj. A Survey on Genetic Algorithm Based Feature Selection for Disease Diagnosis System. *In: IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON COMPUTER COMMUNICATION AND SYSTEMS (ICCCS '14), FEB 20-21, 2014. Anais[...]. Chermali, Índia: [s.n], 2014.*

STORN, Rainer; PRICE, Kenneth. Differential evolution—a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces. **Journal of global optimization**, v. 11, n. 4, p. 341-359, 1997.

TANG, Zhao-xia. Intelligent generating test paper based on improved genetic algorithm. *In: ELECTRONICS INSTRUMENTATION & INFORMATION SYSTEMS (EIIS), 2017 FIRST INTERNATIONAL CONFERENCE ON. Anais[...]. [S.]: IEEE, 2017. p. 1-6.*

TING, Chuan-Kang; BÜNING Hans Kleine. A Mating Strategy for Multi-parent Genetic Algorithms by Integrating Tabu *In: RESEARCH AND DEVELOPMENT (SCORED), 2017 IEEE 2TH STUDENT CONFERENCE ON. Anais[...]. [S.]: IEEE, 2017.*

VAN DER WERF, Julius. An overview of animal breeding programs. **Animal Breeding Use of New Technologies (This is a Post Graduate Foundation Publication)**, 2000. Disponível em: http://i.animalgenome.org/edu/QTL/Julius_notes/01_intr.PDF. Acesso em: 10 out. 2018.

VON ZUBEN, Fernando. Computação evolutiva: uma abordagem pragmática. **Tutorial: Notas de Aula da disciplina IA707, Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação-Universidade Estadual de Campinas**, 2000. Disponível em: ftp://ftp.dca.fee.unicamp.br/pub/docs/vonzuben/ia707_02/revisao.../tema16.doc. Acesso em 20 out.2018.

ZINI, Érico de Oliveira Costa. **Algoritmo genético especializado na resolução de problemas com variáveis contínuas e altamente restritos**. 176 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) - Faculdade de Engenharia de Ilha de Solteira – UNESP, Ilha de Solteira, São Paulo, 2009. Disponível em: www.feis.unesp.br/Home/.../engenhariaeletrica/pos.../234-dissertacao_erico.pdf. Acesso em: 20 set. 2018.