

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PAMPA

ALFREDO PARTELI GOMES

**RECOMENDAÇÃO DE
ACASALAMENTOS PARA
OTIMIZAÇÃO DE MODELOS
BIOECONÔMICOS**

**Bagé
2024**

ALFREDO PARTELI GOMES

**RECOMENDAÇÃO DE
ACASALAMENTOS PARA
OTIMIZAÇÃO DE MODELOS
BIOECONÔMICOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Computação Aplicada como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Computação Aplicada.

Orientador: Sandro da Silva Camargo
Coorientador: Marcos Jun-Iti Yokoo

**Bagé
2024**

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).

G633r Gomes, Alfredo Parteli

Recomendação de acasalamentos para otimização de modelos bioeconômicos / Alfredo Parteli Gomes.

107 p.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Pampa, PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM COMPUTAÇÃO APLICADA, 2024.

"Orientação: Sandro da Silva Camargo; Coorientação: Marcos Jun-Iti Yokoo".

1. Inteligência artificial. 2. Otimização combinatória. 3. Computação evolutiva. 4. Melhoramento genético. I. Título.

ALFREDO PARTELI GOMES

**RECOMENDAÇÃO DE
ACASALAMENTOS PARA
OTIMIZAÇÃO DE MODELOS
BIOECONÔMICOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Computação Aplicada como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Computação Aplicada.

Área de concentração: Tecnologias para a Produção Agropecuária

Dissertação defendida e aprovada em: 08 de junho de 2022.

Banca examinadora:

Prof. Dr. Sandro da Silva Camargo
Orientador

Documento assinado digitalmente



MARIA EUGENIA ZERLOTTI MERCADANTE

Data: 28/03/2024 10:06:01-0300

Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Profa. Dra. Maria Eugenia Zerlotti Mercadante
Instituto de Zootecnia do Governo do Estado de São Paulo

Profa. Dra. Ana Claudia de Freitas
Instituto de Zootecnia do Governo do Estado de São Paulo

Prof. Dr. Leonardo Ramos Emmendorfer
Universidade Federal de Santa Maria

AGRADECIMENTO

Agradeço à minha família por todo apoio e paciência nos momentos mais difíceis durante esta dissertação.

Agradeço, em especial, ao Prof. Dr. Sandro da Silva Camargo, pela orientação e dedicação durante o desenvolvimento deste trabalho. Também, um reconhecimento especial ao Prof. Dr. Marcos Jun-Iti Yokoo, pela coorientação e suas colaborações nesta pesquisa.

Agradeço aos demais professores do PPGCAP - Programa de Pós-Graduação em Computação Aplicada da UNIPAMPA/Bagé e à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA Pecuária Sul.

Ao IFSUL pelo incentivo à qualificação de seus servidores.

”A dúvida é o princípio da sabedoria.”

Aristóteles

RESUMO

O melhoramento genético animal representa um conjunto de processos, que por meio de suas ferramentas de seleção e acasalamento, tem como objetivo maximizar o mérito bioeconômico na geração seguinte do rebanho. Neste contexto, surgem os programas de melhoramento genético animal para auxiliarem o produtor rural otimizar meios que levem a um maior retorno econômico de sua atividade de pecuária de corte, incorporando aos índices de seleção animal, critérios que tragam maior retorno econômico. A inserção de critérios econômicos nos índices de seleção pode facilitar o aumento da lucratividade por meio de decisões focadas em uma variedade mais ampla de características economicamente relevantes. Considerando o acasalamento uma das ferramentas fundamentais do melhoramento genético animal, este trabalho tem como objetivo implementar uma estratégia para recomendar os melhores acasalamentos bovinos baseados em índices de seleção por valores econômicos. A otimização deste processo de melhoramento genético envolve o tratamento de uma variedade de características bioeconômicas ocasionando uma explosão combinatória de soluções de acasalamentos. Na computação, problemas de otimização são implementados por algoritmos computacionais para essa solução. Nesta abordagem é apresentada uma solução baseada em Algoritmos Evolucionários (EA - *Evolutionary Algorithm*), isto é, modelos computacionais, inspirados no processo de evolução natural, para soluções de problemas de otimização combinatória. Neste contexto, a proposta deste trabalho é a aplicação de um algoritmo genético para criar recomendações de acasalamentos para bovinos Brangus atendendo às características que são de interesse do programa de melhoramento genético da Embrapa. Os dados utilizados nas simulações deste trabalho correspondem aos critérios de seleção: i) peso ao nascer; ii) peso vaca adulta; iii) área do olho do lombo; iv) espessura de gordura subcutânea; v) espessura de gordura subcutânea na garupa; vi) velocidade de fuga; vii) número de ovos de nematóides por grama de fezes; e viii) contagem de carrapatos. Os resultados confirmam que a inferência da estratégia computacional para a seleção de acasalamentos proporciona evolução genética para as características selecionadas expressando em valores econômicos os ganhos em produtividade.

Palavras-chave: Inteligência artificial. Otimização combinatória. Computação evolutiva. Melhoramento genético.

ABSTRACT

The animal genetics breeding represents a set of processes, implemented through its selection and mating tools, with the aim of maximizing its bioeconomic merit in the next generation of the herd. In this context, animal genetic breeding programs appear to help rural producers optimize means that lead to a greater economic return of their beef cattle activity, incorporating natural selection indices, and criteria that represent, for example, the economic return of the production. Inserting economic criteria into selection indices can facilitate increased profitability through decisions focused on a wider range of economically relevant traits. Considering mating as one of the fundamental tools of animal genetic improvement, this paper aims to implement a strategy to recommend the best bovine matings based on indices of selection by economic values. The optimization of this genetic improvement process involves the treatment of a variety of bioeconomic traits causing a combinatorial explosion of mating solutions. In computing, optimization problems are implemented by computational algorithms for their solution. In this approach it is presented a solution based on Evolutionary Algorithms (EA - Evolutionary Algorithm), that is, computational models, inspired by the process of natural evolution, for solving combinatorial optimization problems. In this context, the purpose of this paper is the application of a genetic algorithm to create mating recommendations for Brangus cattle taking into account the interesting traits to the Embrapa genetic breeding program. The data used in the simulations of this work correspond to the selection criteria: i) weight at birth; ii) mature cow weight; iii) longissimus muscle area; iv) backfat thickness; v) rump fat thickness; vi) flight speed; vii) number of nematode eggs per gram of faeces; and viii) tick count. The results confirm that the inference of the computational strategy for mating selection provides genetic evolution for the selected traits, expressing in economic values the gains in productivity.

Keywords: Artificial intelligence. Combinatorial optimization. Evolutionary computation. Genetic improvement.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Exemplo de um caso de acasalamentos com 7 touros e 210 vacas.....	32
Figura 2	Estados inicial e final do jogo 8- <i>Puzzle</i>	34
Figura 3	Relação entre custo do controle e custo da busca.....	36
Figura 4	Fluxograma do Algoritmo Genético utilizado.....	42
Figura 5	Formas de representação genética: (a) Binária, (b) Decimal.	44
Figura 6	Seleção por roleta viciada.....	45
Figura 7	Seleção por torneio	45
Figura 8	Cruzamento.....	47
Figura 9	Cruzamento de 1 ponto.....	48
Figura 10	Cruzamento de 2 pontos	48
Figura 11	Mutação	49
Figura 12	Proposta de Metodologia.....	55
Figura 13	Ponderadores das características de seleção	60
Figura 14	Modelo do Banco de Dados.....	61
Figura 15	Representação do Pseudocódigo do Algoritmo Genético	63
Figura 16	Representação do Cromossomo no AG.....	64
Figura 17	População Inicial	65
Figura 18	Gráfico simulação 2	72
Figura 19	Gráfico simulação 4.....	75
Figura 20	Gráfico simulação 5	76
Figura 21	Gráfico simulação 6.....	78
Figura 22	Gráfico simulação 8.....	80
Figura 23	Gráfico simulação 9	82
Figura 24	Lista de utilização de touros da simulação 1	98
Figura 25	Lista de utilização de touros da simulação 2	99
Figura 26	Lista de utilização de touros da simulação 3	100
Figura 27	Lista de utilização de touros da simulação 4	101
Figura 28	Lista de utilização de touros da simulação 5	102
Figura 29	Lista de utilização de touros da simulação 6	103
Figura 30	Lista de utilização de touros da simulação 7	104
Figura 31	Lista de utilização de touros da simulação 8	105
Figura 32	Lista de utilização de touros da simulação 9	106

Figura 33 Lista de acasalamentos	107
--	-----

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Tabela de Similaridade	57
Tabela 2	Resumo da Simulação 1	70
Tabela 3	Resumo da Simulação 2	71
Tabela 4	Resumo da Simulação 3	73
Tabela 5	Resumo da Simulação 3	74
Tabela 6	Resumo da Simulação 5	76
Tabela 7	Resumo da Simulação 6	77
Tabela 8	Resumo da Simulação 7	79
Tabela 9	Resumo da Simulação 8	80
Tabela 10	Resumo da Simulação 9	81

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AG	Algoritmo Genético
CAPES	Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior
CE	Computação Evolutiva
DEP	Diferença Esperada na Progenie
EA	<i>Evolutionary Algorithm</i>
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
IA	Inteligência Artificial
IECC	Índice Econômico de Ciclo Completo
PCV	Problema do Caixeiro Viajante
PG	Programação Genética

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
1.1 Delimitação do tema	16
1.2 Problema	17
1.3 Hipótese.....	17
1.4 Objetivos	17
1.5 Organização deste trabalho	18
2 REVISÃO DE LITERATURA	19
2.1 Pecuária de precisão	19
2.2 Melhoramento Genético Animal	20
2.2.1 Evolução do Melhoramento Genético Animal	20
2.2.2 Fundamentos do Melhoramento Genético Animal.....	22
2.2.3 Parâmetros Genéticos	24
2.2.4 Seleção de animais.....	25
2.2.5 Sistemas de acasalamento.....	26
2.2.6 Avaliação genética	27
2.3 Explosão combinatória	31
2.3.1 Problemas de busca em espaço de estados.....	32
2.3.1.1 Problema <i>n-Puzzle</i>	34
2.4 Técnicas heurísticas	35
2.4.1 Heurística.....	35
2.4.2 Meta-heurísticas	36
2.5 Computação Evolutiva	38
2.6 Algoritmos Genéticos.....	40
2.6.1 Terminologia.....	41
2.6.2 Estrutura.....	42
2.6.3 Representação dos cromossomos	43
2.6.4 Função de Aptidão	43
2.6.5 Seleção de cromossomos	44
2.6.6 Estratégias de evolução.....	46
2.6.7 Operadores Genéticos.....	46
2.6.7.1 Cruzamento ou <i>Crossover</i>	47
2.6.7.2 Mutação	48

2.6.8	Critério de Terminação	49
2.7	Trabalhos Correlatos	49
3	METODOLOGIA	54
3.1	Classificação da Pesquisa	54
3.2	Etapas da pesquisa	54
3.3	Material e Métodos	56
3.3.1	Referencial Teórico	56
3.3.2	Implementação	57
3.3.3	Base de dados	59
4	ABORDAGEM UTILIZADA	63
4.1	Algoritmo genético	63
4.2	Cromossomo	64
4.3	Construção da população inicial	64
4.4	Definição da função de avaliação	65
4.5	Critério de parada.....	66
4.6	Seleção	67
4.7	Cruzamento e mutação.....	67
4.8	Restrições dos acasalamentos.....	67
4.9	Penalização	68
5	RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	69
5.1	Simulações	69
5.1.1	Simulação 1.....	70
5.1.2	Simulação 2.....	71
5.1.3	Simulação 3.....	73
5.1.4	Simulação 4.....	74
5.1.5	Simulação 5.....	75
5.1.6	Simulação 6.....	77
5.1.7	Simulação 7.....	78
5.1.8	Simulação 8.....	79
5.1.9	Simulação 9.....	81
5.2	Discussões.....	82
6	CONCLUSÕES	87
	REFERÊNCIAS.....	89
	APÊNDICE A – LISTA DE UTILIZAÇÃO DOS TOUROS	98
	APÊNDICE B – LISTA DE ACASALAMENTOS	107

1 INTRODUÇÃO

Segundo a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC), com aproximadamente 188 milhões de bovinos em 2020, o Brasil possuía o maior rebanho do mundo. No mesmo período, a pecuária brasileira registrou 41,5 milhões de bovinos abatidos, representando uma queda 4,15% em comparação com o ano de 2019. No entanto, as exportações da carne bovina brasileira apresentaram um aumento de 8% em relação ao último período, consolidando o Brasil como maior exportador de carne bovina do mundo. Com mais de R\$ 747 bilhões comercializados em 2020, 20% a mais que 2019, a pecuária de corte representou 10% do PIB total (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE (ABIEC), 2021). Estes indicadores posicionam a bovinocultura como um dos principais setores da economia do país. Neste sentido, os avanços no nível tecnológico e organização da cadeia de produção são algumas das causas que elevaram a importância deste setor na economia brasileira. Entretanto, o sustento destes índices deve ser corroborado por outros elementos, como práticas de manejo, fundamentais para uma produtividade com maior retorno financeiro (GOMES; FEIJÓ; CHIARI, 2017).

Em um cenário de mercado competitivo, o produtor brasileiro deve ser consciente de que várias práticas de manejo são fundamentais para o aumento de produtividade e retorno econômico da propriedade. Diante da necessidade de melhorar a eficiência de produção para atender às exigências do mercado de carne bovina, os criadores precisam adotar ferramentas que o auxiliem a sustentar a qualidade de produção e a lucratividade de seus rebanhos. Desta forma, a produção de animais geneticamente superior permite utilizar de maneira mais eficiente os recursos disponíveis (CARDOSO, 2009).

Neste contexto, um modo para atender estas demandas relacionadas ao aumento da eficiência produtiva do rebanho é buscar o melhoramento genético, por meio de protocolos que visam identificar e utilizar os animais que melhor se adaptam às condições de produção. Este melhoramento genético tem por objetivo desenvolver os genótipos de uma população através das técnicas de seleção e cruzamento, proporcionando ao rebanho atributos como maior resistência a doenças e parasitas, melhor desempenho, eficiência e melhor qualidade (FILHO, 1999).

Para a implementação destes protocolos na pecuária de corte, existem diversos programas de melhoramento genético que exploram, no processo de seleção, características como: carcaça, ganho de peso, escores visuais, medidas biométricas e

reprodutivas. Estes programas de melhoramento genético das raças bovinas empenham-se em desenvolver um índice de seleção, utilizando as características avaliadas, a ser aplicado nas diferentes raças de gado de corte no país. O processo de seleção de animais baseia-se na DEP (Diferença Esperada na Progenie) que conceitualmente serve para estimar quanto o valor genético de um animal pode ser transmissível a seus filhos, ou seja, o quanto os descendentes de um touro e uma vaca irão expressar as características de seus ascendentes (PEREIRA, 2008).

Os programas de melhoramento genético animal apresentam uma deficiência nos critérios de seleção utilizados, faltando incorporar outros elementos que representem, por exemplo, o retorno econômico do sistema de produção (SCHMIDT et al., 2018). Critérios de seleção são as características que os programas de avaliação genética devem utilizar para estimar o valor econômico dos animais, dentre as quais podem estar características reprodutivas, como a taxa de prenhez, medidas para estimar a qualidade da carcaça, como área de olho de lombo, medidas de resistência a parasitas, como contagem de carrapatos, medidas de crescimento, como o peso da vaca adulta, e outras características que cooperam com a lucratividade do sistema de produção (SOARES DE LIMA et al., 2011). Segundo Ponzoni e Newman (1989), o valor econômico de uma característica indica, em termos monetários, o resultado contábil (lucro ou prejuízo) de um sistema para cada unidade de característica modificada em um processo de melhoramento genético.

Neste contexto, foi realizado um estudo para definir modelos bioeconômicos de produtividade do rebanho da raça Brangus de seis fazendas do sul do Rio Grande do Sul (SCHMIDT et al., 2018). Este estudo concluiu que o índice de seleção, com base em valor econômico das características definidas para os acasalamentos, diverge dos pesos empíricos utilizados nos índices de seleção de programas de melhoramento genético. Além disso, em concordância com sua hipótese, o estudo garante que a escolha de animais mais lucrativos proporciona maior ganho genético econômico para o sistema de produção. Os autores concluíram então que a maximização do retorno econômico esperado implica em identificar o impacto financeiro de cada característica selecionada, a fim de melhorar os acasalamentos.

Dentro deste cenário, a definição dos melhores acasalamentos ganha relevância e demanda o emprego de técnicas de otimização e simulação dos modelos bioeconômicos do sistema de produção. No contexto da computação, algumas técnicas de otimização têm sido empregadas para solução de problemas que envolvem testes de alternativas e a busca das melhores soluções. Segundo Blum e Roli (2003), estas técnicas denominadas

heurísticas propõem modelos probabilísticos que permitem que boas soluções possam ser encontradas para o problema, no entanto aproximam-se de um equilíbrio entre o que é possível, sob o ponto de vista tecnológico, e o que é aceitável, no contexto socioeconômico de um sistema de produção. Para Hooker (1995), um método heurístico é um procedimento para resolver um problema complexo de otimização através de uma aproximação intuitiva, em que, de forma inteligente, utiliza-se do conhecimento do problema para obter uma solução de boa qualidade e de forma eficiente, em tempo computacional aceitável.

Os algoritmos de busca heurística são aplicados quando um determinado problema não tem solução exata, ou quando, apesar de ter uma solução exata, sua obtenção por meio de uma busca exaustiva demanda muito tempo. Dentre os algoritmos de busca heurística, existe uma abordagem denominada de algoritmos genéticos que utiliza uma analogia da evolução natural das espécies. Esta abordagem toma como base uma população de indivíduos, cada um deles representando uma possível solução do problema. Para cada indivíduo atribui-se uma pontuação, denominada aptidão, associada à sua adaptação de acordo a sua proximidade à solução do problema. Estes indivíduos são classificados de acordo sua aptidão e indicados para reprodução com outros indivíduos da população. A nova geração será constituída por uma alta proporção de características dos indivíduos mais adaptados da população inicial. Neste sentido, a cada geração espera-se que as melhores características que tem cada indivíduo sejam propagadas para as próximas gerações de indivíduos (DE CASTRO et al., 2004; KARI; ROZENBERG, 2008).

1.1 Delimitação do tema

Segundo Figueiredo (2017), o Brasil está em quarto lugar no ranking dos países que patenteiam biotecnologias agropecuárias nos últimos anos. Dentre os principais depositantes de pedidos de patente no país, destaca-se a Embrapa, única instituição brasileira na área de biotecnologia agropecuária, entre os pedidos de patente brasileiros no setor agrobiotecnológico. Este posicionamento justifica a relevância do trabalho desenvolvido pela Embrapa, instituição pública vinculada ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, criada em 26 de abril de 1973, com o objetivo de desenvolver um modelo de agricultura e pecuária tipicamente brasileiro.

Neste contexto, a Embrapa Pecuária Sul criou uma parceria com a Associação Brasileira de Brangus (ABB) com o objetivo de criar uma avaliação genética desta raça.

Como resultado desta parceria, surgiu o primeiro sumário de avaliação genética incluindo características de grande importância econômica que não tinham ainda avaliação, por serem de difícil mensuração, tais como as relacionadas à verminose, temperamento e resistência ao carrapato (YOKOO et al., 2021). Em vista disto, a proposta deste trabalho é direcionada para atender a demanda de pesquisa da Embrapa-ABB desenvolvendo técnicas computacionais que permitam explorar as características econômicas para proporcionar maior ganho econômico aos bovinos da raça Brangus.

1.2 Problema

Dado o contexto apresentado, o problema de pesquisa deste trabalho é: Uma escolha dos acasalamentos com base nos valores bioeconômicos pode aumentar o retorno econômico de um rebanho?

1.3 Hipótese

A fim de solucionar este problema, a hipótese apresentada neste trabalho é: O uso de técnicas heurísticas permite identificar quais acasalamentos podem conduzir ao ganho bioeconômico do rebanho.

1.4 Objetivos

Este trabalho tem como objetivo geral a implementação de um método de busca heurística para recomendar acasalamentos que maximizem o ganho econômico de um rebanho.

Os objetivos específicos são os seguintes:

- Implementar os modelos bioeconômicos definidos por Simões et al. (2020).
- Adaptar a solução desenvolvida por Fontoura (2019) para recomendar acasalamentos com base nos modelos bioeconômicos.
- Realizar testes com a solução desenvolvida, com base em dados do programa de avaliação genética da raça Brangus da Embrapa Pecuária Sul.
- Disponibilizar a solução no sistema da Embrapa.

1.5 Organização deste trabalho

A continuação deste trabalho está organizado da seguinte forma: O Capítulo 2 apresenta uma revisão de literatura da definição Pecuária de Precisão e da evolução do Melhoramento Genético Animal apresentando principais termos que compõem este processo e por último faz uma abordagem no campo da Inteligência Artificial identificando problemas de busca em espaço de estados, estratégias de busca, apresentação de técnicas com problemas do tipo *Constrain satisfaction problem* e definição e caracterização dos algoritmos genéticos. O Capítulo 3 aborda a metodologia desenvolvida nesta dissertação. O Capítulo 4 descreve o desenvolvimento da abordagem e a implementação do algoritmo genético. O Capítulo 5 apresenta os resultados dos experimentos, as simulações do algoritmo genético desenvolvido assim como as discussões sobre os resultados. O Capítulo 6 apresenta as conclusões e trabalhos futuros.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Este capítulo apresenta o resultado da revisão de literatura, realizada através de buscas em repositórios científicos e relatórios institucionais para descrever a relevância do setor produtivo de carne no Brasil (produção e comercialização) e suas estratégias de produção por meio do melhoramento genético animal: seleção e acasalamentos de animais. Além destas informações, a revisão apresenta algumas técnicas heurísticas para resolução de problemas e trabalhos relacionados ao uso destas técnicas e melhoramento animal.

2.1 Pecuária de precisão

Uma das atividades mais importantes na economia nacional é a pecuária. Esta atividade ocupa aproximadamente 21% do território do País (HAMMES et al., 2018). Para atender as exigências das nações importadoras e do próprio consumo interno, o Brasil tem investido na bovinocultura para melhorar a qualidade da carne e produtos derivados. Este cenário de competitividade, tem incentivado o desenvolvimento da pecuária em busca do aprimoramento do rebanho por meio de métodos que melhorem as características com maior interesse econômico (GUIDOLIN et al., 2009).

Segundo Bernardi et al. (2014):

A pecuária de precisão é uma abordagem gerencial, que prima por melhorar os processos produtivos, diminuir os impactos ambientais, obter maior satisfação dos consumidores e assim, um melhor retorno econômico para os produtores rurais.

Thornton (2010) complementa que a pecuária de precisão tem como objetivo produzir eficientemente o alimento de origem animal e seus derivados. Acrescentam ainda que por meio da pecuária de precisão é possível coletar e analisar dados para melhorar a produção da pecuária. Dentre seus benefícios, estão: aumento de produtividade e bem-estar animal, menor custo de investimento e impacto ambiental e tomada de decisão baseada em informação.

Na pecuária tradicional as tomadas de decisões são frequentemente baseadas na experiência do produtor. Este modelo comportamental de produção tende a impedir a difusão do uso das tecnologias na pecuária. Entretanto, na pecuária de precisão,

estas decisões são tomadas com base em um volume maior de dados em tempo real proporcionando maior confiabilidade e melhores resultados (THORNTON, 2010).

Um dos objetivos da pecuária de precisão é desenvolver cenários para controlar a saúde, o bem-estar animal e a avaliação genética utilizando-se de sistemas de monitoramento para o controle automático em tempo real de produção, proporcionando qualidade a longo prazo, controlando alimentação e identificando patologias que interfiram na produção animal. Os dados originados nestes sistemas não apenas permitem a tomada de decisão com maior precisão assim como geram históricos para analisar as variações das características de seus preditores em estudo (BERCKMANS, 2014).

A identificação das variáveis que permitem monitorar os processos pecuários requer uma análise do produtor com o objetivo de estabelecer as necessidades que necessita avaliar. A aplicação de técnicas computacionais proporciona alertas em tempo real para que o produtor possa tomar decisões com objetivo de maximizar a produção e a saúde do animal (HALACHMI, 2015).

Neste contexto, o produtor necessita de uma ferramenta que o auxilie a aumentar a eficiência de produção e a lucratividade de seus rebanhos. O melhoramento genético é a ferramenta fundamental para pecuária de corte que visa criar animais geneticamente superiores utilizando eficientemente os recursos disponíveis (CARDOSO, 2009).

2.2 Melhoramento Genético Animal

Esta seção aborda a evolução do Melhoramento Genético Animal, sua definição e caracterização das principais técnicas deste instrumento fundamental para a pecuária de corte.

2.2.1 Evolução do Melhoramento Genético Animal

Os primeiros estudos que desencadearam o início da pesquisa do melhoramento genético animal foram originados pelos trabalhos que definiram os princípios básicos de hereditariedade desenvolvidas pelo monge austríaco Gregor Johann Mendel (1822-1884) em 1865. Mendel em seus experimentos com vegetais, foi o precursor da genética e descobridor das leis da herança biológica (descobriu os genes) (SNUSTAD; SIMMONS, 2010). Os genes seriam os responsáveis por transmitir os caracteres da próxima

geração. Neste contexto e anterior aos trabalhos de Mendel, destacam-se os estudos do fazendeiro e observador inglês Robert Bakewell (1725-1795), que de maneira empírica deu início aos primeiros trabalhos de melhoramento animal utilizando a consanguinidade (parentesco) dentro dos rebanhos para reproduzir e selecionar touros e carneiros. A seleção considerava as características estabelecidas de acordo com a direção desejada pelo homem. Seus estudos iniciaram em 1760 e deram origem a formação de raças puras e registros genealógicos (LASLEY et al., 1963; BARBOSA; ESTEVES; BARBOSA, 1997; PEREIRA, 2008; QUIJANO; ECHEVERRI, 2016).

Em 1869, o inglês e científico Francis Galton (1822-1911) que estudou a influência da herança sobre características comportamentais do ser humano, publicou uma de suas obras mais relevante, a "*Hereditary genius*", na qual demonstra a herança do talento (TIRADOS, 2001; BULMER, 2003). Galton definiu que todas as características de uma raça são determinadas exclusivamente por herança e seleção. Considerava a seleção fundamental para o processo evolutivo, cuja ação expressava-se na conservação dos melhores indivíduos. Para Galton, as capacidades intelectuais dos indivíduos eram herdadas da mesma forma que as características físicas (MORENO; VIVAS; VEGA, 2015). Em 1883, em seu livro "*Inquiries into human faculty*", Galton apresentou o conceito de eugenia, que significa "de boa cepa" ou "bem nascer". Eugenia de forma evolutiva, opondo-se à seleção natural (Darwin), significa seleção artificial que é a manipulação genética feita pelo homem que seleciona os melhores genes mesmo não sendo o melhor meio adaptativo. Esta publicação destacou o pioneirismo de Galton em compreender as implicações da evolução para a humanidade e as possibilidades para a manipulação científica da própria espécie humana (MARTINS; SANTOS; SILVESTRE, 2019).

Segundo Martins, Santos e Silvestre (2019), em 1918, o britânico Sir Ronald Aylmer Fisher combinou a genética com a matemática, elaborou modelos estatísticos que complementaram as análises genéticas e demonstrou que a variação contínua dos caracteres poderia ser uma consequência natural da herança mendeliana. Fischer foi quem desenvolveu a conhecida distribuição F da probabilidade. No mesmo período Sewal Wright definiu parâmetros estatísticos para a seleção de atributos com variação contínua. Estas descobertas caracterizam estes pesquisadores como fundadores da Genética Populacional ao demonstrar que não havia contradições entre os conceitos dos biométricos e dos mendelianos quando tratados à nível populacional.

Em 1925, Jay L. Lush na Universidade de Iowa nos Estados Unidos, aplica os

primeiros conceitos de Melhoramento Genético Animal (LUSH, 1931) e em 1937 publica seu livro denominado *Animal Breeding Plans* desenvolvendo conceitos de estatística, genética populacional, genética quantitativa e o uso no Melhoramento Genético Animal. Hazel (1943) descreve as correlações genéticas, cria os índices de seleção animal e introduz os conceitos de valor de cria e de herdabilidade.

Em 1973, Charles R. Henderson apresentou um método de estimação dos valores genéticos aditivos, segregando a variância total em seus fatores fixos (ambientais) e genéticos (aleatórios) que permitem prever o valor genético de um determinado indivíduo em uma população por meio do desenvolvimento da metodologia conhecida como melhores preditores lineares não viciada – BLUP (do inglês *Best Linear Unbiased Prediction*) (MARTINS; SANTOS; SILVESTRE, 2019).

Atualmente na era da Genética Molecular, por meio da ferramenta *Hapmap Bovino* é possível ler diretamente o genoma dos animais permitindo estabelecer certos critérios de manipulação dos genótipos (CAETANO et al., 2009). Com o aumento da contribuição da biotecnologia, é possível observar não apenas os genes das características qualitativas, mas também utilizar marcadores ligados aos genes quantitativos ao que chamamos de QTL (do inglês *Quantitative Trait Loci*) (FILHO, 2009).

2.2.2 Fundamentos do Melhoramento Genético Animal

Segundo Barbosa, Esteves e Barbosa (1997), o melhoramento genético animal é a área de conhecimento ou atividade envolvida nos processos de criação (práticas de alimentação, manejo e sanidade), seleção e acasalamento dos animais, com o objetivo básico de alterar permanentemente as características dos animais produzidos nas gerações subsequentes, na direção desejada pelo homem.

Cardoso (2009) afirma que o objetivo do melhoramento genético animal é melhorar a eficiência da produção e rentabilidade da pecuária por meio da seleção de animais mais eficientes que se adaptem ao ambiente produzindo melhor qualidade genética do rebanho.

Para acompanhar as exigências do mercado, o produtor necessita melhorar o desempenho (P) do seu sistema de produção. Neste contexto, isto pode ser definido pela interação do melhoramento ambiental (A) com o melhoramento genético (G). O ambiente é composto por fatores externos (não genético), por exemplo: temperatura, umidade, radiação solar, alimentação, sanidade e o manejo dado aos animais. Neste sentido, o

genético, está relacionado à eficiência reprodutiva, peso corporal, taxa de crescimento e qualidade da carcaça, entre outros indicadores (CARDOSO, 2009; ROSA et al., 2013). Estas relações consideradas podem ser expressas como:

$$P = G + A + G * A \quad (1)$$

Para explicar a equação, Cardoso (2009) considera que a interação destes dois fatores (G+A) afetam o desempenho dos animais, isto é, melhorando a qualidade genética (G) e melhorando o ambiente (A) de produção, aumenta a produtividade dos animais. No caso da interação (G*A) indica que os animais com genética superior não serão necessariamente os mesmos em ambientes com condições diferentes.

Para fundamentar o avanço genético, é necessária a seleção dos animais com características superiores de produção, isto é, que possuam maior valor genético aditivo¹ (YOKOO et al., 2019). Este avanço será maior ou menor dependendo da intensidade com que se selecionam os reprodutores, assim como a precisão dos valores genéticos estimados.

Para auxiliar na seleção dos melhores animais para o acasalamento, os produtores podem utilizar o apoio técnico dos programas de melhoramento genético animal. Segundo Bergmann (1994), existem muitos programas de melhoramento genético para raças taurinas, todos têm como objetivo principal alterar geneticamente populações de animais. A implementação destes programas tem o intuito de aumentar a frequência de genes e de genótipos desejáveis, com o consequente reflexo favorável no desempenho produtivo médio das características destas populações.

A aplicação das técnicas de melhoramento permite produzir mais lucro financeiro para o produtor com menos quantidade de animais, racionalizando o uso dos recursos disponíveis e, conseqüentemente, maior competitividade. Outra vantagem do melhoramento genético animal é a possibilidade de passar características (mais rentáveis) de uma raça a outra sem a necessidade de comprar/vender, diminuindo assim os custos operacionais e qualificando a variabilidade genética.

¹Soma dos efeitos aditivos de todos os alelos que afetam o desempenho do indivíduo em uma determinada característica. Metade desse valor é transmitido à progênie por meio dos gametas.

2.2.3 Parâmetros Genéticos

De acordo com Eler (2017), a expressão de uma característica em qualquer sistema de produção é determinada não apenas pelo efeito da genética dos animais, mas pelo efeito dos fatores não genéticos na qual são produzidos estes animais. Em qualquer programa de melhoramento genético, é necessário definir qual é a característica que se deseja melhorar. Segundo Yokoo et al. (2007), as características de cada população que sofrem alterações, em consequência da seleção, mudanças de manejo, métodos e modelos de estimação são denominadas parâmetros genéticos.

Os parâmetros genéticos de maior interesse para bovinocultura de corte são herdabilidade, repetibilidade e correlação genética (SOUZA et al., 2011).

A herdabilidade é um dos principais parâmetros genéticos em qualquer programa de melhoramento e determina a variabilidade de uma característica genética. A herdabilidade expressa a proporção da variância total atribuível às diferenças dos valores genéticos. A função mais importante da herdabilidade em abordagens genéticas é a predição, isto é, ela expressa a relação do valor fenotípico como referência do valor genético (CARDOSO, 2009; FILHO, 1999; FALCONER; MACKAY, 1996). O valor fenotípico pode ser mensurado, porém o valor genético determina sua influência na próxima geração.

Filho (1999) descreve a diferença entre fenótipo e genótipo como:

A característica, qualquer que seja ela, peso, medidas corporais, medidas de fertilidade, cor de pelagem e, conseqüentemente, qualquer que seja a forma utilizada para mensurá-la, é chamada de fenótipo. Esse fenótipo tal como é medido é uma expressão do genótipo (constituição genética) do indivíduo portador do fenótipo em questão mais um componente de ambiente (clima, alimentação, manejo, saúde, etc.).

Existem algumas características animais que podem ter o valor (medida) modificado várias vezes no mesmo animal em diferentes períodos (tempo) de sua vida. Por exemplo a produção de leite (gado leiteiro) e peso (gado de corte). A repetibilidade é a fração da variação fenotípica, devida a composição genética de um indivíduo mais os fatores ambientais permanentes, que ocasionam as diferenças na expressão de uma característica particular entre indivíduos de uma população e que apresentem desempenhos sucessivos. Este parâmetro genético é relevante pois está associado com a possibilidade de estimar a atuação futura das matrizes (pais) e serve de referência na

seleção de um rebanho (FALCONER; MACKAY, 1996).

Na maioria dos sistemas produtivos, o melhoramento genético aborda todas aquelas características que o produtor possa quantificar e que são de interesse do programa de melhoramento. O conhecimento do grau de associação destas características influenciará nos resultados obtidos, ou seja, nas características a serem melhoradas. O grau de associação entre duas características denomina-se correlação. Desde o ponto de vista genético, no melhoramento é necessário identificar a correlação genética das características. Este processo é fundamental quando se realizam processos de seleção, pois a melhora de uma característica pode afetar outra característica.

De acordo com Filho (1999) e Yokoo et al. (2019), o melhoramento genético animal, em qualquer país, e em qualquer espécie possui basicamente duas ferramentas: a seleção dos reprodutores e sistemas de acasalamento.

2.2.4 Seleção de animais

Segundo Filho (2009), na época em que a criação de gado era uma atividade sem interesse econômico, já se utilizava a seleção dos melhores animais, onde eram escolhidos os animais com características fenotípicas desejáveis para fazer o cruzamento entre si. Embora sem comprovação científica, era possível observar as mudanças positivas no rebanho quando comparadas as características de adaptação ao ambiente e reprodutivas com a população anterior e a atual.

A seleção define-se como método de melhoramento genético na qual se separam os reprodutores como sendo os melhores indivíduos de uma população, ou seja, é a decisão de permitir que os melhores indivíduos de uma geração sejam pais da próxima geração (FILHO, 1999).

Segundo Brumatti et al. (2011), a seleção do rebanho é uma das etapas fundamentais para a eficiência da pecuária de corte. Esta seleção de animais envolve tanto questões genéticas como econômicas (BOURDON; GOLDEN, 2000). A definição destas características (genéticas e econômicas) corroboram com o estudo do melhoramento genético animal. De acordo Ponzoni e Newman (1989), a seleção genética é dividida em duas grandes áreas: (i) determinação de valores genéticos e, (ii) estimação de valores econômicos de características. Desse modo, Jorge Júnior, Cardoso e Albuquerque (2007) ressaltam a importância da definição dos valores econômicos para as características de seleção, dado sua importância no processo de avaliação genética que diretamente aumenta

a eficiência produtiva e econômica da pecuária de corte.

Neste contexto, Pereira (2008) afirma que a seleção não cria novos genes, porém, no modo de seleção natural, ela permite a modificação da frequência dos genes, resultando em uma nova geração. Com isso, deve-se selecionar os animais superiores e permitir que sejam a matriz da nova geração de indivíduos, e, além disso, deve-se descartar os animais inferiores. Yokoo et al. (2019) definem que a seleção pode ser natural ou artificial. No primeiro caso, quando a seleção é determinada por fatores naturais (monta natural) e, no segundo caso, quando a seleção é determinada pelo homem. Na seleção artificial, a escolha do homem determinará todos os resultados da tomada de decisão para determinar quais os animais que serão os reprodutores e por quanto tempo deverão reproduzir na população. Neste contexto, Yokoo et al. (2019) destacam que o processo de seleção permite alterações no rebanho quanto à constituição genética e fenotípica.

2.2.5 Sistemas de acasalamento

Dentre as diferentes ferramentas que permitem aos produtores do setor da agropecuária maximizar ou melhorar as diversas características produtivas e de qualidade encontra-se o planejamento de acasalamentos dos animais reprodutores.

Segundo Filho (1999), o manejo do acasalamento tem importância para o sucesso no melhoramento genético. Este processo tem como resultado dois aspectos fundamentais: consanguinidade e número efetivo de animais. O primeiro caso relaciona-se ao uso de indivíduos aparentados, no entanto o segundo refere-se ao número de ancestrais representados na população atual.

Os sistemas de acasalamentos definem a maneira como os indivíduos irão se reproduzir. A denominação dos acasalamentos dá-se em base ao tipo, podendo ser acasalamentos dirigidos quando são baseados no fenótipo, chamados de preferenciais positivos ou negativos e quando são guiados pelo parentesco dos animais são denominados de endogamia ou exogamia (YOKOO et al., 2019).

Cardoso (2009) e Eler (2017) afirmam que existem quatro tipos de acasalamentos: i) Acasalamentos entre semelhantes, ii) Acasalamentos compensatórios, iii) Acasalamentos Endogâmico, e iv) Cruzamentos. Entretanto não é possível indicar qual é o melhor, pois depende das necessidades individuais de cada rebanho.

Os acasalamentos entre semelhantes, como identifica o nome, são os acasalamentos de indivíduos que são genética ou fenotipicamente semelhantes, na qual

os melhores machos são acasalados com as melhores fêmeas e os piores machos com as piores fêmeas. Este tipo de acasalamento diminui a variabilidade genética e as chances de obtenção de animais com alto mérito genético, ou seja, de obter animais superiores.

Os acasalamentos compensatórios ou dessemelhantes são acasalamentos entre animais de desempenhos diferentes entre si, ou seja, genética ou fenotipicamente diferentes, na qual os melhores machos são acasalados com as piores fêmeas e vice-versa. Considerando que este tipo de acasalamento apresenta grande diferença no valor genético, por outro lado favorece a diminuição da endogamia. Pode ser usado como um acasalamento corretivo, compensando com bons reprodutores para determinadas características em que fêmeas são de baixo mérito genético, por exemplo características raciais em bovinos de corte como: fertilidade, precocidade, acabamento de carcaça, rusticidade e resistência a parasitas.

Os acasalamentos endogâmicos ou também denominados consanguinidade, são aqueles que ocorrem entre indivíduos mais aparentados entre si do que a média da população. No início do desenvolvimento das raças, este tipo de acasalamento foi muito utilizado para fixar o fenótipo. O aumento da consanguinidade produz indivíduos mais uniformes, entretanto tem um efeito negativo na produtividade, ou seja, sobre as características de fertilidade e raciais. Neste contexto, este tipo de acasalamento deve ser evitado pelos produtores comerciais.

2.2.6 Avaliação genética

A avaliação genética populacional consiste na estimação do valor genético (mérito) dos animais pertencentes a uma determinada população, considerando tanto informação produtiva como de sua linhagem. A metade do valor genético estimado é igual a Diferença Esperada da Progênie (DEP), definida para determinada característica, como a diferença que se espera observar entre a média produtiva dos filhos de um animal avaliado e a da progênie de outro animal cuja DEP é zero (SOARES DE LIMA; RAVAGNOLO; MONTOSI, 2013). A DEP é uma ferramenta importante no melhoramento genético, mas sua utilização generalizada pode gerar algumas perguntas: i) se um reprodutor dispõe de 10 ou mais características avaliadas no melhoramento genético, quais características são mais importantes no processo de seleção?; ii) é preferível selecionar um reprodutor com valor genético alto em uma característica, apesar de ter baixo valor em outras?; iii) ou escolher um reprodutor com valor genético médio em todas as características?;

iv) qual reprodutor gera maior benefício econômico em um rebanho com determinadas características em um cenário de produção e mercado definido?

Para responder estas questões é recomendado a criação de um índice de seleção. Este índice integra toda a informação genética de um reprodutor em um único valor comparativo, permitindo ser selecionado simultaneamente por várias características, considerando os aspectos genéticos e principalmente a importância econômica das características que originam o índice de seleção (HAZEL, 1943).

Segundo Cardoso (2009), o tipo de seleção mais utilizado e eficiente são os índices de seleção. São muito utilizados em programas de melhoramento genético animal e servem para ponderar várias características de acordo suas importâncias econômicas, herdabilidade e correlações genéticas. Considerando este contexto, a escolha dá-se com base no índice calculado para cada animal.

Um índice de seleção agrega três conceitos fundamentais. O primeiro é o objetivo de seleção. A definição deste objetivo é realizada por um programa de melhoramento genético. Este índice consiste em identificar as características que devem ser melhoradas geneticamente por ter um impacto direto no benefício econômico de um determinado sistema de produção. Estas características podem ser a taxa de prenhez, o peso ao desmame, peso da carcaça, custos de manutenção, entre outras e sua importância relativa indicada pelo valor econômico (segundo) que dependerá do sistema de produção e dos preços e relações dos preços considerados. Em alguns casos, não é possível selecionar diretamente pelos objetivos de seleção devido ao fato de que algumas características são de difícil ou custosa mensuração. Nestes casos, é necessário recorrer as características indicadoras ou critérios de seleção (terceiro), características que dispõem de DEP e estão geneticamente associadas às características biológicas de relevância econômica definidas no objetivo de seleção (SOARES DE LIMA et al., 2011).

Um programa de melhoramento genético tem como objetivo avaliar características de interesse econômico em um animal para obter predição dos valores genéticos. Em síntese, ordena os animais para fins de seleção visando atingir o melhor valor econômico. O objetivo de seleção é definido por um programa de melhoramento. Nesta etapa são identificadas as características biológicas que devem ser melhoradas geneticamente (mérito) e que apresentam impacto direto no benefício econômico de um determinado sistema de produção (CARDELLINO; ROVIRA, 1987).

Hazel e Lush (1942), Cardellino e Rovira (1987) e Ponzoni e Newman (1989) expressam o objetivo de seleção em termos matemáticos na seguinte equação:

$$H = V_1.G_1 + V_2.G_2 + \dots + V_n.G_n \quad (2)$$

Onde:

H = objetivo de seleção ou genótipo agregado;

V = valores econômicos de cada característica;

G = mérito genético de cada característica.

James (1986) e Johnson, Garrick et al. (1990) sugerem que a escolha das características objetivo e seu peso relativo devem se basear exclusivamente em bases econômicas. James afirma que o objetivo de seleção deve ser definido considerando o que se deseja melhorar.

Segundo Ponzoni e Newman (1989), Abreu, Sonohata e Lopes (2013), o valor econômico relativo de cada característica depende do lucro que pode ser esperado pelo aumento em cada unidade melhorada da característica. Para definir o lucro é utilizada a fórmula

$$P = R - C \quad (3)$$

, onde P é o lucro, R a receita por unidade de produção e C o custo por unidade de produção. De acordo com Hazel (1943), a definição do valor econômico relativo de uma característica animal pode ser obtida de médias de preço e custo de produção em um determinado período de tempo. O valor da característica pode variar de acordo com o rebanho, região ou ainda pode mudar de acordo com a demanda do mercado sustentada por indicações de um programa de melhoramento.

Outro conceito fundamental que contribui com os programas de melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil são os índices de seleção. Estes índices representam a integração das DEPs (múltiplas características) e o peso (valor) econômico de cada característica. O uso de DEPs para as características de maior impacto econômico, simplifica o desenvolvimento do índice de seleção por meio da seguinte equação (HAZEL; LUSH, 1942):

$$I = a_1DEP_1 + a_2DEP_2 + \dots + a_nDEP_n \quad (4)$$

Onde:

I = índice de seleção;

a = valor econômico da característica;

DEP = informação genética da característica.

Na ausência de DEPs das características economicamente relevantes, o desenvolvimento do índice econômico (I) deve ser feito por meio de características que apresentam elevada correlação e variabilidade genética (ABREU; SONOHATA; LOPES, 2013). Neste caso, a equação aplicada é:

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots b_nx_n \quad (5)$$

Onde:

b = fator de ponderação;

x = dados fenotípicos da característica de critério de seleção.

E o fator de ponderação (b) é definido por:

$$b = P^{-1}Ga \quad (6)$$

Onde:

P = matriz das (co)variâncias fenotípicas dos critérios de seleção;

G = matriz das (co)variâncias genéticas entre os critérios de seleção relacionados no objetivo de seleção;

a = valor econômico da característica.

Cardellino e Rovira (1987) descrevem que os elementos básicos para a construção de um índice de seleção são estimativas da herdabilidade, as covariâncias fenotípicas e genética entre as características selecionadas e o valor econômico para cada uma das características.

Com relação aos critérios de seleção, estes podem ser compostos por uma ou várias características de um indivíduo. Podem ser medidos no indivíduo ou em seus parentes. Os objetivos de seleção correspondem em geral com os critérios de seleção, principalmente nas características de maior importância econômica (JOHNSON; GARRICK et al., 1990). Critério de seleção são características que os programas de melhoramento genético utilizam para estimar o valor genético dos animais (CARDELLINO; ROVIRA, 1987). Desta forma, as características incluídas nos índices de seleção (critérios de seleção) são os “meios utilizados” para modificar os objetivos de seleção (PONZONI; NEWMAN, 1989).

No trabalho de Simões et al. (2020) foi desenvolvido um índice econômico de ciclo completo (IECC) para caracterizar a produtividade do sistema produtivo de bovinos de corte da raça Brangus baseados em valores econômicos. Este índice é utilizado pelo

programa de melhoramento genético da Embrapa e classifica os animais utilizando oito características de difícil mensuração: contagem de carrapato, contagem de ovos por grama de fezes, área de olho de lombo obtida por ultrassom entre a 12^a e 13^a costelas, espessura de gordura subcutânea mensurada por ultrassom entre a 12^a e 13^a costelas, espessura de gordura subcutânea na garupa obtida por ultrassom entre a intersecção dos músculos “Gluteus medius” e “Biceps femoris”, velocidade de fuga, peso ao nascer e peso adulto da vaca.

2.3 Explosão combinatória

O cruzamento é a ferramenta fundamental no melhoramento genético animal. Para seu êxito, necessita da avaliação objetiva da seleção e acasalamentos, estimar os parâmetros requeridos pelos programas de melhoramento, medir aspectos econômicos e otimizar o processo. Os primeiros sistemas de controle eram simples e incluíam avaliações do tipo pesos corporais em determinadas idades no caso do gado de corte, produção de leite no caso do gado leiteiro. Atualmente as demandas de mercado e o interesse do produtor em tomar decisões com base a um conjunto de características relacionadas com o valor econômico de produção e a consideração dos aspectos sociais nos objetivos de produção.

Neste cenário, considerando a variedade de características que envolvem um processo de melhoramento genético animal, eleva-se a complexidade da solução de um problema que conduz a uma explosão combinatória de alternativas escalando o tempo computacional. A otimização combinatória é uma área da matemática aplicada e da ciência da computação e está relacionada com a teoria da complexidade computacional. A teoria da complexidade computacional estuda de forma teórica a quantidade de recursos computacionais que utilizará um algoritmo para resolver um problema (DEAN, 2016).

O objetivo da otimização combinatória é resolver problemas a partir da exploração de espaço de busca. Estes problemas consistem em encontrar um elemento de um conjunto finito ou infinito e que seja ótimo para maximização ou minimização. Estes elementos geram uma explosão combinatória de aspirantes à solução, de modo que uma busca exaustiva pela melhor resposta ao problema, representa um processo inviável computacionalmente (GOMES, 2006).

O problema de maximização de acasalamento em um programa de melhoramento genético animal, incrementa sua complexidade exponencialmente na medida que aumenta

o número de animais envolvidos e características no processo de seleção (FONTOURA, 2019). Neste caso, um problema de acasalamento de bovinos composto por 7 touros e 210 vacas, poderia representar uma busca exaustiva na tentativa de encontrar os melhores produtos consequentes de cada acasalamento (Figura 1). O número de estados neste exemplo é a notação 7^{210} e representa um número excessivo de combinações para encontrar os melhores acasalamentos que irão produzir os melhores índices de seleção (IS). Nesta situação, recomendaria-se utilizar estratégias heurísticas para reduzir o tempo e otimização de resposta.

Figura 1 – Exemplo de um caso de acasalamentos com 7 touros e 210 vacas.

REV (relative economic value U\$S)						
idTouro	DEP1	DEP2	DEP3	DEP4	DEP5	IS
T1	-1,71	-3,55	40,17	-8,59	7,71	127,9
T2	-1,64	-3,52	40,14	-8,61	7,74	138,4
T3	-1,74	-3,53	40,81	-8,58	7,69	125,6
T4	-1,72	-3,54	40,74	-8,52	7,68	125,3
T5	-1,65	-3,61	40,11	-8,67	7,73	133,6
T6	-1,75	-3,42	40,09	-8,39	7,65	137,8
T7	-1,67	-3,56	40,51	-8,47	7,59	136,8

REV (relative economic value U\$S)						
idVaca	DEP1	DEP2	DEP3	DEP4	DEP5	IS
V1	-1,8	-3,47	39,87	-8,61	7,59	19,8
V2	-1,72	-3,54	39,74	-8,59	7,68	115,4
...
...
V208	-1,55	-3,69	40,05	-8,43	7,57	111,6
V209	-1,79	3,48	39,99	-8,37	7,69	110,9
V210	-1,64	-3,41	40,03	-8,64	7,71	116,4

Fonte: Autor (2022).

Neste contexto, o avanço da tecnologia computacional relacionado à área dos modelos estatísticos aplicados à análise de dados, obtidos em condições reais de produção, permitem a implementação de métodos mais eficazes para o cálculo de valores genéticos estimados, aproveitando a informação do controle de produção e linhagem. Uma boa ferramenta para resolver problemas de explosão combinatória e obter soluções em tempo razoável são as técnicas de heurística.

2.3.1 Problemas de busca em espaço de estados

Coppin (2010) define a Inteligência Artificial como técnica que envolve métodos baseados no comportamento inteligente de humanos e outros animais para solucionar problemas complexos.

A Inteligência Artificial (IA) tem como objetivo a solução de problemas. A capacidade de resolver problemas é frequentemente usada como uma medida de inteligência para humanos e computadores. Existem principalmente dois tipos de problemas. O primeiro caso pode ser resolvido usando algum tipo de procedimento determinístico com sucesso garantido pelo auxílio da computação. Os métodos usados para resolver esses problemas geralmente podem ser interpretados em um algoritmo

executado em um computador. Embora alguns problemas reais se prestem a soluções computáveis, eles devem ser colocados no segundo tipo, que consiste em problemas que são resolvidos com busca de solução (RUSSELL; NORVIG, 2002).

Existem uma variedade de problemas que vão desde como diagnosticar uma doença, ou resolver estratégias para um jogo de xadrez, até a solução de um problema matemático. Em todos estes exemplos, encontramos elementos em comum que fazem parte de um processo de abstração que permitem de forma geral conceituar a solução de um problema como: é o processo que partindo de um estado inicial e utilizando um conjunto de regras ou ações selecionadas, é capaz de explicitar o conjunto de passos que indicam uma situação posterior denominada solução (COPPIN, 2010). A solução vai depender do contexto do problema, pode ser um conjunto de ações que levam a alcançar certo objetivo ou verificar restrições. O objetivo é gerar mecanismos automáticos que procurem elementos comuns em um conjunto de problemas permitindo classificá-los, identificando ações e estratégias que possam ser validadas de forma geral.

Neste sentido, a modelagem da solução deve expressar as características dos problemas usando uma linguagem formal entre estes, proporcionando métodos e estratégias gerais sob forma de algoritmos ou heurísticas para obter garantia de solução.

Uma forma de representar e formalizar um problema e seus mecanismos de solução é por meio do espaço de estados. Para conceituar este espaço, é importante destacar que as ações envolvidas na solução dos problemas são dinâmicas, ou seja, são produzidas em uma evolução temporal, passando por etapas de um estado inicial até o seu estado final (COPPIN, 2010). Portanto, estado é a representação dos elementos que descrevem o problema em um determinado momento, isto é, a situação em que encontra-se ou poderia encontrar-se o problema a cada instante de tempo.

A escolha dos estados determina a informação que se armazenará nos diversos estágios do problema e define as regras ou operações básicas que permitem realizar as transformações dos estados. O processo de transformar o problema original em espaço de estado manipulável por meios automáticos é denominado Modelo Computacional (LINDEN, 2008).

Para modelar formalmente um problema utiliza-se uma representação simbólica dos estados e suas regras para cada transição do universo em estudo. A ação de uma regra indica como modificar o estado atual para gerar um novo estado e a condição impõe restrições sobre a aplicabilidade da regra de acordo o estado atual.

2.3.1.1 Problema n-Puzzle

Um exemplo muito abordado em diversas literaturas, é o jogo n-Puzzle Figura 2, na qual consiste em um tabuleiro de $n \times m$, com $n \times m - 1$ peças numeradas e um espaço em branco. Uma peça adjacente no espaço em branco pode ser deslocada (ROSA, 2011). O objetivo é alcançar o estado final especificado, ou seja, quando o quebra-cabeça estiver ordenado. A formulação deste problema poderia ser de espaço de estados.

A descrição de um estado especifica a localização de cada uma das oito peças e o branco em cada um dos nove quadrados.

Estados = cada possível configuração do tabuleiro

Estado inicial = qualquer um dos estados possíveis

Teste de término = ordenar, com branco na posição [3,3]

Operadores = mover branco (esquerda, direita, para cima e para baixo)

Custo do caminho = número de passos para solução

Estado = $\langle Q,R,C \rangle$ onde: Q: Qualquer estado pode ser um estado inicial. R: Mover o branco à esquerda, direita, acima ou abaixo. C: O estado meta pode ser qualquer conjunto de configuração

Figura 2 – Estados inicial e final do jogo 8-Puzzle

Estado Inicial		
2	1	4
8	5	6
	7	3

Estado Final		
1	2	3
4	5	6
7	8	


Branco

Fonte: Autor (2022).

No caso do Quebra-cabeça de tamanho 3X3, o número de possibilidades de estado é de $9! = 362880$, um tamanho que permite com capacidade de computadores atuais fazerem uma busca exaustiva para encontrar o caminho desde qualquer estado ao estado final ordenado. Esta busca começa no estado inicial e vai passando por todos os estados seguindo a aplicação sucessiva das regras de transição até encontrar a solução. No caso de utilizar o Quebra-cabeça tamanho 4X4, o número de estados é de $16! = 2 \times 10^{13}$,

um número expressivo para uma busca exaustiva. Neste caso, o espaço de estados é excessivamente grande para fazer um percurso exaustivo de seus elementos, sendo assim é necessário encontrar outras estratégias de busca mais depuradas que permitam atingir as soluções de forma mais eficiente usando menos recursos.

2.4 Técnicas heurísticas

As técnicas heurísticas são algoritmos que procuram soluções de ótima qualidade para problemas combinatoriais complexos. Os algoritmos heurísticos apresentam implementação simples e encontram boas soluções com esforços computacionais relativamente baixo.

2.4.1 Heurística

O conceito do termo heurística está relacionado com a tarefa de resolver problemas reais de forma inteligente. O termo heurística deriva de uma palavra grega *heurisken* com significado relacionado ao termo descobrir (BLUM; ROLI, 2003).

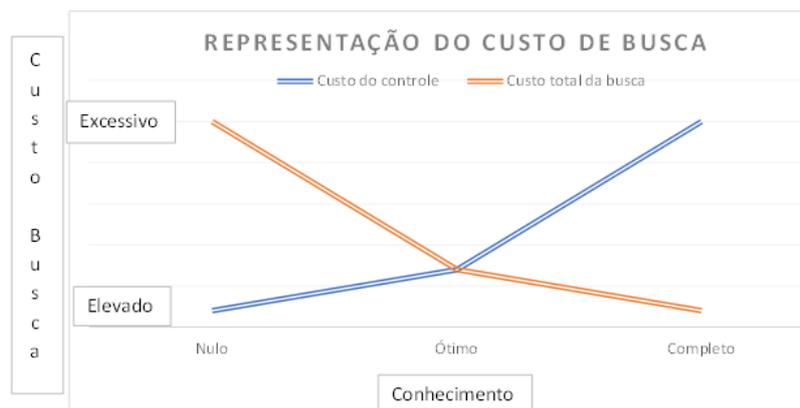
Na IA emprega-se o termo heurístico para aplicar a todos os aspectos que se referem ao emprego do conhecimento na realização dinâmica de tarefas. Heurística é uma técnica, método ou procedimento inteligente de realizar uma tarefa que é consequência de um conhecimento especialista sobre a tarefa. O termo heurístico se refere a um método que oferece soluções a um problema com um bom rendimento com relação à qualidade das soluções e aos recursos empregados (FOULDS, 1984).

Segundo Miura (2008), heurísticas são conjuntos de regras e métodos que conduzem à descoberta e à resolução de problemas, porém não asseguram a obtenção de soluções ótimas do ponto de vista matemático. As abordagens heurísticas buscam de forma simplificada soluções próximas à solução ótima com tempo computacional reduzido.

Este processo reduz o número de nodos expandidos, avaliando as alternativas em função do conhecimento disponível. Na Figura 3, pode-se observar o custo total de busca com relação à quantidade de conhecimento disponível. Quando a informação do problema é nula requer um elevado custo de controle e um excessivo custo de aplicação de regras devido a quantidade de nodos que deve percorrer. No caso contrário, quando se possui um

excesso de informação, reduz-se o número de nodos a serem visitados, porém, aumenta a gestão da informação produzindo um controle excessivo e um elevado custo de aplicação de regras. O objetivo para resolver os problemas de buscas é situar-se na parte central do gráfico (ótimo) utilizando a informação adequada, diminuindo o processo de busca para encontrar a solução mais ótima.

Figura 3 – Relação entre custo do controle e custo da busca.



Fonte: Autor (2022).

Devido ao fato de que a maioria dos problemas de otimização combinatória classificam-se como difíceis, as pesquisas das últimas décadas têm desenvolvido algoritmos de aproximação (estratégias) para a construção de heurísticas. Este tipo de algoritmo de aproximação combina heurísticas tradicionais com estratégias de exploração de busca de espaço (BLUM; ROLI, 2003). Neste sentido, obtiveram-se tanto técnicas e recursos computacionais como estratégias de desenho para procedimentos heurísticos de resolução de problemas. Estas estratégias gerais para construção de algoritmos, que sobrepõe as técnicas heurísticas, denominam-se meta-heurísticas e podem integrar-se como um sistema especialista para facilitar seu uso genérico além de melhorar seu rendimento (MELIÁN; MORENO; MORENO, 2003).

2.4.2 Meta-heurísticas

Osman e Kelly (1996) definem meta-heurística como:

Uma meta-heurística é um procedimento iterativo com uma estrutura e regras gerais de funcionamento que o caracterizam, conduzindo um método

heurístico subordinado combinando inteligentemente diversos conceitos para explorar os espaços de busca por meio de estratégias aprendidas para conseguir soluções quase ótimas de maneira eficiente.

Devido ao fato de que a maioria dos problemas de otimização combinatória classificam-se como difíceis, a pesquisa científica focou em desenvolver algoritmos de aproximação (BLUM; ROLI, 2003). Glover (1986) introduziu o conceito de meta-heurística para definir uma classe de algoritmos de aproximação que combinam heurísticas tradicionais com estratégias eficientes de exploração de espaço de busca (BLUM; ROLI, 2003).

A flexibilidade é uma grande vantagem das técnicas de meta-heurística, na qual permitem abordar uma variedade de problemas (VOSS; WOODRUFF, 2006). Estas características refletem o surgimento de revistas especializadas como *Journal of Heuristics* e o *Inform Journal on Computing*, e a publicação de uma extensa variedade de livros, na qual destacam-se Aarts, Aarts e Lenstra (2003), Blum e Roli (2003), Glover e Kochenberger (2006), Melián, Moreno e Moreno (2003), Osman e Kelly (1996).

As meta-heurísticas são estratégias inteligentes para desenhar ou melhorar procedimentos heurísticos com alto rendimento (BLUM; ROLI, 2003). Portanto, os tipos de meta-heurísticas foram estabelecidos em função do tipo de procedimento ao qual se refere. Alguns dos tipos fundamentais são: i) as meta-heurísticas para os métodos de relaxação; ii) as meta-heurísticas para os processos construtivos; iii) as meta-heurísticas para as buscas por entorno; e iv) as meta-heurísticas para os procedimentos evolutivos.

- i) As meta-heurísticas de relaxação referem-se a procedimentos de resolução de problemas que utilizam relaxações do modelo original, ou seja, alterações na modelagem do problema a ser resolvido para que a solução seja encontrada com eficiência, fornecendo informações ao algoritmo na busca da solução do problema (PARDALOS; RESENDE, 2002).
- ii) As meta-heurísticas construtivas orientam aos procedimentos que tratam da obtenção de uma solução a partir da análise e seleção de cada uma de suas componentes. Neste contexto, destacam-se entre as meta-heurísticas mais clássicas a estratégia do algoritmo guloso (*greedy*), que implica na escolha que retorna melhores resultados imediatos possíveis. Um exemplo é a meta-heurística GRASP (*Greedy Randomized Adaptive Search Procedure*) (RESENDE; RIBEIRO, 2003).
- iii) As meta-heurísticas de busca por entornos guiam os procedimentos que usam

estratégias para percorrer o espaço de soluções alternativas e explorar as estruturas de entornos associadas.

- iv) As meta-heurísticas evolutivas objetivam os procedimentos baseados em conjuntos de soluções que evoluem sobre o espaço de soluções. Estabelecem estratégias para guiar a evolução no espaço de busca de conjuntos de soluções (populações) com a intenção de aproximação à solução ótima com seus elementos. Esta heurística evolutiva consiste na interação entre os elementos da população, procurando preservar as características desejáveis, sem comprometer a diversidade dentro da população (BLUM; ROLI, 2003).
- v) As meta-heurísticas evolutivas diferem pela forma que combinam a informação proporcionada pelos elementos da população para fazê-la evoluir por meio da obtenção de novas soluções. Os algoritmos genéticos (GOLDBERG, 1989) e meméticos (MOSCATO; COTTA, 2003), e os de estimação de distribuição empregam fundamentalmente procedimentos aleatórios, enquanto as meta-heurísticas de busca dispersa (*scatter search* (GLOVER; KOCHENBERGER, 2006)) e *path relinking* (GLOVER; KOCHENBERGER, 2006)) empregam procedimentos sistemáticos.

Em síntese, o conceito das técnicas de meta-heurística representa uma combinação de métodos heurísticos que buscam uma solução com qualidade. Estas técnicas são aplicadas em problemas nos quais não existe um algoritmo exato ou quando a solução do problema exige recursos computacionais impossibilitando sua implementação aplicação (GOMES, 2006).

2.5 Computação Evolutiva

A Computação Evolutiva (CE) é a área da IA que agrupa técnicas inspiradas nos princípios de Charles Darwin (Teoria da Evolução das Espécies) e Gregor Mendel (trabalhos sobre genética) que simulam o processo evolutivo natural capaz de gerar soluções para problemas do mundo real (HINTERDING; MICHALEWICZ; EIBEN, 1997). Desta simulação de processos de evolução natural resultou uma técnica de busca e otimização estocástica que posteriormente foi denominada de Algoritmo Evolucionário (EA – *Evolutionary Algorithm*).

Os EAs são modelados computacionalmente simulando a seleção natural e a

recombinação genética por meio de diversos operadores evolutivos. Sua implementação baseia-se em uma população de indivíduos, também denominados de cromossomos, que representam possíveis soluções, recombina-se e competindo entre si, da qual os mais aptos permanecem por mais tempo evoluindo para melhores soluções (LINDEN, 2008).

Para a implementação dos EAs, considera-se fundamental a representação das soluções ao problema a ser resolvido, aplicação de operadores que atuem com os indivíduos, dispor de uma função de aptidão para avaliar os indivíduos gerados e por último um mecanismo de seleção (GOLDBERG, 1989).

De acordo Linden (2008), o funcionamento do EA inicia com a geração da população de indivíduos que são submetidos a manipulações genéticas por meio dos operadores de mutação e de recombinação para criação de novas gerações de indivíduos. Estes algoritmos são indicados para solução de problemas cujo tempo computacional de operação é inexecutável.

A pesquisa dos EAs baseia-se, principalmente, em três paradigmas desenvolvidos independentemente: (a) Estratégia Evolutiva (EE), (b) Algoritmo Genético (AG) e (c) Programação Genética (PG) (LINDEN, 2008). Cada paradigma determina os fatores que o indivíduo pode distinguir-se de outro e conseqüentemente sua variação genética.

As EEs foram desenvolvidas, na década de 1960 na Alemanha, por um grupo de estudantes de engenharia. A proposta tinha como objetivo solucionar problemas de otimização que trabalhavam sobre indivíduos compostos por números reais para otimizar parâmetros em problemas de desenho em engenharia. Na proposta inicial, se um filho gerado por meio da mutação apresentar melhores características que o pai será conservado (BACK, 1996). O mais difundido e pesquisado são os AGs. Para comprovar sua popularidade e preferência, basta fazer uma pesquisa na Internet com o termo "*genetic algorithms applications*" e o retorno será mais 86.000.000 páginas de aplicações. Os AGs são utilizados para resolver problemas de aprendizado de máquina. Os AGs são métodos computacionais, de busca de solução, baseados na genética e evolução natural (LINDEN, 2008). Fundamentam a importância do cruzamento (operador principal) sobre a mutação (operador secundário) e usam seleção probabilística. Apresentam relativa simplicidade de implementação e eficácia em realizar busca global em ambientes diversos. Segundo Koza (1995), como generalização dos AGs, a PG é uma forma de computação baseada na simulação da evolução de indivíduos, neste sentido, a PG surge com o objetivo de resolver um problema da IA possibilitando que programas evoluam por intermédio de

autoprogramação dos computadores.

As soluções geradas por meio dos AGs são obtidas ao utilizar os conceitos de cruzamento e mutação das ciências biológicas LeBlanc, Shtub e Anandalingam (1999) e das regras naturais de autorreparação e adaptação dos seres vivos Goldberg (1989). De acordo com Reeves (2003), o uso de AGs na otimização é muito popular e frequentemente apresenta resultados exitosos em aplicações reais, o que justifica o conceito de Goldberg (1989) que afirma teórica e empiricamente a aprovação de realizar buscas robustas em espaços complexos com a aplicação dos AGs.

Os AGs diferem da maioria das técnicas de busca e otimização em quatro aspectos (GOLDBERG, 1989):

- Os AGs trabalham com uma codificação de parâmetros (genótipo) e não com parâmetros em si mesmo (fenótipo), neste sentido, nos AGs cada solução (indivíduo) está representada por um vetor denominado cromossomo, na qual cada um de seus componentes (gene) representa um parâmetro de solução.
- Os AGs realizam a busca a partir de uma população de soluções e não desde uma única solução, na qual, segundo LeBlanc, Shtub e Anandalingam (1999), garante a exploração de uma maior porção de espaço de soluções e evita a escolha de ótimos locais.
- Os AGs utilizam a informação da avaliação da função de adaptação (objetivo ou fitness) para conduzir a busca e não conhecimento auxiliar.
- Os AGs utilizam regras de transição probabilística e não determinística.

O funcionamento dos AGs será estudado no próximo tópico.

2.6 Algoritmos Genéticos

A meta-heurística Algoritmo Genético (AG) é um método adaptativo, frequentemente utilizado em problemas de busca e otimização de parâmetros fundamentados no princípio de Charles Darwin (1859) (FOGEL, 2006). Desde sua introdução, na década de 70 por John Holland, apresenta boas soluções para uma variedade de problemas de otimização (GEN; CHENG; WANG, 1997).

Os AGs são algoritmos de busca com heurística, baseados em mecanismos de seleção e genética natural (COSTA et al., 2007). Este tipo de busca privilegia os indivíduos com maior aptidão ao ambiente e consequentemente com maior

probabilidade de reprodução (COPPIN, 2010). Seguindo os princípios da evolução das espécies, os indivíduos com mais descendentes possuem maior probabilidade de manter seus códigos genéticos nas próximas gerações (LINDEN, 2008).

Os AGs simulam estes princípios na busca de uma melhor solução ao problema por meio da evolução de populações de soluções codificadas como cromossomos artificiais. Um cromossomo é uma sequência de dados que representa uma das prováveis soluções do espaço de busca do problema em um AG. Este processo evolucionário submete os cromossomos em um ciclo de avaliação, seleção, recombinação sexual e mutação com o objetivo de encontrar os indivíduos com maior aptidão (GOLDBERG et al., 2002).

Neste sentido, para atingir a solução de um problema, o AG cria aleatoriamente um conjunto de indivíduos denominado população. Cada um destes indivíduos deve evoluir com base na seleção natural e sua habilidade de adaptação ao ambiente.

Na atualidade os AGs são aplicados na solução de diversos problemas de otimização de diferentes áreas de conhecimento. O rendimento dos AGs depende da seleção adequada de seus parâmetros como operadores genéticos, probabilidade de aplicação, tamanho da população, esquema de seleção, entre outros.

2.6.1 Terminologia

Para explicar o funcionamento dos AGs é recomendado compreender alguns conceitos básicos. De acordo com Linden (2008), em um AG assim como na biologia existem termos relacionados que indicam fenômenos relativos ao processo de reprodução. Abaixo os principais termos abordados na literatura:

Cromossomo e Genoma: Genoma é o conjunto completo de genes de um organismo podendo ter vários cromossomos. Nos AGs, os dois termos representam um ponto no espaço de busca.

Gene: Na biologia é a unidade de hereditariedade transmitida pelo cromossomo e nos AGs um elemento no vetor.

Indivíduo: Membro da população e nos AGs é formado por um cromossomo e sua aptidão.

Genótipo: Na biologia representa a composição genética do Genoma e nos AGs a informação contida no cromossomo.

Fenótipo: Em AG representa o objeto construído a partir do Genótipo.

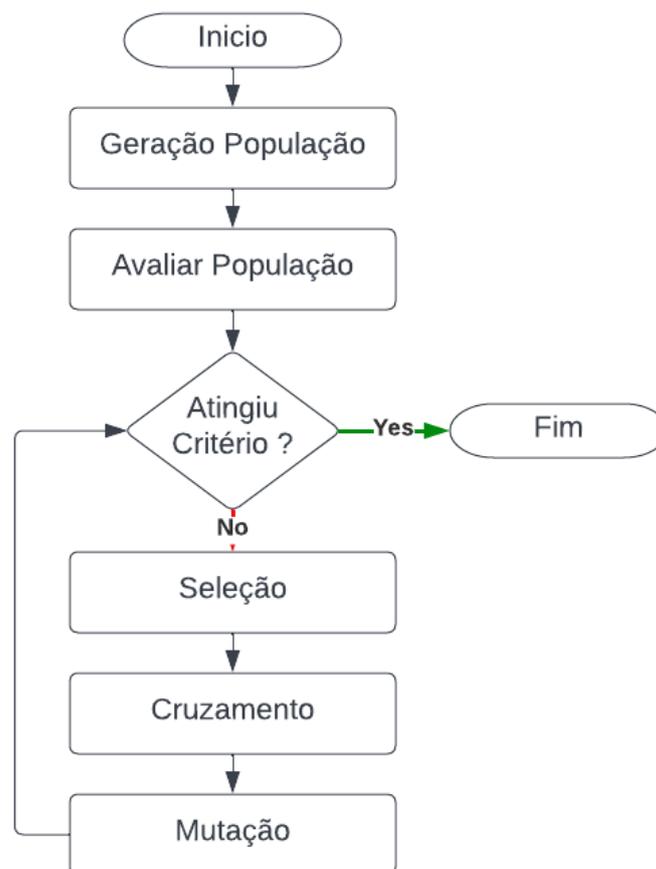
Alelo: Na biologia representa formas alternativas de um gene e nos AGs indica os

valores que o gene pode assumir.

2.6.2 Estrutura

A estrutura de um AG é apresentada na Figura 4. Ao início o algoritmo gera uma população inicial de indivíduos, cada um destes é candidato a solucionar o problema de otimização, na sequência os indivíduos são avaliados em sua aptidão para resolver o problema e um esquema de seleção é executado determinando quais indivíduos participaram do processo de reprodução, após a aplicação dos operadores genéticos os indivíduos resultantes convertem-se em nova população na qual será repetido o processo de evolução descrito anteriormente até um número determinado de gerações.

Figura 4 – Fluxograma do Algoritmo Genético utilizado.



Fonte: Adaptado de Linden (2008).

Em geral como mostra a Figura 4, os AG apresentam alguns componentes básicos:

(a) sua representação genética, (b) a população inicial, (c) a função de avaliação, (d) o método de seleção de reprodução, (e) os operadores genéticos, (f) o método de seleção de gerações e (g) os critérios de parada (AYTUG; KHOUJA; VERGARA, 2003).

2.6.3 Representação dos cromossomos

Toda solução possível de um problema pode ser apresentada atribuindo valores em uma série de parâmetros. O conjunto de todos os parâmetros (genes na terminologia dos AGs) codifica-se em uma cadeia de valores denominada cromossomo.

Ao conjunto de parâmetros representado por um cromossomo particular denomina-se genótipo. O genótipo contém a informação necessária para a construção da solução do problema.

De acordo Linden (2008), os AGs operam populações de indivíduos ou cadeias que representam um conjunto de parâmetros de interesse denominados cromossomos. A reprodução, cruzamento e mutação são operadores aplicados na população de cadeias sucessivas para criar novas populações. Um novo conjunto de cadeias é criado para cada geração usando bits e pedaços de elementos mais adequados da geração anterior. Esta representação é semelhante a um vetor, na qual um gene ocupa uma posição do vetor. A representação do cromossomo deve ser adaptada ao problema. A mais utilizada é a binária, porém é possível o uso de decimais (números inteiros ou reais). Na representação binária, o valor 1 representa a presença de uma característica, e conseqüentemente, o 0 a ausência dessa característica (Figura 5).

2.6.4 Função de Aptidão

Para a execução do Algoritmo Genético deve-se definir um método que indique se os indivíduos da população representam boas soluções ao problema. Uma métrica pela qual a aptidão de um cromossomo possa ser determinada objetivamente. Por exemplo, ao usar algoritmos genéticos para classificar números em ordem numérica, uma medida de aptidão adequada seria determinada executando o algoritmo e contando quantos números ele posiciona no local correto. Uma medida mais sofisticada de aptidão poderia ser obtida calculando quanto cada número localizado incorretamente está distante de seu local correto (COPPIN, 2010).

Figura 5 – Formas de representação genética: (a) Binária, (b) Decimal.

Representação genética

	População			
Indivíduo 1	0	0	1	0
Indivíduo 2	0	1	0	0
Indivíduo 3	1	0	1	1
			
Indivíduo N	1	1	1	1

a)

	População	
Indivíduo 1	15.3	9.8
Indivíduo 2	11.3	8.4
Indivíduo 3	29.7	6.5
	
Indivíduo N	19.5	8.3

b)

Fonte: Autor (2022).

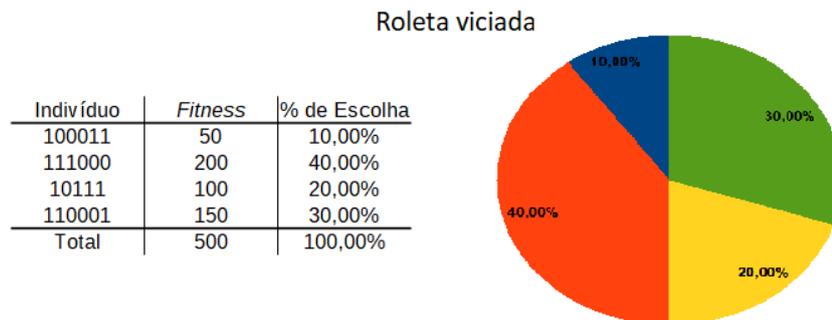
O objetivo desta função de avaliação é estabelecer uma medida de ajuste ou adequação de um indivíduo. Esta medida pode-se considerar como uma probabilidade de que esse indivíduo tenha alta porcentagem de gordura subcutânea. Esta probabilidade deve ser ponderada com o número de descendentes. No contexto dos AGs esta medição será utilizada para controlar a aplicação dos operadores genéticos, isto é, o número de seleções, cruzamentos e mutações.

2.6.5 Seleção de cromossomos

Os AGs tentam copiar o processo da seleção natural, selecionando os melhores cromossomos da população para gerar novas populações. Após a execução da função de aptidão, os indivíduos recebem um valor ou fitness classificatório que determina quais indivíduos são mais capacitados para gerar novas populações. Para realizar esta seleção existem dois tipos de seleção: (a) seleção por roleta viciada e (b) seleção por torneio.

Na seleção por roleta viciada cada indivíduo é representado por uma parte proporcional ao seu valor de aptidão na roleta. Os indivíduos com melhor aptidão ocuparão maior porção na roleta maximizando as possibilidades de gerar mais descendências aproximando-se à solução do problema de acordo à Figura 6. A desvantagem é que o pior indivíduo poderá ser selecionado muitas vezes (LINDEN, 2008).

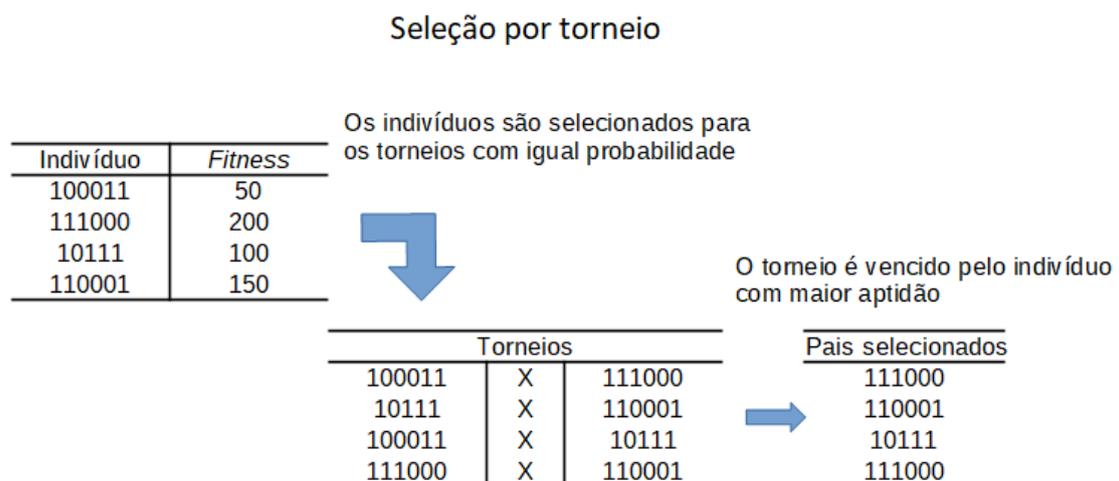
Figura 6 – Seleção por roleta viciada



Fonte: Autor (2022).

No tipo de seleção por torneio seleciona-se aleatoriamente indivíduos (com probabilidades iguais) e por meio de uma análise probabilística com base no maior valor de aptidão de cada cromossomo será determinado qual indivíduo irá compor a população intermediária (também chamada de *matting pool*) (LINDEN, 2008). Repete-se o processo até completar a população intermediária. Em cada competição é selecionado um (1) dos pais. Apresenta uma vantagem em relação a Roleta Viciada, em cada competição o indivíduo de maior aptidão sempre vencerá (Figura 7).

Figura 7 – Seleção por torneio



Fonte: Autor (2022).

2.6.6 Estratégias de evolução

Em um processo de evolução o objetivo é aproximar os valores obtidos pelo algoritmo ao valor da função aptidão. Dentre os vários métodos apresentados na literatura os mais comuns são: (a) Método Geracional e (b) Algoritmo *Steady-State* (DUMITRESCU et al., 2000).

No primeiro caso, a cada execução do algoritmo a população atual é completamente substituída ao final de cada geração por uma nova população. Este método denominado geracional apresenta a possibilidade de perder bons indivíduos.

Em outro cenário, existe o método de evolução *Steady-State*. Diferente do anterior, considera que apenas uma parcela da população será criada a cada geração. O algoritmo de *Steady-State* é um tipo de algoritmo de substituição utilizado para gerar uma nova população, isto é, os filhos podem substituir os pais, ou os cromossomos mais velhos ou os piores. Cada novo indivíduo após avaliado é inserido na população seguindo as regras de inserção (LINDEN, 2008).

Ambos os métodos apresentam um custo computacional, pois para cada filho substituído é necessário recalcular a aptidão.

Neste contexto, para evitar a perda dos melhores indivíduos, pode-se utilizar um método denominado elitismo. O elitismo foi desenvolvido por De Jong (1975), é um método que tem o objetivo de conservar os melhores cromossomos de uma geração para outra sem que haja modificações, permitindo manter a melhor solução encontrada em qualquer uma das gerações (LINDEN, 2008).

Barboza (2005) define o elitismo como técnica que consiste em reintroduzir o melhor indivíduo avaliado da geração atual para participar da seguinte, evitando a perda de informações importantes presentes em indivíduos de alta aptidão e que podem ser perdidas durante o processo de seleção. Neste sentido, é possível indicar o melhor indivíduo encontrado, sem a necessidade de estar presente na última geração do processo uma vez que o mesmo se encontra armazenado temporariamente.

2.6.7 Operadores Genéticos

Segundo Goldberg (1989) existem muitos operadores genéticos, porém os mais utilizados são cruzamento e mutação.

2.6.7.1 Cruzamento ou Crossover

Após a seleção dos indivíduos o algoritmo genético faz uma recombinação para produzir a descendência que dará origem para a próxima geração. O conceito principal de cruzamento baseia-se em combinar indivíduos adaptados ao meio para gerar uma descendência (DUMITRESCU et al., 2000).

O operador de cruzamento é aplicado a dois cromossomos de mesmo comprimento, como a seguir:

1. Seleciona um ponto aleatório para o cruzamento.
2. Separa cada cromossomo em duas partes, dividindo-o no ponto de corte do cruzamento.
3. Recombina os cromossomos separados, combinando a parte inicial de um com a parte final do outro e vice-versa, para produzir dois novos cromossomos.

Pode-se escolher como ponto de cruzamento o espaço entre o terceiro e o quarto genes. Agora, as partes do cromossomo são recombinadas de acordo a Figura 8.

Figura 8 – Cruzamento



Fonte: Autor (2022).

Alguns tipos de cruzamentos utilizados: (a) cruzamento de 1 ponto; (b) cruzamento de 2 pontos.

- Cruzamento de 1 ponto

É a técnica mais simples. Após selecionados os indivíduos “pais” separam-se os cromossomos por um ponto selecionado aleatoriamente para gerar os segmentos diferenciados em cada um deles: início e fim. Trocam-se os finais entre os indivíduos para gerar novos descendentes (Figura 9).

- Cruzamento de dois pontos

É uma generalização do cruzamento de um ponto. A diferença é que se realizam

Figura 9 – Cruzamento de 1 ponto



Fonte: Autor (2022).

dois cortes. Importante considerar que os pontos de corte não correspondam nos extremos do cromossomo para garantir que se originem 3 segmentos. Para gerar a descendência deve-se escolher o segmento central de um dos pais e os segmentos extremos do outro pai (Figura 10).

Figura 10 – Cruzamento de 2 pontos



Fonte: Autor (2022).

2.6.7.2 Mutação

Seguindo o mesmo conceito da biologia, a mutação em AG define-se como um operador genético que introduz uma alteração aleatória em determinadas características dos indivíduos. O objetivo é reintroduzir novos indivíduos para explorar regiões desconhecidas do domínio do problema com a possibilidade de encontrar melhores soluções do que as descobertas até o momento. Este processo ocorre probabilisticamente garantindo que nenhum espaço de busca tenha uma probabilidade nula ao ser examinado (LINDEN, 2008). Considerando que o cruzamento permite explorar a informação apresentada nas soluções atuais para encontrar melhores soluções, a mutação complementa este processo auxiliando a explorar a totalidade do espaço de busca do problema em virtude da introdução da diversidade genética na população.

Existem diferentes tipos de mutação, sendo o mais utilizado mutação binária simples. Neste caso as posições do cromossomo sorteadas são invertidas, isto é, o gene 1 para o valor 0 e vice-versa (Figura 11).

Figura 11 – Mutação



Fonte: Autor (2022).

Neste sentido, a sequência do processo dos operadores genéticos de um AG é: (a) primeiro selecionar os indivíduos da população para realizar o cruzamento; (b) no caso de êxito um ou ambos os descendentes realizam mutação.

2.6.8 Critério de Terminação

Dependendo da complexidade do problema, os AGs podem ser executados durante alguns segundos ou muitos anos. Isto acontece porque existe uma condição de parada na qual determina o seu tempo de execução. Algumas das situações que podem determinar o final de execução são: (a) o número máximo de gerações é atingido; (b) foi encontrada a solução que atende os critérios do problema; (c) o algoritmo atingiu o platô, ou seja, não existem mais melhorias. Jacobson e Kanber (2015) descrevem que é recomendável implementar várias finalizações, por exemplo, definir um tempo máximo de limite com a possibilidade de terminar antes se a solução for atingida.

2.7 Trabalhos Correlatos

Os trabalhos encontrados e selecionados serão apresentados na sequência. Alguns trabalhos foram encontrados em repositórios científicos de acordo aos critérios estabelecidos na metodologia deste trabalho.

No trabalho de Ramírez et al. (2018), é abordado um tema fundamental relacionado a produção de leite bovino: a preparação de rações com nutrientes necessários para melhor rendimento. Este trabalho propõe uma técnica evolutiva para formulação de rações com objetivo de maximizar a produção de leite em gado bovino. O processo de formulação de rações é complexo, pois além de incluir fatores de requerimento do animal como idade, peso, espécie e estado físico do animal, também inclui outros fatores importantes neste processo como proteína, nutrientes e matéria seca do alimento. A formulação de uma ração ideal é um problema de otimização que tem como objetivo oferecer uma dieta balanceada proporcionando um melhor rendimento na produção de leite. Esta abordagem utilizou AG canônico em versão binária e sem parâmetros extras para resolver o problema de formulação de rações. Como metodologia, foram realizados 3 experimentos com 30 execuções independentes para cada parâmetro e experimento. Os experimentos foram realizados com AG proposto por Ramírez et al. (2018) e AG utilizados por Gupta, Chandan e Kuntal (2013) e Saxena (2015). Os autores comprovam a capacidade da computação evolutiva em resolver problemas do tipo não linear e conclui atestando um maior rendimento do AG proposto em comparação aos trabalhos realizados por outros pesquisadores.

Em sua dissertação, Barreto Neto (2014) aborda a avaliação da estrutura populacional e a progressão genética de ovinos da raça Santa Inês que fazem parte do Programa de Melhoramento Genético ASCCO/USP. A metodologia definiu a seleção de 2071 machos e 3047 fêmeas pertencentes a 7 gerações distintas e 12 núcleos para a realização de 500 acasalamentos com os melhores machos e fêmeas pré-selecionados. Apresenta a utilização de AG para calcular a ótima contribuição genética para a geração subsequente de animais dos respectivos núcleos de seleção com informações de pedigree classificado e valores genéticos de características de importância econômica, estimados por meio de Preditores Lineares Não Viesados (BLUP) relativos as DEPs. Entre os resultados obtidos, o trabalho atesta que o uso de AG representa uma eficiente ferramenta computacional para o melhoramento genético de raças que calculam o valor genético por meio da relação DEP-BLUP. Outro aspecto conclusivo é o benefício do aumento do intercâmbio de material genético entre os núcleos para maximizar o ganho genético e a IA como um método de escolha para solução do problema de acasalamento seletivo com limite de consanguinidade.

Carvalho et al. (2016) apresentam uma simulação de acasalamentos de caprinos no sistema Capriovi com o objetivo de maximizar o ganho de peso e minimizar o grau

de parentesco do rebanho. A proposta foi desenvolvida em um projeto piloto contendo aproximadamente 200 animais da Universidade Federal do Piauí com a finalidade de prever os melhores casais para acasalar, de forma a potencializar o ganho de peso das gerações subsequentes, minimizando o grau de parentesco do rebanho por meio do sistema em estudo. O sistema Capriovi é um sistema de informação web para gestão de rebanhos de caprinos e ovinos contendo informações básicas referentes a genealogia e desempenho produtivo e reprodutivo dos animais. Esta abordagem apresenta uma técnica de melhoramento genético referente aos acasalamentos intra-rebanhos. Frente ao problema citado, Carvalho et al. (2016) afirmam que mesmo para um pequeno rebanho o número de combinações é muito grande o que exige um alto custo computacional e tempo de processamento. Neste cenário, é necessário o uso de algoritmos de inteligência artificial. A metodologia foi aplicada em 4 fases: (a) obtenção dos dados, (b) predição de parentesco de cada animal em relação ao resto do rebanho, (c) seleção de animais para acasalamento utilizando DEPs e (d) otimização do melhoramento genético. Para esta abordagem, foi utilizado AG com objetivo de implementar as prescrições citadas no trabalho. Como resultado, o sistema fornece um relatório de sugestões de acasalamentos para gerar filhos com melhores valores genéticos e com baixa endogamia. Como conclusão, o autor destaca a importância de uma ferramenta como o Capriovi para os produtores no auxílio às técnicas de melhoramento genético em seus rebanhos. Destaca que o melhoramento proporciona aumento na qualidade genética produzindo animais com alto ganho genético e maior variabilidade genética, conseqüentemente animais com maior valor agregado. Um dos pontos fundamentais que Carvalho et al. (2016) ressaltam é em relação ao tempo de trabalho, isto é, um especialista levaria em torno de uma hora de trabalho para realizar a avaliação de um rebanho de 10 animais. No caso da simulação realizada nesta abordagem, eram 193 animais, dos quais restaram selecionados 14 machos e 79 fêmeas representando um conjunto de 14^{79} combinações. Com estes resultados os autores atestam que por meio do uso de inteligência artificial é possível melhorar as sugestões de acasalamentos com melhora genética.

Fontoura (2019) em sua dissertação apresenta uma solução baseada em AG com o objetivo de recomendar acasalamentos de bovinos ao produtor. Segundo o autor, a maximização por combinações de acasalamentos, considerando múltiplas características genéticas, é um problema intratável computacionalmente, isto é, não admite solução em tempo polinomial e caracteriza o uso de estratégia heurística para sua resolução. As características envolvidas neste trabalho são baseadas nos valores das DEPs e

os dados utilizados são oriundos da base de dados do programa de melhoramento PampaPlus. O AG desenvolvido utilizou técnicas já abordadas em outros trabalhos científicos identificados pelo autor, tais como a criação da população inicial inclinada para a solução do problema, penalização de respostas candidatas em conflito com as regras definidas, ajustes da função objetivo ponderando pelas características de preferência do produtor, bem como limitando a máxima utilização e a mínima utilização de touros e percentual de parentesco. Neste cenário, o autor valida sua hipótese e atesta o AG nas simulações em diferentes cenários propostos na sua abordagem, isto é, em sua pesquisa foi possível observar a otimização do desempenho dos acasalamentos em cada nova geração que utilizaram os touros e vacas superiores para maximizar as combinações. Mesmo reconhecendo que o AG precisa de ajustes para melhorar seu desempenho e tempo de processamento, o autor conclui que os resultados dos experimentos indicam desempenho satisfatório do AG e apresentam uma tendência na escolha dos animais de maior valor de DEP com base nas ponderações determinadas pelo produtor.

No trabalho de Santos et al. (2016), são apresentadas algumas tendências e aplicações de algoritmos evolucionários, delimitando-se na otimização da seleção de animais para acasalamentos assistidos no melhoramento animal. Em sua revisão de literatura, converge com Borges, Borges e Ribeiro (2004), Breda et al. (2004), Carvalho et al. (2009) na eficiência do uso de acasalamentos dirigidos como ferramenta para melhorar o progresso genético e para isto recomenda-se usar a otimização para testar várias combinações com o objetivo de encontrar a melhor solução. Neste sentido, apresenta os Algoritmos Genéticos como instrumento para auxiliar os melhoristas a aplicarem conhecimentos provenientes da prática e também, oferece aos modelos uma estrutura de valores e preferências para encontrar resultados relacionados com a realidade enfrentada nos cruzamentos. Destaca principalmente, que a aplicação de sua metodologia procura aproximar os modelos analíticos implementados à realidade vivida pelos produtores, assim como aos processos biológicos. Em sua abordagem, o autor, procura apresentar propostas para tomada de decisão assistida, a longo prazo, com o uso de Algoritmos Genéticos.

Dentre todos os trabalhos correlatos encontrados que fazem uso da Computação Evolutiva para tratar problemas de otimização de melhoramento genético, nenhum trabalho utilizou a técnica de Algoritmos Genéticos para recomendar acasalamentos baseados em modelos bioeconômicos. Neste sentido, fundamenta-se a utilização de técnicas heurísticas na busca de combinações de acasalamentos bovinos utilizando o

índice econômico dos rebanhos do programa de avaliação genética da Embrapa Pecuária Sul e de mais 14 rebanhos de criadores da raça Brangus associados à Associação Brasileira de Brangus, além de touros de 7 centrais de inseminação.

Neste contexto, a utilização da meta-heurística algoritmo genético constitui uma das ferramentas mais relevantes da Inteligência Artificial inspirada na natureza. Sua importância teórica e prática está fundamentada na publicação de diversos estudos e pesquisas científica. Na teoria mostram como a natureza proporciona modelos simples que permitem dar solução a problemas importantes para a sociedade, e na prática revelam como obter algoritmos eficientes que apresentem êxito em aplicações práticas. Neste trabalho, são aplicados os fundamentos dos algoritmos genéticos para um problema de otimização combinatória que ganha relevância integrado no contexto do melhoramento genético animal. A implementação de um algoritmo genético com definição de aptidão em sua função objetiva e comparando as técnicas abordadas de geração de novas gerações, permitirá aos produtores desta raça simulações para otimizar o retorno econômico de seu rebanho conforme objetivos pretendidos.

3 METODOLOGIA

Este capítulo detalha o método científico utilizado para atender os objetivos propostos neste trabalho, bem como a classificação da pesquisa, etapas da pesquisa, material e métodos aplicados.

3.1 Classificação da Pesquisa

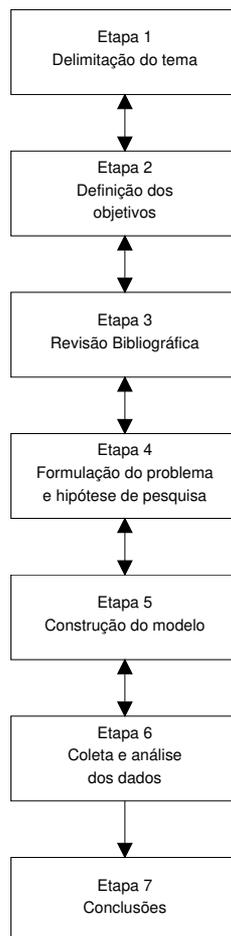
Segundo Pereira et al. (2018), uma pesquisa científica pode ser classificada quanto à natureza, à abordagem metodológica, aos objetivos e aos procedimentos. Considerando esta classificação, esta pesquisa caracteriza-se como:

- Quanto à natureza: é uma pesquisa aplicada pois propõe a solução de um problema real, a partir das recomendações de acasalamentos de bovinos para aumentar o índice econômico do rebanho.
- Quanto à abordagem metodológica: esta pesquisa utiliza uma metodologia quantitativa, porque os resultados obtidos com a aplicação da abordagem podem ser mensurados através do parâmetro numérico que sumariza o índice econômico do rebanho.
- Quanto aos objetivos: esta pesquisa classifica-se como explicativa, pois preocupa-se mostrar como um processo de recomendação de acasalamentos pode otimizar o ganho econômico em um sistema de produção.
- Quanto aos procedimentos: esta pesquisa classifica-se como experimental, pois foram realizados experimentos para manipular os dados dos acasalamentos para confirmar a hipótese de pesquisa.

3.2 Etapas da pesquisa

Segundo Silveira e Córdova (2009), uma pesquisa científica é composta por sete etapas principais, sendo elas: 1) a delimitação do tema inicial; 2) definição dos objetivos; 3) revisão bibliográfica; 4) formulação da problemática e hipótese de pesquisa; 5) construção do modelo de análise; 6) coleta e análise das informações; e 7) conclusões. Estas etapas são representadas no fluxograma, conforme Figura 12, e descritas a seguir:

Figura 12 – Proposta de Metodologia



Fonte: Autor (2022).

- Etapa 1 - Delimitação do tema inicial: A escolha do tema é a questão inicial. Neste sentido, em consonância com a parceria Unipampa e Embrapa Pecuária Sul, foi delimitada a proposta de desenvolver técnicas computacionais que permitam explorar as características econômicas para incrementar o índice econômico do rebanho na produção de bovinos da raça Brangus. O tema foi descrito na Seção 1.1.
- Etapa 2 – Definição dos objetivos: Nesta etapa foram definidos os objetivos (geral e específicos), os quais foram especificados na Seção 1.4.
- Etapa 3 – Revisão bibliográfica: Nesta etapa foi selecionada a literatura científica, incluindo artigos e produções técnicas relacionados com o tema especificado na Etapa 1. A descrição deste processo relativo ao levantamento bibliográfico está na Seção 3.3.
- Etapa 4 – Formulação do problema e hipótese de pesquisa: Nesta etapa foi definida

a delimitação do problema a ser investigado e a definição da hipótese de pesquisa.

- Etapa 5 – Construção do modelo: Para construção do modelo foi desenvolvido o Algoritmo Genético para validar a proposta. O modelo foi testado com uma base de dados real do programa de melhoramento genético da Embrapa.
- Etapa 6 – Coleta e análise de dados: Esta etapa é fundamental para testar a hipótese e ajuste do modelo (Etapa 5). A análise dos resultados permitiu validar a hipótese de pesquisa e a satisfação do objetivo almejado.
- Etapa 7 – Conclusões: Nesta etapa foram descritas as conclusões obtidas, as limitações encontradas, as principais contribuições do trabalho e o planejamento de novos experimentos e trabalhos futuros.

3.3 Material e Métodos

Esta seção apresenta a descrição do procedimentos utilizados no referencial teórico, assim como, as etapas de implementação do sistema.

3.3.1 Referencial Teórico

O referencial teórico desta abordagem é o resultado de uma pesquisa sistemática de literatura científica abordando as áreas de computação e ciências agrárias. As fontes de consulta de trabalhos relacionados utilizadas foram: *Scopus - Elsevier* (indicador *CiteScore*), base *Web of Science - Clarivate* (Fator de Impacto do Periódico - JIF) e a base *Google Scholar* (indicador H5) (CAPES, 2019; GARCEZ et al., 2020). Considerando o tema proposto, também foi utilizada a Base de Dados da Pesquisa Agropecuária (BDPA/Embrapa), formada por acervo das bibliotecas da Embrapa com publicações resultantes dos processos de pesquisa relacionados às ciências agrárias e áreas correlatas (BALDAN, 2019).

Neste contexto e considerando o objetivo desta pesquisa, foram utilizados como critério de busca termos chaves, tais como: “*genetic algorithms*”, “*cattle mating*”, “*genetic improvement*”, “*heuristic*”, “*evolutionary computing*”, “*mating selection*” e “*artificial intelligence*”. Para incrementar a pesquisa e obter um maior número de registros que contenham um dos termos pesquisados, foram utilizados os operadores booleanos *AND* e *OR* como separador entre os termos-chave.

Após o resultado da busca, para a seleção do referencial teórico, em complemento a esta metodologia, foi utilizada a Plataforma Sucupira para identificar o estrato Qualis da CAPES dos periódicos contemplados na lista da área do sistema. Nesse sentido, este trabalho utilizou a referência do Qualis/CAPES para mapear a relevância do material pesquisado, priorizando por estratos A1 até B3 publicados entre o período de 2010 e 2021.

Ainda no contexto da revisão crítica das referências, foram estabelecidos os seguintes critérios: leitura do resumo e conclusão dos artigos qualificados no Qualis Periódicos da área, livros e capítulos de livros devidamente avaliados pela Capes e trabalhos publicados em anais de eventos científicos, considerando dois temas principais: o melhoramento genético animal como problema e heurísticas como técnica. Neste sentido foi realizada uma posterior avaliação no nível de similaridade dos trabalhos encontrados. Foram identificados trabalhos com mesma técnica e diferente problema (A), mesma técnica e mesmo problema (B), outra técnica e problema similar (C) e outra técnica e mesmo problema (D). Foram relacionados quatro trabalhos com nível de similaridade A, seis trabalhos com nível de similaridade C. Não foram encontrados trabalhos com nível de similaridade B e D. Os resultados podem ser observados na Tabela 1.

Tabela 1 – Tabela de Similaridade

Nível de similaridade	A	B	C	D
Quantidade de trabalhos	4	0	6	0

Fonte: Autor (2022).

Os trabalhos classificados com nível de similaridade A foram Barreto Neto (2014), Santos et al. (2016), Ramírez et al. (2018) e Fontoura (2019). Os trabalhos classificados com nível de similaridade C foram Carvalheiro, Queiroz e Kinghorn (2010), Farah (2010), Rodrigues (2014), Jangarelli (2014), Carvalho (2018) e Ferreira (2021).

3.3.2 Implementação

O propósito do desenvolvimento do algoritmo para solucionar o problema de busca dos melhores acasalamentos bovinos, deve considerar as seguintes entradas e restrições indicadas pelo programa de melhoramento genético da Embrapa: (i) o índice de seleção, representado com variáveis e suas respectivas ponderações; (ii) o conjunto vacas utilizado

para acasalar; (iii) o conjunto de touros disponíveis para cobertura; (iv) o número máximo e mínimo de utilização de cada touro e (v) o percentual máximo de consanguinidade aceitável. A saída do algoritmo é representada por uma lista de animais (touro e vaca) indicando a recomendação dos acasalamentos.

Para o desenvolvimento e simulações do algoritmo genético, foi definida a linguagem de programação R (versão 4.0.3). Segundo Grunsky (2002), a linguagem de programação R é uma linguagem de programação interpretada, de distribuição livre com código fonte sob a licença GNU (*General Public License*), orientada a objetos e muito utilizada para estatística, inteligência artificial, mineração de dados e aprendizado de máquina. Esta linguagem executa em multiplataforma: Linux, Windows e MacOS (GRUNSKY, 2002). Ademais das funcionalidades citadas da linguagem R, o motivo da escolha desta ferramenta está associado à execução do algoritmo genético, isto é, após os testes, a solução será disponibilizada para ser utilizada pela Embrapa Pecuária Sul, na qual este ambiente de programação já é utilizado frequentemente em seus projetos (FONTOURA, 2019).

Como ferramenta de desenvolvimento do algoritmo foi utilizada a IDE (*Integrated Development Environment* ou Ambiente Integrado de Desenvolvimento) RStudio¹ (versão 1.4), que oferece uma interface gráfica para acesso a várias funções desta linguagem. Com a finalidade de melhorar o desempenho com a execução da linguagem de programação, Mazzonetto et al. (2016) recomendam o uso de funções compiladas e de funções vetorizáveis.

Para a construção do algoritmo foram utilizados os pacotes *Rcpp*, *ggplot2* e *RMySQL*. O *Rcpp* é um pacote que oferece funções escritas em linguagem C compilada tornando a execução do código mais rápida. Uma função vetorizada permite executar em todo o vetor ao mesmo tempo, e não apenas em um valor, simplificando a escrita do código e dispensando o uso de laços para repetição do código (EDDELBUETTEL, 2013). Para a visualização dos dados, por meio de gráficos, foi utilizado o pacote *ggplot2*. Este pacote tem como característica representar todos os componentes do gráfico em camadas, por exemplo o seu texto, os títulos, as cores e os dados ou informações que são representados graficamente (WICKHAM, 2016). Neste sentido, o gráfico é formado pela sobreposição destes componentes. E por último, para manipular/selecionar os dados da base de dados foi utilizado o pacote *RMySQL* para conexão ao banco de dados MySQL. Segundo James, DebRoy e Horner (2012), este pacote tem a vantagem de criar consultas em um banco de

¹<https://www.rstudio.com/>

dados relacional com informações em tabelas, linhas e colunas, bem como um *data.frame* (tabela) com observações (linhas) e variáveis (colunas).

Além dos pacotes citados no desenvolvimento do algoritmo, na fase da preparação dos dados foi necessário realizar o cálculo do numerador do coeficiente de parentescos entre os animais. Para este procedimento foi utilizado um *script* em linguagem R com o pacote *ggroups*. Este pacote fornece funções para verificação de linhagem, renumeração e processamento do pedigree do animal, cálculo da matriz de relação genética aditiva e sua inversa, que são utilizadas para estudar a estrutura populacional e prever o mérito genético dos animais (NILFOROOSHAN; SAAVEDRA-JIMÉNEZ, 2020).

Após o desenvolvimento do algoritmo genético (etapa 5) foram realizados testes e validação da solução utilizando dados reais da base de dados do programa de melhoramento Embrapa. O modelo de dados, ou seja, as tabelas e a descrição dos dados utilizados neste trabalho serão descritas na subseção seguinte (3.3.3). A validação foi realizada por meio da coleta e análise dos dados (etapa 6) que permitiu identificar quais acasalamentos podem conduzir ao ganho bioeconômico do rebanho. Nesta etapa de análise foi observado a utilização otimizada dos animais com maior valor econômico por meio de listagens a cada simulação geradas pelo algoritmo. Também foram utilizados gráficos para avaliar a convergência e o limite da evolução de cada simulação. Além disso, foi analisada a lista de recomendações de acasalamentos que o algoritmo gera como saída, em que o acasalamento otimizado deverá gerar melhor progênie se comparado com um acasalamento aleatório.

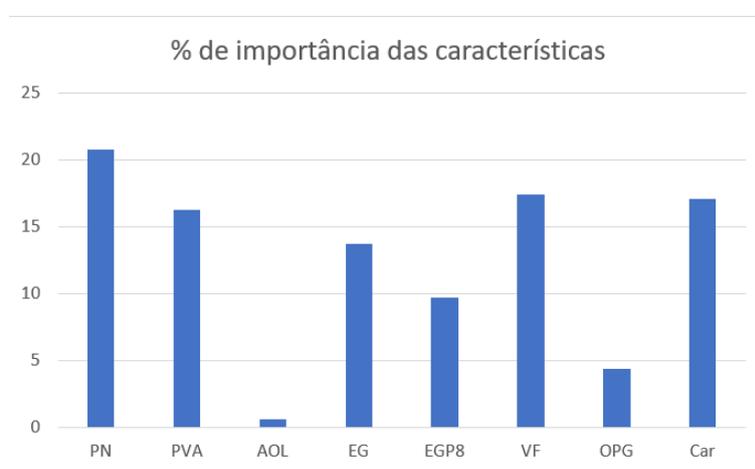
A implementação do algoritmo genético segue o modelo clássico sequencial e os experimentos da solução serão realizados em um *Notebook* com processador *Core i7*, com 8 GB de memória RAM, disco SSD de 240 GB, *Windows 10 64 bits*.

3.3.3 Base de dados

Considerando o objeto de pesquisa, para as fases de testes e validação da solução, este trabalho utiliza a fonte de dados que faz parte do programa de avaliação genética da raça Brangus da Embrapa e da Associação Brasileira de Brangus (ABB). Estes dados representam o rebanho da Embrapa e de mais 14 rebanhos de criadores Brangus associados à ABB, além de touros de 7 centrais de inseminação. Os dados utilizados nas simulações deste trabalho correspondem aos critérios de seleção de acordo com o trabalho de Simões et al. (2020): i) peso ao nascer (PN); ii) peso vaca adulta (PVA); iii) área do

olho do lombo (AOL); iv) espessura de gordura subcutânea mensurada por ultrassom entre a 12ª e 13ª costelas (EG); v) espessura de gordura subcutânea na garupa obtida por ultrassom (EGP8); vi) velocidade de fuga (VF); vii) número de ovos de nematóides por grama de fezes (OPG); e viii) contagem de carrapatos (Car). Os ponderadores aplicados para a caracterização do índice de seleção serão calculados com base nos valores econômicos de cada característica respectivamente: PN (6.0030468), PVA (-0.5495934), AOL (0.1866388), EG (131.3764082), EGP8 (65.8745087), VF (23.8195584), OPG (-9.1900268) e Car (116.0879975). Em porcentagem, a importância de cada característica pode ser observada na Figura 13:

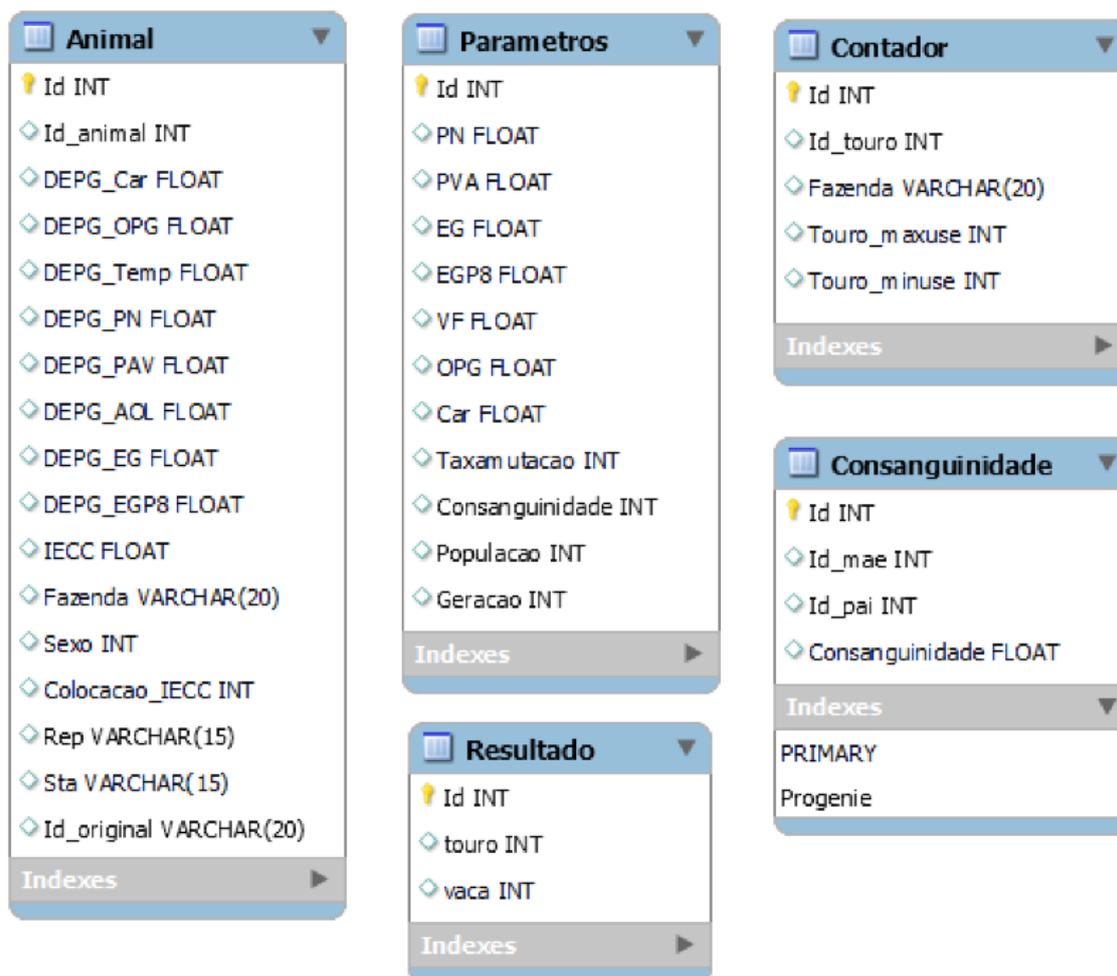
Figura 13 – Ponderadores das características de seleção



Fonte: Autor (2022).

A base de dados recebida do programa de melhoramento genético da Embrapa estava no formato (*CSV - Comma-separated values*). Um arquivo *.csv* é qualquer arquivo de texto em que os caracteres são separados por vírgulas, formando uma espécie de tabela em linhas e colunas. As colunas são definidas por cada ponto e vírgula (;), enquanto cada linha é definida por uma linha adicional no texto. Após o desenvolvimento do banco de dados foi realizada a importação dos dados do arquivo *.csv* para as tabelas do banco de dados (Figura 14) por meio da ferramenta *MySQL Workbench*. Esta ferramenta integra administração, modelagem, visualização, gerenciamento e manutenção para o sistema de banco de dados *MySQL*. Com a finalidade de implementar o modelo no Sistema Gerenciador de Banco de Dados (SGBD) *MySQL*, foi necessário preparar os dados para importar a base na ferramenta SGBD. Para isso, foi realizada a indexação do campo Id do animal para um tipo numérico inteiro sequencial, pois na base de dados original recebida pelo programa de melhoramento este Id do animal é do tipo alfanumérico.

Figura 14 – Modelo do Banco de Dados



Fonte: Autor (2022).

A Figura 14 apresenta as tabelas utilizadas na implementação deste sistema. A Tabela *Animal* contém principalmente o Id do animal, todas as DEPs utilizadas pelo programa, o Índice Econômico de Ciclo Completo (IECC), o nome da fazenda e sexo do animal. A Tabela *Contador* é manipulada por meio do usuário do sistema que irá selecionar os animais que deverão participar da simulação. Nesta tabela, os dados utilizados fazem referência ao acasalamento que o animal irá participar, além de armazenar o número máximo e mínimo de utilização de cada touro. Neste caso, se o valor utilizado no campo mínimo (*touro_minuse*) for ajustado para 0, significa que não é garantido a utilização do touro nas soluções validadas pelo algoritmo. A Tabela *Parametros* recebe os ponderadores econômicos de cada DEP referentes à formação do índice de seleção utilizados no programa de melhoramento, o percentual de consanguinidade, a taxa de mutação, assim como, os parâmetros do algoritmo que

definem o tamanho da população e o número de gerações. A Tabela *Consanguinidade* é formada pelo Id do pai, o Id da mãe e pelo percentual de consanguinidade de cada descendente utilizados na simulação. E por último, a Tabela *Resultado*, onde a inserção dos dados é feita por meio do algoritmo genético para armazenar os Ids dos touros e vacas recomendados para o acasalamento.

4 ABORDAGEM UTILIZADA

Neste capítulo são apresentadas as descrições do Algoritmo Genético, dos cromossomos, da construção da população inicial e da função de avaliação. Também são abordados o critério de parada, os processos de seleção, cruzamento, mutação, as restrições de acasalamentos assim como a penalização. A abordagem utilizada neste trabalho fez uma adaptação do modelo proposto por Fontoura (2019), para incorporação de dados bioeconômicos.

4.1 Algoritmo genético

Para o algoritmo genético empregado neste trabalho (Figura 15), foram utilizados dados dos touros e das vacas com suas respectivas DEPs, resultantes de consultas realizadas diretamente no banco de dados do programa de melhoramento genético da Embrapa-Associação Brasileira de Brangus. Adicionalmente, foram definidos os parâmetros de máximo (30) e mínimo (0) de utilização de cada touro, o valor máximo de consanguinidade dos acasalamentos (5%) e a taxa de mutação (10%) de acordo ao programa de melhoramento genético animal da Embrapa. A Figura 15 representa o pseudocódigo da meta-heurística utilizada neste trabalho, as etapas do processo são: inicialização da população, avaliação da aptidão de cada indivíduo, seleção dos animais, cruzamento, mutação e atualização da avaliação da população.

Figura 15 – Representação do Pseudocódigo do Algoritmo Genético

```

Algoritmo Genético
Início
  Inicia População ();
  Avalia População ();
Enquanto (condição de parada não atingido) faça
  Seleção ();
  Cruzamento ();
  Mutação ();
  Avalia População ();
Fim-enquanto
Fim

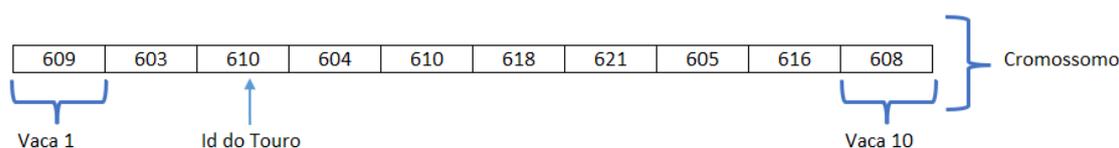
```

Fonte: Autor (2022).

4.2 Cromossomo

No algoritmo genético, cada cromossomo representa uma possível combinação de acasalamentos, cujo tamanho indica a quantidade de vacas escolhidas para simulação. Se o usuário selecionar 10 vacas, o cromossomo terá 10 genes, sendo modelado como um vetor de 10 posições, onde cada gene representa uma vaca. Em cada uma das posições do vetor, isto é, em cada gene, é atribuído um Id (identificador do banco de dados) de um touro. Assim, para cada cromossomo do algoritmo genético, tem-se um alelo (Id de touro) em cada gene (vaca). Para exemplificação, a Figura 16 mostra a relação de 10 genes, onde cada posição faz referência a uma vaca e cada valor armazenado dentro do gene representa um touro.

Figura 16 – Representação do Cromossomo no AG



Fonte: Autor (2022).

Considerando o exemplo (Figura 16), o touro de Id 610 está representado para acasalar com a vaca 3. Uma possível solução é gerada a cada novo cromossomo produzido pelo algoritmo genético. Neste contexto, os acasalamentos entre os animais candidatos a serem pais da próxima geração do rebanho expressa o valor de aptidão do cromossomo representado como uma solução candidata. Este processo busca encontrar por meio da validação das restrições, o cromossomo, ou combinação de acasalamentos, que resulta numa maior contribuição para o melhoramento bioeconômico da próxima geração.

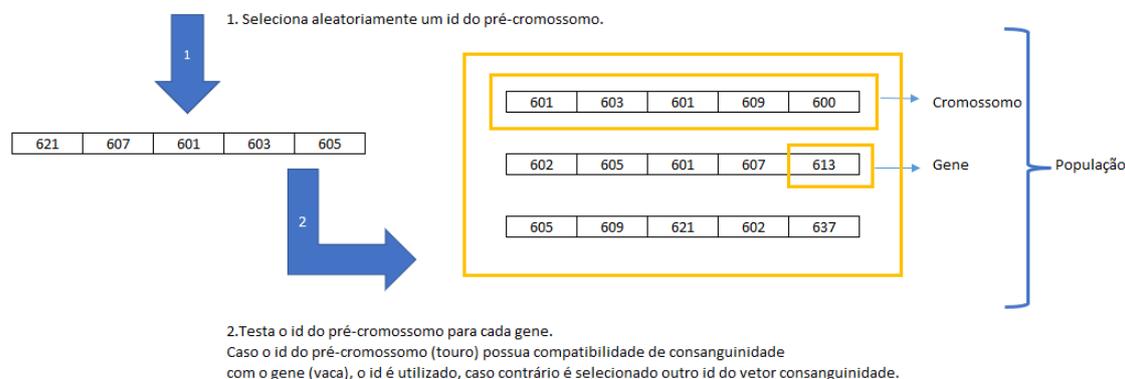
4.3 Construção da população inicial

A primeira tarefa do algoritmo genético é gerar a população inicial. Este processo define a quantidade de soluções que conformará a população para execução do AG. Neste trabalho, a definição da população inicial do algoritmo genético segue a proposta de outros trabalhos como Kinghorn (2011) e Fontoura (2019), onde a quantidade de cromossomos é igual ao dobro da quantidade de vacas escolhida para simulação. Por exemplo, caso o rebanho seja composto por 10 vacas, a população inicial terá 20 cromossomos, cada um

deles com 10 genes. Para gerar a população inicial deste algoritmo genético, foi utilizada uma função de alocação que cria um vetor denominado pré-cromossomo. Desta forma, o vetor pré-cromossomo foi utilizado para armazenar os Ids de touros em suas quantidades mínimas e máximas de utilização. Sendo assim, para a geração de um gene da população inicial foi escolhido de forma aleatória um Id do vetor pré-cromossomo. Além disso, foi utilizado um vetor com Ids válidos de consanguinidade para cada vaca. Então, ao escolher aleatoriamente um Id de touro 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, seleciona-se aleatoriamente outro Id até que se encontre um touro válido, ou seja, que atenda a restrição de consanguinidade.

A Figura 17 mostra o pré-cromossomo, o cromossomo, o gene e a população. Desta forma, o processo utilizado para gerar a população inicial de cada cromossomo, permite escolher aleatoriamente outros Ids (touros) do vetor pré-cromossomo garantindo diversidade nas soluções candidatas.

Figura 17 – População Inicial



Fonte: Autor (2022).

4.4 Definição da função de avaliação

A função de avaliação, ou função de *fitness*, visa avaliar a qualidade de um cromossomo, ou seja, é uma avaliação objetiva da qualidade dos bezerros gerados pelos acasalamentos representados por este cromossomo. A função é calculada pelo somatório das aptidões de cada gene, ou acasalamento. Para cada gene, a aptidão é calculada como a média entre cada uma das características do touro e da vaca multiplicado pelo fator

de ponderação definido pelo programa de melhoramento. Este cálculo é equivalente ao índice de seleção utilizado no programa de melhoramento genético (SIMÕES et al., 2020), com os respectivos pesos para cada característica. A Fórmula 7 representa a função de aptidão utilizada neste trabalho.

$$\begin{aligned}
 Aptidao_{cr} = & ((vaca_{xcr}PNDEP + touro_{xcr}PNDEP)/2 * PNDEP_{param} \\
 & + vaca_{xcr}PAVDEP + touro_{xcr}PAVDEP)/2 * PAVDEP_{param} \\
 & + vaca_{xcr}AOLDEP + touro_{xcr}AOLDEP)/2 * AOLDEP_{param} \\
 & + vaca_{xcr}EGDEP + touro_{xcr}EGDEP)/2 * EGDEP_{param} \\
 & + vaca_{xcr}EGP8DEP + touro_{xcr}EGP8DEP)/2 * EGP8DEP_{param} \\
 & + vaca_{xcr}TempDEP + touro_{xcr}TempDEP)/2 * TempDEP_{param} \\
 & + vaca_{xcr}OPGDEP + touro_{xcr}OPGDEP)/2 * OPGDEP_{param} \\
 & + vaca_{xcr}CarDEP + touro_{xcr}CarDEP)/2 * CarDEP_{param})) \quad (7)
 \end{aligned}$$

Onde:

- $Aptidao_{cr}$ é o resultado da aptidão do cromossomo cr ;
- $vaca_{xcr}DEP$ representa cada uma das DEPs (explícitas na função) da vaca x (posição) do cromossomo cr ;
- $touro_{xcr}DEP$ representa cada uma das DEPs (explícitas na função) do touro x (posição) do cromossomo cr ;
- DEP_{param} é o valor da ponderação de cada uma das DEPs (explícitas na função), calculado conforme objetivo do programa.

4.5 Critério de parada

Foram realizados diversos testes no algoritmo genético aplicando critério de parada entre 300 e 1000 gerações. Considerando que os testes iniciais mostravam convergência antes de 500 gerações, foi necessário aumentar o número de gerações para que o algoritmo não fosse interrompido antes de convergir. Assim como em Fontoura (2019), o critério de parada para a validação do algoritmo foi de 1000 gerações, uma vez que a partir desta geração a população não apresentou melhora significativa.

4.6 Seleção

Neste processo, são selecionados os cromossomos mais aptos para gerar descendentes, onde serão aplicados os operadores genéticos. Dependendo do valor de aptidão do cromossomo, ou seja, quando mais alta sua avaliação, maior a probabilidade de participar em uma ou mais gerações. Este processo está inspirado na teoria da seleção natural de Darwin. Neste caso, o primeiro procedimento utilizado de seleção foi a roleta viciada. Como já foi mencionado na Seção 2.7.5, a implementação da roleta viciada, aumenta as chances dos cromossomos mais aptos serem selecionados em relação aos que apresentarem menor aptidão.

Na sequência deste processo, utilizou-se o torneio para seleção de cromossomos válidos para reprodução. Conforme a definição apresentada na Seção 2.7.5, esta técnica garante a obtenção de múltiplas reproduções do melhor cromossomo entre os progenitores da geração seguinte. Deste modo, o algoritmo seleciona dois cromossomos através da roleta viciada e, após, realiza um torneio entre os selecionados, permanecendo com o de maior valor de aptidão de cada cromossomo.

4.7 Cruzamento e mutação

De acordo com o mencionado na Seção 2.7.7, o cruzamento, ou *crossover*, é o principal operador dos algoritmos genéticos para buscar uma solução ótima. Neste contexto, após a seleção dos pais, é realizada uma combinação entre os cromossomos pais para produzir novos cromossomos. Já o mecanismo de mutação permite a troca de alelos entre genes de um cromossomo, com uma probabilidade determinada pela taxa de mutação, que pode variar entre 0% e 100%. Quando um gene é selecionado pelo operador de mutação, o touro que iria acasalar com a vaca é substituído por outro touro válido. Seguindo a proposta de Fontoura (2019), foi utilizada a mesma taxa de 10% de mutação para os cromossomos filhos, os quais resultaram do processo de cruzamento.

4.8 Restrições dos acasalamentos

Para a solução do problema proposto, foram definidas algumas restrições na execução do algoritmo genético, penalizando, na função de *fitness*, os cromossomos que

não fossem válidos. Tais restrições são:

- a) Número de utilização mínima dos touros: que define o mínimo de acasalamentos em que um touro deve ser usado. Por exemplo, caso o mínimo seja definido como dois, significa que o touro deverá ser usado em ao menos dois acasalamentos. Tipicamente, esta restrição é pouco utilizada, a menos que o produtor tenha adquirido um conjunto de doses de sêmen, que obrigatoriamente devem ser utilizados.
- b) Número de utilização máxima dos touros: que define o máximo de acasalamentos em que um touro deve ser usado. Por exemplo, caso o máximo seja definido como 30, significa o touro deverá ser usado no máximo em trinta acasalamentos. 30 é o número tipicamente recomendado por especialistas para o processo de monta natural.
- c) consanguinidade máxima: que define o maior valor aceitável de consanguinidade para qualquer acasalamento. Caso seja escolhido 5%, no cromossomo definido como resposta pelo algoritmo, não deverá existir um acasalamento entre um touro e uma vaca que gere um bezerro com consanguinidade maior que 5%.

4.9 Penalização

Os cromossomos, após a aplicação da função de avaliação, são penalizados considerando a validade das restrições do programa de melhoramento genético. Assim como em Fontoura (2019), todos os cromossomos que não obedeceram a totalidade das validações destas regras são penalizados em 50% de seu valor de aptidão. Esta funcionalidade do algoritmo proposto contribui na escolha dos cromossomos válidos para o acasalamento, excluindo os demais. Com estas penalizações, o algoritmo progressivamente substitui os cromossomos de menor aptidão do processo da seleção natural.

5 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Este capítulo apresenta os resultados dos experimentos, as simulações do algoritmo genético desenvolvido assim como as discussões sobre os resultados e validação da hipótese definida no trabalho. Em todas as simulações realizadas, foram aplicados a função objetivo, o percentual de consanguinidade e os valores de máximo e mínimo para a utilização dos touros. Neste contexto, como resultado das simulações realizadas, foi possível observar as recomendações de acasalamentos indicadas pelo algoritmo como uma solução ótima para o problema. O produto destes acasalamentos foi avaliado com a função objetivo do algoritmo, que aplica o índice de seleção econômico de ciclo completo (IECC) utilizado no programa de melhoramento genético da Embrapa-ABB.

5.1 Simulações

Para testar o algoritmo desenvolvido, foram criados nove cenários que podem ser observados nesta seção. Para estes testes, foram utilizados rebanhos ativos (touro e vaca) de duas fazendas incorporadas ao programa de melhoramento genético da Embrapa-ABB: Fazenda Embrapa e Ana. Os parâmetros do algoritmo genético, definidos no Capítulo 4 e utilizados em cada simulação deste trabalho, foram: percentuais de consanguinidade e mutação, limite da geração de parada e função de aptidão utilizada com base no IECC do programa de melhoramento.

As seis primeiras simulações são referentes à Fazenda Embrapa e as demais (7,8 e 9) são relacionadas ao rebanho da Fazenda Ana. Para os cinco primeiros cenários, foram geradas simulações sem parametrização de restrições, apenas alteração do tamanho da população e número de gerações. Nestas mesmas condições, foram realizadas as simulações 7 e 8 da Fazenda Ana. O objetivo destas simulações, foi verificar se o algoritmo encontraria uma ótima solução quando alterados o critério de parada e o tamanho da população.

A simulação 6 foi gerada com o objetivo de testar se o algoritmo genético respeita a regra da consanguinidade. Neste sentido, o percentual de consanguinidade dos acasalamentos com o touro de maior IECC foi modificado para 6% e, conseqüentemente, o algoritmo genético não deveria recomendar acasalamentos com este touro. Além do mais, foram testadas as regras da máxima e mínima utilização de touros. Neste teste, os parâmetros de mínima utilização de dois touros foram alterados.

A simulação 9 foi gerada com o objetivo de testar a regra da mínima utilização de touros. Neste teste, os parâmetros de mínima utilização de quatro touros foram alterados, isto é, foi ajustado em um valor maior que zero e além disto, foi replicada a regra da consanguinidade utilizada na simulação 8.

5.1.1 Simulação 1

A Tabela 2 apresenta o resumo dos dados da simulação 1. Foram implementados neste teste os parâmetros de percentual de consanguinidade, taxa de mutação e o IECC, todos definidos pelo programa de melhoramento genético, limitando apenas em uma geração de parada do algoritmo com uma população de tamanho 638. A restrição de utilização de todos os touros é definida com máximo de 30 acasalamentos e sem mínimo definido. A restrição de consanguinidade não foi parametrizada, mantendo-se o percentual de 5% como limite da consanguinidade.

Tabela 2 – Resumo da Simulação 1

Dados de Entrada	Fazenda	Embrapa
	Número de Touros	38
	Número de Vacas	319
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População	638
	%Consanguinidade	5%
	%Mutaç�o	10%
	Geraç�o de Parada	1
	Funç�o de Aptid�o	IECC
Resultado	Aptid�o do melhor cromossomo	342
	Tempo de execuç�o	1,644875 min

Obs: Todos os touros podem acasalar com todas as vacas at o o limite m ximo de cada touro, sem m nimo definido.

Fonte: Autor (2022).

A quantidade de acasalamentos dos touros na simulaç o 1 pode ser observada na Figura 24 no Ap ndice A. Neste relat rio, s o apresentados os m ximos e m nimos de utilizaç o definidos para cada touro, assim como a quantidade de acasalamentos em que eles participam na soluç o encontrada. Al m disto, a lista exibe o IECC de cada touro para referenciar sua aptid o.

Na geraç o da populaç o inicial do algoritmo gen tico foram utilizados todos os touros, independentemente de sua aptid o. Por exemplo, o touro de Id: 600 que possui melhor aptid o (IECC 33.45) foi utilizado dez vezes e o touro de Id: 631, com

aptidão inferior (IECC -30.07) foi utilizado onze vezes. Isto ocorre porque a escolha do touro para acasalar com cada vaca é aleatória. Assim, é possível notar que, para a geração da população inicial, foram utilizados todos os touros respeitando as regras de consanguinidade, máximo e mínimo de utilização de touros. Pode ser verificado que nenhum touro foi utilizado mais vezes do que o definido no parâmetro *Maximouso*, assim como nenhum foi descartado da recomendação de acasalamentos. Ainda é possível observar que com a interrupção na primeira geração, a aptidão do melhor cromossomo gerado pelo algoritmo genético foi de 342 em pouco mais de 1 minuto de processamento.

5.1.2 Simulação 2

A Tabela 3 apresenta o resumo dos dados da simulação 2. Os parâmetros são os mesmos utilizados na simulação 1, com exceção do número de gerações. Neste experimento, a geração de parada foi delimitada, de acordo a Seção 4.5, em 1000 gerações e o tamanho da população estabelecido em 319, que é igual ao total de vacas no rebanho selecionado.

Tabela 3 – Resumo da Simulação 2

Dados de Entrada	Fazenda	Embrapa
	Número de Touros	38
	Número de Vacas	319
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População	319
	%Consanguinidade	5%
	%Mutação	10%
	Geração de Parada	1000
	Função de Aptidão	IECC
Resultado	Aptidão do melhor cromossomo	3748
	Tempo de execução	13,4587 min

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

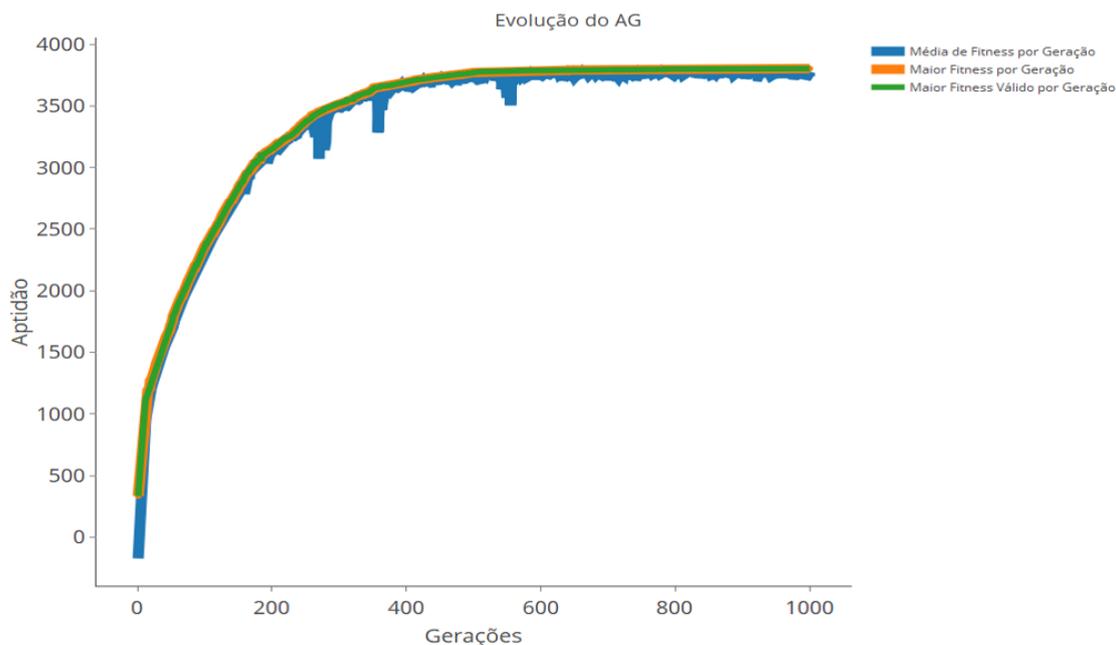
Fonte: Autor (2022).

A Figura 18 ilustra o gráfico da evolução das soluções geradas pelo algoritmo genético na simulação 2. 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 melhor cromossomo que representa uma combinação de acasalamentos que não quebra as regras de máximo e mínimo de utilização de touros e o percentual de consanguinidade definidos pelo programa. Também é possível visualizar

que as linhas verde e laranja têm grande sobreposição, indicando que as maiores aptidões válidas estão muito próximas às maiores aptidões do algoritmo genético. Estas linhas possuem cores distintas, pois o algoritmo genético pode encontrar soluções que não sejam válidas durante as simulações.

Ainda na Figura 18, é possível notar que a maior aptidão válida na primeira geração está em torno do valor 500, por ser basicamente uma combinação quase aleatória de acasalamentos entre os 38 touros e as 319 vacas. Ao final da execução, a melhor aptidão gerada pelo algoritmo genético foi 3748, atingida na geração número 917. O tempo de processamento que o algoritmo utilizou para encontrar a solução foi 13,4587 minutos.

Figura 18 – Gráfico simulação 2



Fonte: Autor (2022).

A quantidade de acasalamentos de cada touro recomendada na simulação 2 pode ser observada na Figura 25 no Apêndice A. Nesta lista, é possível notar que a geração da população respeita as regras de máximo e mínimo de utilização de touros. Neste cenário, com 1000 gerações, foram utilizados 14 touros, sendo que, dez touros tiveram sua máxima utilização e outros quatro touros foram utilizados em 9,4,2 e 1 acasalamentos, respectivamente. Também, é possível verificar que o touro de Id: 600 apresenta o maior IECC (33.45) e teve sua máxima utilização e o touro de Id: 637 que apresenta o menor IECC (-66.55) não foi utilizado, assim como os demais touros com menor IECC.

5.1.3 Simulação 3

A Tabela 4 apresenta o resumo da simulação 3. Nesta simulação, o tamanho da população foi definido como o dobro do número de vacas. Os demais parâmetros são mantidos iguais aos da simulação 2, mantendo a permissão de acasalar os touros com todas as vacas até o limite máximo de cada touro, sem mínimo definido. Nesta simulação, a melhor aptidão gerada pelo algoritmo genético foi 3753, atingida na geração número 962. O tempo de processamento que o algoritmo utilizou para encontrar a solução foi 18,4517 minutos.

Tabela 4 – Resumo da Simulação 3

Dados de Entrada	Fazenda Número de Touros Número de Vacas	Embrapa 38 319
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População %Consanguinidade %Mutação Geração de Parada Função de Aptidão	638 5% 10% 1000 IECC
Resultado	Aptidão do melhor cromossomo Tempo de execução	3753 18,4517 min

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

Fonte: Autor (2022).

No relatório com a quantidade de acasalamentos dos touros apresentado na Figura 26 no Apêndice A, é possível evidenciar na simulação 3 que dobrando a população, o algoritmo reduziu o número de touros utilizados para doze touros. Na simulação anterior, com a metade da população, o algoritmo utilizou quatorze touros. Neste contexto, é possível observar que quando o tamanho da população aumenta, são encontradas melhores soluções, ou seja, selecionados os touros com melhor IECC. Também é possível visualizar que o algoritmo respeita os valores máximo e mínimo de utilização de cada touro, inclinando sua preferência pelos touros que apresentam maior aptidão.

5.1.4 Simulação 4

A Tabela 5 apresenta o resumo da simulação 4. Neste caso, o único parâmetro modificado em relação à simulação 3 foi o tamanho da população, o qual foi aumentado dez vezes em relação ao número de vacas.

Tabela 5 – Resumo da Simulação 3

Dados de Entrada	Fazenda Número de Touros Número de Vacas	Embrapa 38 319
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População	3190
	%Consanguinidade	5%
	%Mutação	10%
	Geração de Parada Função de Aptidão	1000 IECC
Resultado	Aptidão do melhor cromossomo	3761
	Tempo de execução	1,3058 h

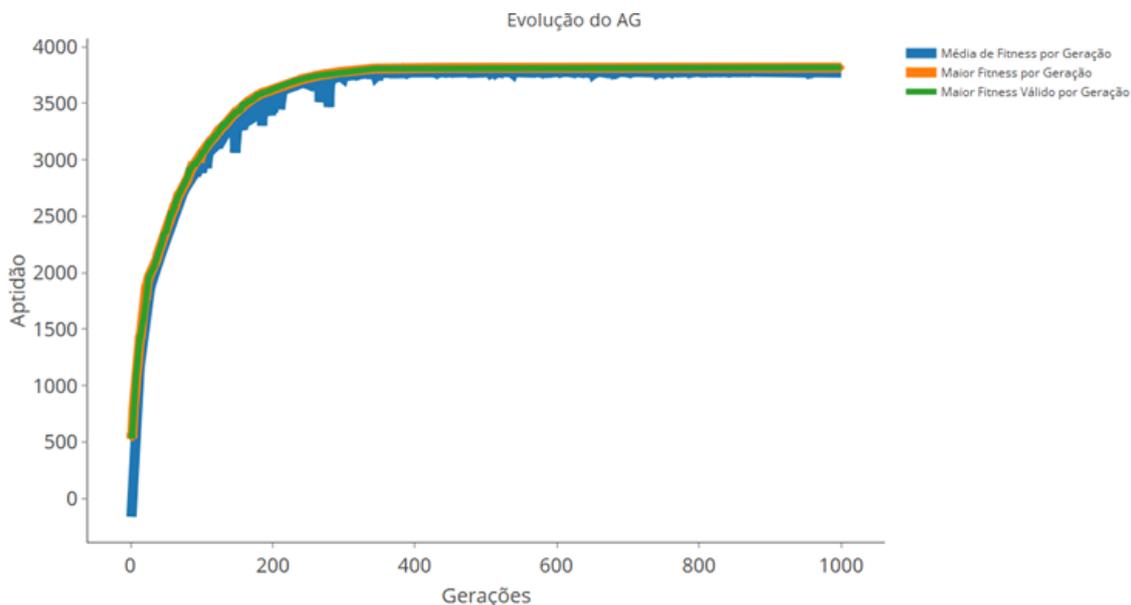
Obs: Todos os touros podem acasalar com todas as vacas até o limite máximo de cada touro, sem mínimo definido.

Fonte: Autor (2022).

A Figura 19 apresenta o gráfico da simulação 4. Neste gráfico, é possível visualizar a similaridade da evolução do algoritmo genético com os gráficos das simulações 2 e 3. Ainda é possível identificar a melhor aptidão 3761 gerada pelo algoritmo genético, foi atingida na geração número 555. O tempo de processamento que o algoritmo utilizou para encontrar a solução foi 1,3058 hora.

No relatório com a quantidade de acasalamentos dos touros na simulação 4 apresentado na Figura 27 no Apêndice A, é possível notar que aumentando a população inicial em dez vezes, o algoritmo continua respeitando os máximo e mínimos valores de utilização de cada touro, inclinando sua preferência pelos touros que apresentam maior aptidão. Também é possível observar que a quantidade de touros utilizados nas combinações de acasalamentos é igual à simulação anterior. Sendo assim, a simulação 4 com uma população de tamanho 3190, ou seja, cinco vezes maior que a população da simulação 3, utilizou a mesma quantidade de touros (12) para a recomendação de acasalamentos.

Figura 19 – Gráfico simulação 4



Fonte: Autor (2022).

5.1.5 Simulação 5

A Tabela 6 apresenta o resumo da simulação 5. Nesta simulação, o tamanho da população é 3190, o mesmo tamanho utilizado na população da simulação 4. Os demais parâmetros são mantidos iguais, inclusive a permissão de acasalamento de todos os touros com todas as vacas até o limite máximo de cada touro, sem mínimo definido. No entanto, nesta simulação, o valor de geração de parada é modificado por 1500, representando 50% de aumento em relação à simulação anterior.

A Figura 28 no Apêndice A apresenta o relatório com a quantidade de acasalamentos dos touros na simulação 5. É possível notar que mesmo aumentando dez vezes a população inicial e aumentando o número de gerações para 1500, a quantidade de touros utilizados foi similar em relação às simulações 3 e 4. Nas simulações 3 e 4 foram utilizados doze touros para acasalar com 319 vacas, enquanto nesta simulação foram utilizados onze touros, sendo que o touro de Id: 611 não foi utilizado. Também é possível visualizar que o algoritmo respeita os valores máximo e mínimo de utilização de cada touro, inclinando sua preferência pelos touros que apresentam maior aptidão.

A Figura 20 apresenta o gráfico da simulação 5. Neste gráfico é possível visualizar a similaridade da evolução do algoritmo genético com o gráfico das simulações 3 e 4.

Tabela 6 – Resumo da Simulação 5

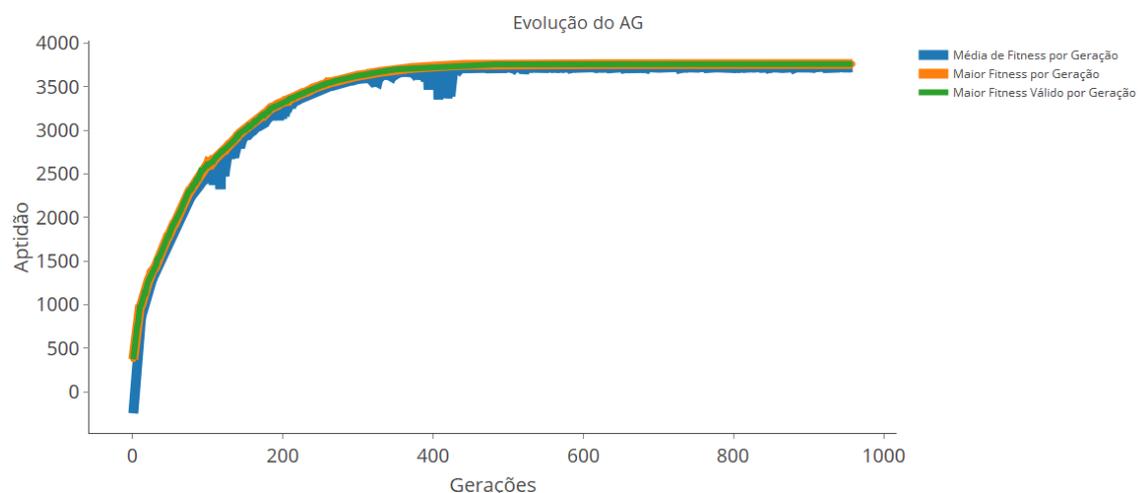
Dados de Entrada	Fazenda Número de Touros Número de Vacas	Embrapa 38 319
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População %Consanguinidade %Mutação Geração de Parada Função de Aptidão	3190 5% 10% 1500 IECC
Resultado	Aptidão do melhor cromossomo Tempo de execução	3735 3,6676 h

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

Fonte: Autor (2022).

É possível notar que o aumento do tamanho da população e o aumento do número de gerações não impactou na convergência do algoritmo. Neste cenário a maior aptidão válida na primeira geração está em torno do valor 380 e a melhor aptidão gerada pelo algoritmo genético foi atingida na geração número 1080 com aptidão 3735. Isto representa uma melhora de mais de 100% em relação à melhor combinação inicial. O tempo de processamento que o algoritmo utilizou para encontrar a solução foi 3,6676 horas.

Figura 20 – Gráfico simulação 5



Fonte: Autor (2022).

5.1.6 Simulação 6

A Tabela 7 apresenta o resumo da simulação 6. Nesta simulação, o tamanho da população é 638, a geração de parada limitada em 1000 gerações, a consanguinidade limitada em 5% e a taxa de mutação em 10%. Além de considerar a consanguinidade inválida para os acasalamentos do touro de Id: 600 nos parâmetros desta simulação, foram alterados também o valor de máxima e mínima utilização do touro de Id: 601 (IECC 29.68), para 40 e 10 respectivamente, e do touro de Id: 637 (IECC -66.55) também para 40 e 10.

Tabela 7 – Resumo da Simulação 6

Dados de Entrada	Fazenda	Embrapa
	Número de Touros	38
	Número de Vacas	319
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População	638
	%Consanguinidade	5%
	%Mutaç�o	10%
	Geraç�o de Parada	1000
	Funç�o de Aptid�o	IECC
Resultado	Aptid�o do melhor cromossomo	3199
	Tempo de execuç�o	18,3629 min

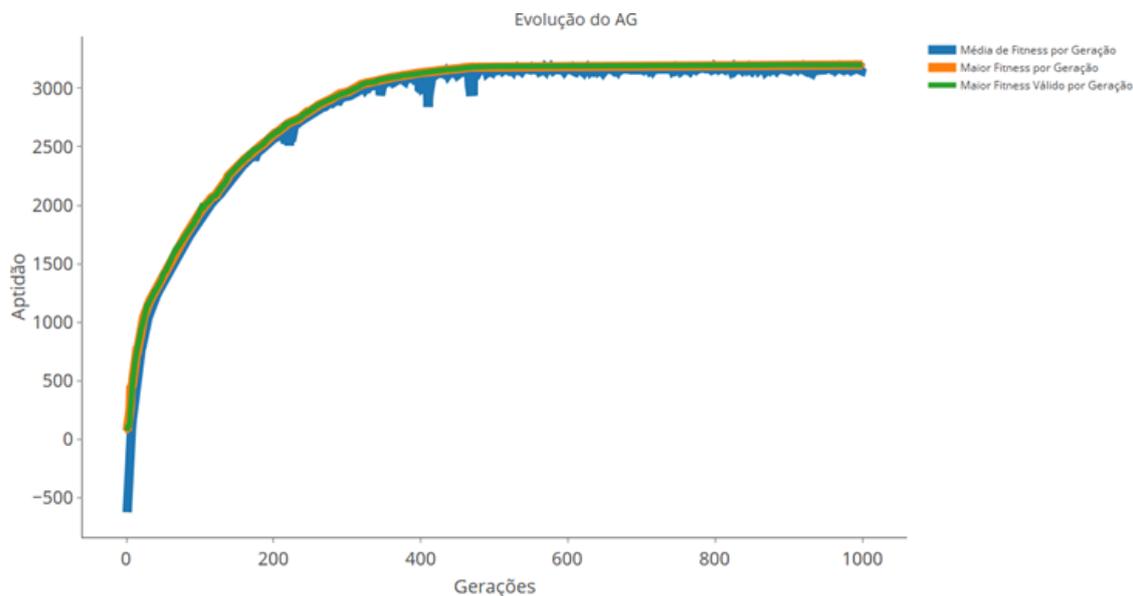
Obs: Alterada a consanguinidade do touro id 600, com melhor IECC. Alterados os m ximo e m nimo dos touros id 601 e 637.

Fonte: Autor (2022).

O gr fico da Figura 21 ilustra a evoluç o das soluç es encontradas pelo algoritmo gen tico. No gr fico   poss vel identificar a evoluç o m dia dos cromossomos de cada geraç o, bem como a evoluç o da melhor combinaç o encontrada em cada geraç o. A maior aptid o v lida varia de aproximadamente 20 na primeira geraç o at  3200 na  ltima geraç o. O gr fico permite visualizar uma diminuiç o do valor de aptid o gerado pelo algoritmo. Neste caso,   poss vel constatar que as alteraç es realizadas nesta simulaç o produziram perda de aptid o nos acasalamentos sugeridos pelo algoritmo gen tico em comparaç o   simulaç o anterior que teve a participaç o de todos os touros. Neste contexto, a maior aptid o gerada pelo algoritmo gen tico foi 3199, atingida na geraç o n mero 984. O tempo de processamento que o algoritmo utilizou para encontrar a soluç o foi 18,3629 minutos.

O relat rio com a quantidade de acasalamentos dos touros na simulaç o 6 pode ser observado na Figura 29 no Ap ndice A.   poss vel observar que o touro Id: 600 n o foi

Figura 21 – Gráfico simulação 6



Fonte: Autor (2022).

utilizado nas soluções do algoritmo genético, assim como é possível notar que os touros de Id: 601 e Id: 611 tiveram seus mínimos alterados em 10 utilizações. Ainda é possível observar que o touro de Id: 601 (IECC = 29.68) teve seu máximo alterado para 40 vezes e o mínimo delimitado em 10 acasalamentos. Como resultado, o touro de Id: 601 atingiu a sua máxima utilização, 40 vezes, enquanto o touro de Id: 637 (IECC = 9.65), que também teve seu máximo modificado para 40 e seu mínimo ajustado em 10 acasalamentos, foi utilizado o mínimo de 10 vezes. Neste cenário, a validação da aptidão de cada touro, continua favorecendo a maior utilização de animais superiores, com maior IECC, nos acasalamentos propostos pelo algoritmo genético.

5.1.7 Simulação 7

A Tabela 8 apresenta o resumo da simulação 7. Esta simulação tem os mesmos parâmetros da simulação 1, porém aplicada a outro rebanho. O rebanho pertence à Fazenda Ana e possui 454 vacas. Nesta simulação, é utilizada 1 geração como critério de parada. A restrição de utilização de todos os touros é definida com máximo de 30 acasalamentos e sem mínimo definido. A restrição de consanguinidade não foi parametrizada, ou seja, todos os touros participam das combinações de acasalamentos. O objetivo desta simulação é verificar o comportamento do algoritmo genético na primeira

geração e observar se todos os touros são utilizados nos acasalamentos de forma aleatória em outro rebanho. Ainda é possível observar, em sua única geração, a melhor aptidão gerada pelo algoritmo genético foi atingida no valor de 79 em 1,7056 minutos de processamento.

Tabela 8 – Resumo da Simulação 7

Dados de Entrada	Fazenda	Ana
	Número de Touros	38
	Número de Vacas	454
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População	908
	%Consanguinidade	5%
	%Mutação	10%
	Geração de Parada	1
Resultado	Função de Aptidão	IECC
	Aptidão do melhor cromossomo	79
	Tempo de execução	1,7056 min

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

Fonte: Autor (2022).

O relatório com a quantidade de acasalamentos dos touros na simulação 7 pode ser observado na Figura 30 no Apêndice A. É possível observar que todos os touros foram utilizados de forma aleatória, porém sempre respeitado os máximos e mínimos usos de cada touro nas combinações geradas pelo algoritmo genético.

5.1.8 Simulação 8

A Tabela 9 mostra o resumo da simulação 8. Nesta simulação, o parâmetro modificado em relação à simulação 7 foi o número de gerações. Neste cenário, foram utilizadas 1000 gerações. O tamanho da população continua definido em 908 cromossomos (dobro do número de vacas) e a consanguinidade limitada em 5% e taxa de mutação em 10%. Também não foi limitado o mínimo de utilização de cada touro, permitindo o acasalamento de todos os touros com todas as vacas. O objetivo desta simulação é similar ao utilizado na simulação 3, porém em outro rebanho.

A Figura 22 apresenta o gráfico da evolução das soluções de recomendação de acasalamentos pelo algoritmo genético para a simulação 8. No gráfico, 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 variou de

Tabela 9 – Resumo da Simulação 8

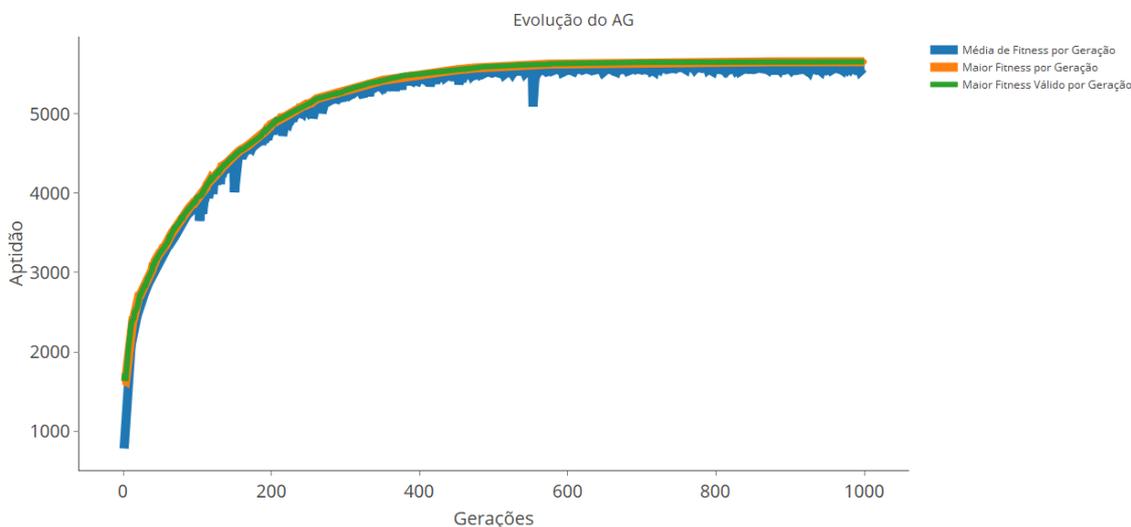
Dados de Entrada	Fazenda Número de Touros Número de Vacas	Ana 38 454
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População %Consanguinidade %Mutação Geração de Parada Função de Aptidão	908 5% 10% 1000 IECC
Resultado	Aptidão do melhor cromossomo Tempo de execução	5631 18,6658 min

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

Fonte: Autor (2022).

aproximadamente 1541 na primeira geração até 5631 encontrada na geração 926, gerando um aumento acima de 250% na aptidão do rebanho. O tempo de processamento que o algoritmo utilizou para encontrar a solução foi 18,6658 minutos.

Figura 22 – Gráfico simulação 8



Fonte: Autor (2022).

A Figura 31 no Apêndice A apresenta o relatório com a quantidade de acasalamentos de cada touro na simulação 8. Nesta lista é possível identificar a utilização de 14 touros, que são os de maior IECC. Também é possível notar que o algoritmo genético respeita as restrições de máximo e mínimo uso nas combinações para acasalamentos.

5.1.9 Simulação 9

A Tabela 10 apresenta os parâmetros da simulação 9. Nesta simulação, os experimentos seguem os parâmetros da simulação 8, porém foi modificado o coeficiente de consanguinidade dos acasalamentos com os 4 melhores touros do rebanho: Id: 600 (IECC 33.45), Id: 601 (IECC 29.68), Id: 602 (IECC 28.81) e Id:603 (IECC 28.52) para 6%. Também foi alterado para 10 o mínimo de utilização dos touros: Id: 604 (IECC 28.11) e Id: 631 (IECC -30.07). Esta simulação é similar à simulação 7, porém aplicada a outro rebanho com maior população.

Tabela 10 – Resumo da Simulação 9

Dados de Entrada	Fazenda	Ana
	Número de Touros	38
	Número de Vacas	454
Parâmetros da Simulação	Tamanho da População	908
	%Consanguinidade	5%
	%Mutaç�o	10%
	Geraç�o de Parada	1000
Resultado	Funç�o de Aptid�o	IECC
	Aptid�o do melhor cromossomo	3292
	Tempo de execuç�o	18,8577 min

Obs: Alterada a consanguinidade dos touros id 600, 601, 602 e 603 para 6%. Alterados os m ximo e m nimo dos touros id 604 e 631.

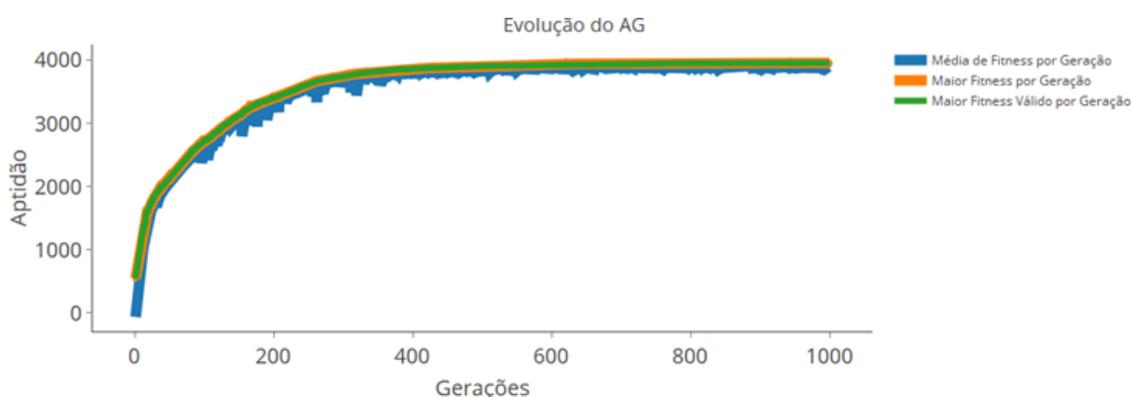
Fonte: Autor (2022).

A Figura 32 no Ap ndice A apresenta o relat rio com a quantidade de acasalamentos dos touros na simulaç o 9. Neste relat rio,   poss vel observar os m ximos e m nimos ajustados para cada touro, assim como o n mero de acasalamentos recomendados pelo algoritmo. Neste cen rio, os quatro melhores touros, com Ids 600, 601, 602 e 603, com coeficiente de consanguinidade superior ao limite definido pelo programa de melhoramento, n o foram utilizados nos acasalamentos por n o atenderem a restriç o de consanguinidade. Tamb m foi poss vel notar que o touro de Id: 604 teve seu m nimo ajustado para 10 acasalamentos e seu m ximo foi mantido em 30. J  o touro de Id: 631 teve seu m nimo ajustado para dez e foi utilizado dez vezes, por ser um touro de menor IECC e, neste caso, o algoritmo forçou a utilizaç o para obedecer o m nimo indicado.

A Figura 23 apresenta o gr fico da simulaç o 9. No gr fico   poss vel

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 534 na primeira geração até 3292 encontrada na melhor geração (960). É possível visualizar também uma pequena diminuição na aptidão desta simulação em comparação com a simulação 8. Este comportamento é consequência das restrições aplicadas nesta simulação referentes a não utilização dos melhores touros (Id: 600, Id: 601, Id: 602 e Id: 603) nos acasalamentos e a alteração nos valores de mínima utilização de dois touros (Id: 604 e Id: 631). O tempo de processamento que o algoritmo utilizou para encontrar a solução foi 18,8577 minutos.

Figura 23 – Gráfico simulação 9



Fonte: Autor (2022).

5.2 Discussões

As simulações apresentadas nesta sessão são resultados de diversos testes e alterações de parâmetros no algoritmo genético proposto. Foi possível observar que, após a geração da população inicial, criada aleatoriamente e direcionada para a solução do problema, o algoritmo converge para a solução a partir da geração 500. Assim como em Fontoura (2019), além das restrições de consanguinidade e de máxima e mínima utilização de touros, foram incluídas regras de penalização aos cromossomos candidatos às novas gerações e, desta forma, é possível que os cromossomos válidos gerem descendentes com maior frequência que os cromossomos não válidos. Para seleção dos cromossomos foi implementada a roleta viciada. Neste tipo de seleção cada cromossomo possui uma fatia da roleta diretamente proporcional à sua aptidão. A cada giro da roleta, um cromossomo é selecionado e, conseqüentemente, aqueles que possuem

maiores fatias terão maior probabilidade de serem selecionados (GOLDBERG, 1989).

Conforme é possível observar na Figura 32, o algoritmo genético utilizado apresenta um relatório contendo os identificadores dos touros e a quantidade de acasalamentos em que eles foram recomendados na solução ótima. Também gera uma lista contendo uma combinação ótima de acasalamentos entre touros e vacas, apresentando seus identificadores e respectivos IECC (Apêndice B Figura 33).

Nas simulações 1 e 7, apesar dos experimentos serem realizados com rebanhos diferentes, é possível notar que o algoritmo genético utiliza aleatoriamente todos os touros na população inicial. Sendo assim, o algoritmo genético na sua primeira e única geração executa todas suas etapas de avaliação, penalização, cruzamento e mutação otimizadas em decorrência da função objetivo. Nestas simulações, não foram aplicadas restrições de consanguinidade e de máximo e mínimo de utilização de touros na geração da nova população, permitindo acasalamento entre todos os touros e todas as vacas.

Na simulação 2, foi utilizado o tamanho da população inicial igual à quantidade de vacas e foi definido 1000 gerações como critério de parada. Nos resultados desta simulação, é possível destacar que os acasalamentos recomendados pelo algoritmo priorizam a utilização dos touros com melhor IECC.

Na simulação 3, o experimento procurou comprovar se o tamanho da população inicial representada pelo dobro do número de vacas forneceria melhor solução ao problema. Nesta simulação, é possível observar a seleção dos touros com melhor IECC para participarem das recomendações de acasalamentos. A diferença em relação à simulação 2 está no tamanho da população e o tempo de processamento, ou seja, quanto maior o tamanho da população, as soluções encontradas serão melhores, porém o tempo de execução do algoritmo também será maior.

Na simulação 4, assim como na simulação anterior, procurou comprovar se utilizando o tamanho da população inicial dez vezes maior que a quantidade de vacas, o algoritmo conseguiria acessar as regiões globais na busca de uma boa solução. Nesta simulação, foram mantidos os parâmetros da simulação 3, inclusive o número de gerações. Foi possível observar a participação dos mesmos doze touros para acasalar com 319 vacas utilizados na simulação 3. A principal diferença entre as simulações 2 e 3 está no tempo de processamento do algoritmo. Enquanto nas simulações anteriores foram necessários em torno de 20 minutos para a execução do algoritmo, na simulação 4 o tempo total de processamento foi 1,3058 hora. Desse modo, o experimento indica que aumentando dez vezes o tamanho da população, o algoritmo resolve o problema de recomendação de

acasalamentos satisfatoriamente.

Na simulação 5 foi replicado o experimento da simulação 4, aumentando 50% o número de gerações. Neste cenário, foi possível verificar que a melhor solução apresentada pelo algoritmo genético foi muito similar às simulações 3 e 4, indicando que mesmo aumentando o tamanho da população e o número de gerações, o algoritmo encontra solução para o problema. Também foi possível observar que aumentando o número de gerações de parada para o algoritmo genético, diminui a quantidade de touros utilizados na solução do problema em comparação às simulações 3 e 4. Outra observação relevante nesta simulação está associada ao tempo de processamento. Foi a simulação que utilizou mais tempo entre as simulações, permanecendo 3,6676 horas em execução.

Na simulação 6, considerando que o aumento da população e o número de gerações tiveram pequeno impacto na execução e nos resultados do algoritmo, decidiu-se voltar a definir a população inicial com o dobro de cromossomos em relação à quantidade de vacas e delimitar 1000 gerações como critério de parada. Esta simulação teve como objetivo invalidar a participação do melhor touro (Id: 600) alterando o seu percentual de consanguinidade de acasalamentos (6%). De acordo com os parâmetros estabelecidos pelo programa de melhoramento genético, é recomendado acasalar animais com coeficiente de consanguinidade inferiores a 5%. Deste modo, após a execução do algoritmo genético, foi possível notar que mesmo com a restrição de uso do touro de melhor IECC, o algoritmo procurou a melhor solução utilizando os demais touros nas combinações de todas as vacas. Neste caso, foi possível visualizar uma leve diminuição da aptidão da futura geração, pela não participação do melhor touro nos acasalamentos. Além da restrição de consanguinidade (touro Id: 600), foram modificadas as restrições de máxima e mínima utilização em dois touros. Neste experimento, o touro Id: 601 de maior aptidão utiliza a máxima combinação permitida, enquanto o touro Id: 637, de IECC inferior, foi utilizado no mínimo de acasalamentos delimitado. Neste sentido, o touro de melhor IECC é utilizado em seu máximo valor, enquanto o touro de inferior desempenho é utilizado o número mínimo de combinações. Em relação ao tempo de processamento, esta simulação foi similar à simulação 3, inclusive nos dados de entrada e parâmetros da simulação, com a diferença que nesta simulação foram incluídas restrições de consanguinidade.

As simulações 7, 8 e 9 foram aplicadas em outro rebanho com quantidade diferente de vacas. No entanto, as respostas do algoritmo genético foram similares aos experimentos anteriores. Foi possível observar diferença na aptidão, pois este rebanho

tem melhores IECC, as quais implicam diretamente no resultado da função objetivo do algoritmo.

Na simulação 8, para o tamanho da população foi aplicado o dobro do número de vacas e sem definição de restrição de acasalamentos, ou seja, todos os touros poderiam acasalar com todas as vacas. Esta simulação é semelhante à simulação 3, inclusive no tempo de processamento. Também foi possível observar a seleção dos touros com melhor IECC para participarem das combinações. Neste caso, participaram dezesseis touros para acasalar com as 454 vacas.

A simulação 9 teve parâmetros similares à simulação 6. Utilizando uma população equivalente ao dobro do número de vacas e aplicando restrições nos mínimos de dois touros e no percentual de consanguinidade dos quatro melhores touros, foi possível notar que o algoritmo genético encontrou uma solução ótima. No caso dos touros com percentual de consanguinidade maior que 5%, foram substituídos por outros touros e aqueles que tiveram os mínimos alterados foram ajustados de acordo sua aptidão, ou seja, o touro de maior IECC foi utilizado com a quantidade máxima permitida de acasalamentos, enquanto o touro de IECC inferior foi utilizado na quantidade mínima definida de acasalamentos. Isto explica que os animais superiores conseguem participar de mais acasalamentos do que aqueles inferiores.

Em todas as simulações, foi possível observar o comportamento do algoritmo genético na busca da otimização para seleção dos acasalamentos como uma boa solução. Seguindo a descrição de cada simulação, é possível acompanhar os resultados e observar que o algoritmo genético utilizado identifica e trata as restrições de consanguinidade, de máxima e mínima utilização de touros, assim como aplica a função objetivo para gerar população com maior aptidão e conseqüentemente contribuir para a recomendação dos acasalamentos. Também é relevante destacar que todas as simulações apontam para uma melhora do rebanho expressa na evolução da aptidão.

Assim como no trabalho de Fontoura (2019) e Santos et al. (2016), o presente trabalho utilizou uma fonte de dados real. No caso de Santos et al. (2016), a técnica utilizada para seleção de acasalamentos de ovinos foi um algoritmo de Evolução Diferencial implementado por meio de um *software* proprietário. No trabalho de Fontoura (2019), para a recomendação de acasalamentos de bovinos foi desenvolvido um algoritmo genético utilizando técnicas para a criação da população inicial, penalização de respostas candidatas em conflito com as regras definidas, ajustes da função objetivo ponderando pelas características de preferência do produtor, a possibilidade de limitar a máxima

utilização e a mínima utilização de touros e a definição do percentual de consanguinidade. Nosso trabalho diferencia-se do trabalho de Fontoura (2019) na formulação da função objetivo, a qual incorpora parâmetros bioeconômicos.

A função objetivo utilizada no nosso trabalho calcula a aptidão com base nos valores econômicos das DEPs indicados pelo programa de melhoramento genético da raça Brangus da Embrapa Pecuária Sul. Em relação às ponderações das características, tanto em nosso trabalho quanto em Fontoura (2019), são definidas pelo programa de melhoramento genético que determina, de acordo com seu interesse, quais os pesos das características que devem ser utilizadas com base no índice de seleção.

Neste contexto, a eficiência do algoritmo foi validada para direcionar a maximização do IECC dos produtos dos acasalamentos. Esses resultados coincidem com os estudos de Fontoura (2019) e Santos et al. (2016) que confirmaram a eficiência da técnica na seleção de acasalamentos dos animais com melhor aptidão, para evolução genética do rebanho. Deste modo, pode-se inferir que a estratégia da seleção de acasalamentos além de poder proporcionar melhora nos índices de seleção utilizados no programa de melhoramento, permitirá ganhos em produtividade, uma vez que diminui os riscos de utilização de reprodutores com características menos desejáveis em relação ao direcionamento de seleção esperado.

6 CONCLUSÕES

A problemática deste trabalho segue a linha de pesquisa Agropecuária de Precisão definida pelo Programa de Pós-graduação da Universidade Federal do Pampa em parceria com a Embrapa Pecuária Sul. Desse modo, esta abordagem procura integrar conhecimento científico entre duas áreas distintas: pecuária de precisão e computação.

Em relação à computação, esta pesquisa visa definir uma técnica para otimização de modelos que apresentem problemas do tipo explosão combinatória. Neste caso, o problema de buscar o melhor acasalamento em um programa de melhoramento animal, poderá incrementar sua complexidade exponencialmente na medida que aumenta o número de animais envolvidos e características no processo de seleção. Considerando o tempo de processamento computacional exigido para solução deste tipo de problema, faz-se necessário a implementação de técnicas meta-heurísticas para obter uma ótima solução de forma eficiente.

Esta dissertação utilizou a abordagem implementada no trabalho de Fontoura (2019) por meio de um algoritmo genético canônico com o objetivo de encontrar uma solução ótima de acasalamentos de bovinos da raça Brangus. O algoritmo faz a otimização com base em um índice de seleção econômico desenvolvido por Simões et al. (2020), objetivando o maior retorno financeiro em um sistema de produção. Todos os experimentos computacionais desta pesquisa utilizaram uma base de dados reais, permitindo mensurar o desempenho da técnica.

O desenvolvimento do algoritmo genético utilizou técnicas apresentadas em trabalhos científicos, como a inicialização da população que represente a solução do problema, definição e ajustes da função objetivo ponderando pelas características que compõe o índice de seleção, o percentual de consanguinidade e o percentual de touros utilizados nos acasalamentos em relação ao número de vacas. Não foram encontrados trabalhos científicos que tratassem o mesmo problema da otimização de acasalamentos baseados em modelos bioeconômicos, no entanto, foram encontrados alguns trabalhos científicos correlatos com implementação desta técnica para problemas de otimização no cenário de melhoramento genético animal. Todos relataram resultados de melhora na solução encontrada com a utilização de algoritmos genéticos na busca de solução para este tipo de problema.

Neste contexto, os resultados encontrados nas 9 simulações corroboram com a hipótese desta pesquisa. Todas as simulações indicam que a estratégia computacional

utilizada para a seleção de acasalamentos, incrementa melhora genética nos critérios de seleção de um programa de melhoramento baseado em valores bioeconômicos. As principais contribuições deste trabalho são: i) atender uma demanda real, com impacto na matriz produtiva da região da campanha, ii) adaptar uma solução para otimizar a escolha dos acasalamentos bovinos baseado nos valores bioeconômicos e iii) sua modelagem e resolução como um problema de otimização, implementado por meio de técnicas heurísticas para encontrar uma solução de qualidade em tempo razoável.

Como trabalhos futuros, pode-se implementar uma estratégia de finalização do processo de busca do algoritmo, por exemplo: i) quando a execução do algoritmo excede o tempo limite de processamento ou ii) quando as soluções encontradas não são alteradas por um determinado tempo de processamento.

Como restrição desta abordagem, as conclusões geradas neste trabalho não refletem o mesmo tempo de resposta quando aplicado em outro cenário, por exemplo, uma fazenda com 5 mil animais. A outra restrição faz referência à disponibilização da solução no sistema da Embrapa. Devido ao equívoco na definição dos prazos das etapas do cronograma deste trabalho, não foi possível atingir este objetivo até o final da escrita desta dissertação.

Deste modo, espera-se que este trabalho contribua com a Associação Brasileira de Brangus, o programa de melhoramento genético da raça Brangus pertencente à Embrapa Pecuária Sul e, conseqüentemente, com toda a cadeia produtiva de carne do Brasil.

REFERÊNCIAS

- AARTS, E.; AARTS, E. H.; LENSTRA, J. K. **Local search in combinatorial optimization**. New Jersey, NJ, USA: Princeton University Press, 2003.
- ABREU, U. G. P. D.; SONOHATA, M. M.; LOPES, P. S. Definição de pesos econômicos e de índices de seleção para sistemas de produção. In: **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa**. Brasília, DF, Brasil: Embrapa Gado de Corte, 2013. p. 123–128. ISBN 978-85-7035-256-9.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE (ABIEC). **Beef Report-Perfil da Pecuária no Brasil**. Brasília, DF, Brasil, 2021. Disponível em: <http://abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2021/>. Acesso em: 30 nov. 2021.
- AYTUG, H.; KHOUJA, M.; VERGARA, F. Use of genetic algorithms to solve production and operations management problems: a review. **International Journal of Production Research**, Taylor & Francis, Abingdon, UK, v. 41, n. 17, p. 3955–4009, 2003.
- BACK, T. **Evolutionary algorithms in theory and practice: evolution strategies, evolutionary programming, genetic algorithms**. New York, NY, USA: Oxford University Press, 1996. ISBN 0-19-509971-0.
- BALDAN, A. Biblioteca e a gestão da informação técnico-científica. In: _____. **Embrapa Agrossilvipastoril: primeiras contribuições para o desenvolvimento de uma Agropecuária Sustentável**. 1. ed. Brasília, DF, Brasil: Embrapa Agrossilvipastoril, 2019. cap. 4, p. 739–743. ISBN 978-85-7035-905-6.
- BARBOSA, R. T.; ESTEVES, S. N.; BARBOSA, P. F. **Intensificação da bovinocultura de corte: Estratégias de manejo reprodutivo e sanitário**. São Carlos, SP: Embrapa CPPSE, 1997. 57 p.
- BARBOZA, A. O. **Simulação e técnicas da computação evolucionária aplicadas a problemas de programação linear inteira mista**. 217 p. Tese (Doutorado) — Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Curitiba, PR, Brasil, 2005.
- BARRETO NETO, A. D. **Estrutura populacional e otimização de esquemas de acasalamento em ovinos com uso de algoritmos evolucionários**. 62 p. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil, 2014. Disponível em: <https://ri.ufs.br/handle/riufs/6383>. Acesso em: 23 jun. 2020.
- BERCKMANS, D. Precision livestock farming technologies for welfare management in intensive livestock systems. **Scientific and Technical Review of the Office International des Epizooties**, v. 33, n. 1, p. 189–196, 2014. ISSN 0253-1933. Disponível em: <https://doi.org/10.20506/rst.33.1.2273>. Acesso em: 12 fev. 2020.
- BERGMANN, J. Avaliação genética-conceitos básicos. In: **Congresso Brasileiro das Raças Zebuínas**. Uberaba, MG, Brasil: ABCZ, 1994. v. 1, p. 34–41.

BERNARDI, A. d. C. et al. Agricultura de precisão. In: BERNARDI, A. D. C., NAIME, J. D. M., RESENDE, A. D., BASSOI, L. H., INAMASU, R. Y. **Agricultura de precisão: resultados de um novo olhar**. Brasília, DF, Brasil: Embrapa, 2014. cap. 1, p. 21–33. ISBN 978-85-7035-352-8.

BLUM, C.; ROLI, A. Metaheuristics in combinatorial optimization: Overview and conceptual comparison. **ACM Computing Surveys**, Association for Computing Machinery, New York, NY, USA, v. 35, n. 3, p. 268–308, set. 2003. ISSN 0360-0300. Disponível em: <https://doi.org/10.1145/937503.937505>.

BORGES, M.; BORGES, G. S. N.; RIBEIRO, H. G. Progenie - sistema de auxílio às decisões de seleção e acasalamento em programas de melhoramento genético. **V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**, Pirassununga, SP, Brasil, 2004.

BOURDON, R.; GOLDEN, B. Epds and economics: determining the relative importance of traits. **Beef Magazine**, v. 1, 2000. Disponível em: https://www.beefmagazine.com/mag/beef_epds_economics_determining. Acesso em: 10 set. 2020.

BREDA, F. C. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Sociedade Brasileira de Zootecnia, Viçosa, MG, Brasil, v. 33, n. 6, p. 2017–2025, 2004.

BRUMATTI, R. et al. Development of selection index in beef cattle under the focus of a bio-economic model. **Archivos de Zootecnia**, Instituto de Zootecnia, Facultad de Veterinaria, Córdoba, Espanha, v. 60, n. 229, p. 205–213, 2011. ISSN 0004-0592.

BULMER, M. **Francis Galton: pioneer of heredity and biometry**. Baltimore, MD, USA: JHU Press, 2003. ISBN 0-8018-7403-3.

CAETANO, A. R. et al. Genome-wide survey of snp variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science*, v. 324, n. 5926, p. 528-532, Apr. 2009., 2009.

CAPES. **Relatório do Qualis Periódicos e Eventos Científicos - Área 02: Computação**. Brasília, DF, Brasil, 2019. Disponível em: https://www.gov.br/capes/pt-br/centrais-de-conteudo/documentos/avaliacao/qualis_periodico_eventos_cien. Acesso em: 10 dez. 2020.

CARDELLINO, R.; ROVIRA, J. **Mejoramiento genético animal**. Montevideo, Uruguay: Agropecuária Hemisfério Sur, 1987. 253 p.

CARDOSO, F. F. **Ferramentas e estratégias para o melhoramento genético de bovinos de corte**. Bagé, RS, Brasil, 2009. v. 83, 42 p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/657470/1/DT83.pdf>. Acesso em: 10 mar. 2020.

CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A. d.; KINGHORN, B. Optimum contribution selection using differential evolution. **Revista Brasileira de Zootecnia**, SciELO Brasil, v. 39, p. 1429–1436, 2010.

CARVALHO, C. C. **Desenvolvimento de um algoritmo de otimização evolutivo auto-adaptativo para a resolução de problemas de otimização com variáveis mistas**. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal de Goiás, Catalão, GO, Brasil, 2018.

CARVALHO, P. C. d. F. et al. Do bocado ao pastoreio de precisão: compreendendo a interface planta-animal para explorar a multi-funcionalidade das pastagens. **Brazilian journal of animal science**, Viçosa, MG, Brasil, v. 38, p. 109–122, 2009.

CARVALHO, T. et al. Um sistema de informação para melhoramento genético de caprinos e ovinos. In: **Anais Principais do XII Simpósio Brasileiro de Sistemas de Informação**. Porto Alegre, RS, Brasil: SBC, 2016. p. 100–107. Disponível em: <https://sol.sbc.org.br/index.php/sbsi/article/view/5951>. Acesso em: 20 jul. 2020.

COPPIN, B. **Inteligência artificial**. Rio de Janeiro, RJ, Brasil: Grupo Gen-LTC, 2010. 627 p. ISBN 978-85-216-2936-8.

COSTA, C. B. et al. Prior detection of genetic algorithm significant parameters: Coupling factorial design technique to genetic algorithm. **Chemical Engineering Science**, Reading, UK, v. 62, n. 17, p. 4780 – 4801, 2007. ISSN 0009-2509. Disponível em: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0009250907003168>. Acesso em: 23 jul. 2020.

DE CASTRO, L. N. et al. Computação natural: Uma breve visão geral. In: **Workshop em nanotecnologia e Computação Inspirada na Biologia**. Rio de Janeiro, RJ, Brasil: [s.n.], 2004. v. 1.

DE JONG, K. A. **Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems**. Hampton, VA, EUA, 1975. Disponível em: <https://deepblue.lib.umich.edu/handle/2027.42/4507>. Acesso em: 21 jun. 2020.

DEAN, W. Computational complexity theory. In: ZALTA, E. N. (Ed.). **The Stanford Encyclopedia of Philosophy**. Winter. Stanfor, CA, USA: Metaphysics Research Lab, Stanford University, 2016.

DUMITRESCU, D. et al. **Evolutionary computation**. Boca Raton, FL, USA: CRC Press, 2000. ISBN 0-8493-0588-8.

EDDELBUETTEL, D. **Seamless R and C++ integration with Rcpp**. New York, NY, USA: Springer, 2013.

ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: seleção**. Pirassununga, SP, Brasil: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, 2017. ISBN 978-85-66404-13-5(e-book).

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 1996. 4. ed. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, 1996.

FARAH, M. M. **Simulação em nível de gene e de indivíduo aplicada ao melhoramento animal**. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG, Brasil, 2010.

FERREIRA, A. P. L. On the problem of compensatory mating in animal breeding. In: SBC. **Anais do VI Workshop-Escola de Informática Teórica**. [S.l.], 2021. p. 96–103.

FIGUEIREDO, L. H. M. **Biotecnologia e biodiversidade agropecuária: panorama patentário e oportunidades para a região Centro-Oeste**. Tese (Doutorado) — Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, 2017.

FILHO, K. E. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte Documentos, 1999. v. 75, 63 p. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/104739/1/Melhoramento-genetico-animal-no-brasil.p>. Acesso em: 25 fev. 2020.

FILHO, K. E. Evolução do melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. **Revista Ceres**, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil, v. 56, n. 5, p. 620–626, 2009. ISSN 0034-737X. Disponível em: <https://www.redalyc.org/pdf/3052/305226893010.pdf>. Acesso em: 15 jan. 2020.

FOGEL, D. B. **Evolutionary computation: toward a new philosophy of machine intelligence**. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, 2006. v. 1. ISBN 10 0-471-66951-2.

FONTOURA, D. d. C. N. d. **Uma solução de recomendações de acasalamentos baseada em algoritmos genéticos**. 290 p. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal do Pampa, Bagé, RS, Brasil, 2019. Disponível em: <http://dspace.unipampa.edu.br/handle/rii/4007>. Acesso em: 17 nov. 2019.

FOULDS, L. R. Optimization on graphs and networks. In: **Combinatorial Optimization for Undergraduates**. New York, NY, USA: Pearson Hall, 1984. p. 118–157.

GARCEZ, D. C. et al. **Publicação científica das engenharias na Web of Science: artigos de autores com vínculo institucional brasileiro**. 133 p. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil, 2020.

GEN, M.; CHENG, R.; WANG, D. Genetic algorithms for solving shortest path problems. In: IEEE. **Proceedings of 1997 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC'97)**. New York, NY, USA, 1997. p. 401–406. Disponível em: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/592343>. Acesso em: 21 jul. 2020.

GLOVER, F. Future paths for integer programming and links to artificial intelligence. **Computers operations research**, Oxford, UK, v. 13, n. 5, p. 533–549, 1986.

GLOVER, F. W.; KOCHENBERGER, G. A. **Handbook of metaheuristics**. Dordrecht, Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 2006. v. 57. ISBN 1-4020-7263-5.

GOLDBERG, D. E. **Genetic algorithms in search, Optimization, and Machine Learning**. Boston, MA, EUA: Addison Wesley Publishing Co. Inc., 1989. ISBN 978-0-201-15767-3.

GOLDBERG, D. E. et al. **The Design of Innovation: Lessons from and for Competent Genetic Algorithms by David E. Goldberg**. Norwell, MA, USA: Kluwer Academic Publishers, 2002. v. 7. ISBN 1 4020-7098-5.

GOMES, L. d. C. T. **Inteligência computacional na síntese de meta-heurísticas para otimização combinatória e multimodal**. Dissertação (Mestrado) — Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil, 2006.

GOMES, R. d. C.; FEIJÓ, G. L. D.; CHIARI, L. Evolução e qualidade da pecuária brasileira. **Embrapa Gado de Corte**, Campo Grande, MS, 2017.

GRUNSKY, E. R. a data analysis and statistical programming environment—an emerging tool for the geosciences. **Computers & Geosciences**, Elsevier, Ontario, Canada, v. 28, n. 10, p. 1219–1222, 2002. ISSN 0098-3004.

GUIDOLIN, D. G. F. et al. Associações genéticas entre características de crescimento pós-desmame em bovinos da raça nelore no estado do mato grosso do sul. **Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Maringá, PR, Brasil, v. 46, 2009.

GUPTA, R.; CHANDAN, M.; KUNTAL, R. S. Heuristic approaches in solving non linear model of livestock ration formulation. **International Journal of Engineering Sciences & Emerging Technologies**, Bagalore, India, v. 6, p. 37–48, 2013. ISSN 2231–6604.

HALACHMI, I. **Precision livestock farming applications: Making sense of sensors to support farm management**. Edited collection. Wageningen, Netherlands: Wageningen Academic Publishers, 2015. 328 p. ISBN 978-90-8686-815-5. Disponível em: <https://doi.org/10.3920/978-90-8686-815-5>.

HAMMES, V. et al. **Pesquisa e inovação agropecuária na agenda 2030: contribuições da Embrapa e parceiros**. Brasília, DF, Brasil: Embrapa, 2018.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Ames, IA, USA, v. 28, n. 6, p. 476–490, 1943.

HAZEL, L. N.; LUSH, J. L. The efficiency of three methods of selection. **Journal of Heredity**, Oxford University Press, v. 33, n. 11, p. 393–399, 1942.

HINTERDING, R.; MICHALEWICZ, Z.; EIBEN, A. E. Adaptation in evolutionary computation: a survey. In: **Proceedings of 1997 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC '97)**. Indianapolis, IN, USA: [s.n.], 1997. p. 65–69. Disponível em: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/592270>. Acesso em: 20 jun. 2020.

HOOKE, J. N. Testing heuristics: We have it all wrong. **Journal of heuristics**, Springer, Boulder, CO, USA, v. 1, n. 1, p. 33–42, 1995.

JACOBSON, L.; KANBER, B. **Genetic algorithms in Java basics**. New York, NY, USA: Apress, 2015. 154 p. ISBN 978-1-4842-0328-6.

JAMES, D. A.; DEBROY, S.; HORNER, M. J. **Package ‘RMySQL’**. [S.l.], 2012. v. 30, 44 p. Disponível em: <http://cran.rproject.org/web/packages/RMySQL/RMySQL.pdf>. Acesso em: 10 mar. 2022.

JAMES, J. Economic evaluation of breeding objectives in sheep and goats - general considerations. **World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, Lincoln, NE, USA, 1986.

JANGARELLI, M. Acasalamento estratégico na seleção assistida por marcadores utilizando análise multivariada. **Revista Ceres**, Universidade Federal de Viçosa, v. 61, n. 4, p. 443–450, 2014.

JOHNSON, D.; GARRICK, D. et al. Data collection, processing and prediction of breeding values. In: **Proceedings of the 4th World Congress on Genetics applied to Livestock Production**. Edinburgh, Scotland: [s.n.], 1990. p. 337–346.

JORGE JÚNIOR, J.; CARDOSO, V. L.; ALBUQUERQUE, L. G. d. Objetivos de seleção e valores econômicos em sistemas de produção de gado de corte no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Sociedade Brasileira de Zootecnia, Viçosa, MG, Brasil, v. 36, n. 5, p. 1549–1558, 2007.

KARI, L.; ROZENBERG, G. The many facets of natural computing. **Communications of the ACM**, ACM, New York, NY, USA, v. 51, n. 10, p. 72–83, 2008.

KINGHORN, B. P. An algorithm for efficient constrained mate selection. **Genetics Selection Evolution**, BioMed Central, v. 43, n. 1, p. 1–9, 2011.

KOZA, J. R. Survey of genetic algorithms and genetic programming. In: WESTERN PERIODICALS COMPANY. **Wescon conference record**. Stanford, CA, USA, 1995. p. 589–594.

LASLEY, J. F. et al. **Genetics of livestock improvement**. Englewood Cliffs, NJ, USA: Prentice-Hall, Inc., 1963. 342 p.

LEBLANC, L. J.; SHTUB, A.; ANANDALINGAM, G. Formulating and solving production planning problems. **European Journal of Operational Research**, Elsevier, v. 112, n. 1, p. 54–80, 1999.

LINDEN, R. **Algoritmos genéticos**. 2. ed. Rio de Janeiro, RJ, Brasil: Brasport, 2008. ISBN 978-85-7452-373-6.

LUSH, J. L. The number of daughters necessary to prove a sire. **Journal of Dairy Science**, Elsevier, Ames, IA, USA, v. 14, n. 3, p. 209–220, 1931.

MARTINS, Â.; SANTOS, V.; SILVESTRE, M. A história do melhoramento animal. **História da Ciência e Ensino: construindo interfaces**, São Paulo, SP, Brasil, v. 20, p. 106–114, 2019. ISSN 2178-2911. Disponível em: <http://ken.pucsp.br/hcensino/article/view/44799>. Acesso em: 19 jan. 2020.

MAZZONETTO, A. et al. **Uma abordagem para a execução paralela de modelos de simulação**. Dissertação (Mestrado) — Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil, 2016.

MELIÁN, B.; MORENO, J.; MORENO, J. Metaheuristics: A global view. **Revista Iberoamericana de Inteligencia Artificial**, Asociación Española de Inteligencia Artificial, Espanha, v. 19, p. 7–28, 2003.

MIURA, M. **Modelagem heurística no problema de distribuição de cargas fracionadas de cimento**. Tese (Doutorado) — Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil, 2008.

MORENO, B.; VIVAS, E.; VEGA, G. D. Eugenesia, la moda del cambio de siglo. In: **Historia ilustrada de la bioética**. Madrid, Espanha: Fundación Tejerina, 2015. p. 51–64. ISBN 978-84-939918-9-0.

MOSCATO, P.; COTTA, C. Una introducción a los algoritmos meméticos. **Inteligencia Artificial. Revista Iberoamericana de Inteligencia Artificial**, Asociación Española para la Inteligencia Artificial, Valencia, Espanha, v. 7, n. 19, p. 0, 2003.

NILFOROOSHAN, M. A.; SAAVEDRA-JIMÉNEZ, L. A. gggroups: an r package for pedigree and genetic groups data. **Hereditas**, v. 157, 2020.

OSMAN, I. H.; KELLY, J. P. *Meta-heuristics: Theory and applications*. 39 Kluwer Academic Publishers, p. 690, 1996.

PARDALOS, P. M.; RESENDE, M. G. *Handbook of applied optimization*. Oxford University Press, New York, NY, USA, 2002.

PEREIRA, A. S. et al. **Metodologia da pesquisa científica**. Santa Maria, RS, Brasil: UFSM, 2018. ISBN 978-85-8341-204-5.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4. ed. Belo Horizonte, MG, Brasil: FEPMVZ Editora, 2008. ISBN 978-85-87144-30-0.

PONZONI, R.; NEWMAN, S. Developing breeding objectives for australian beef cattle production. **Animal Science**, Cambridge University Press, Cambridge, UK, v. 49, n. 1, p. 35–47, 1989.

QUIJANO, J. H.; ECHEVERRI, J. J. **Genética cuantitativa aplicada al mejoramiento animal**. Bogotá, Colombia: Universidad Nacional de Colombia, 2016. ISBN 978-958-775-465-0.

RAMÍREZ, B. C. L. et al. Paradigma evolutivo en la formulación de raciones para ganado bovino. **Pistas Educativas**, Celaya, Gto, México, v. 40, n. 130, 2018. Disponível em: <http://www.itcelaya.edu.mx/ojs/index.php/pistas/article/download/1810/1478>. Acesso em: 20 jun. 2020.

REEVES, C. Genetic algorithms. In: **Handbook of metaheuristics**. Boston, MA, USA: Springer, 2003. p. 55–82.

RESENDE, M. G.; RIBEIRO, C. C. Greedy randomized adaptive search procedures. In: **Handbook of metaheuristics**. Boston, MA, USA: Springer, 2003. p. 219–249.

RODRIGUES, D. **Seleção de características utilizando algoritmos evolucionistas e suas aplicações em reconhecimento de padrões**. Dissertação (Mestrado) — Universidade Estadual Paulista (UNESP), São José do Rio Preto, SP, Brasil, 2014.

ROSA, A. d. N. et al. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa**. Brasília, DF, Brasil: Embrapa Gado de Corte, 2013. ISBN 978-85-7035-256-9.

ROSA, J. L. G. **Fundamentos da inteligência artificial**. Rio de Janeiro, RJ, Brasil: LTC, 2011. v. 1. 212 p. ISBN 978-85-216-0593-5.

RUSSELL, S.; NORVIG, P. **Artificial intelligence: a modern approach**. 2. ed. New Jersey, NJ, USA: Prentice Hall, 2002. ISBN 0-13-790395-2.

SANTOS, N. P. da S. et al. Seleção assistida: proposta de otimização utilizando Algoritmos Genéticos. **PUBVET**, Maringá, PR, Brasil, v. 6, p. Art-1375, 2016.

SAXENA, P. Animal diet formulation: optimization and simulation techniques. **Journal of Veterinary Science & Technology**, Brussels, Belgium, p. 1-5, 2015.

SCHMIDT, P. I. et al. Índices econômicos de seleção para bovinos da raça Brangus. In: IN: CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 27.; SEMANA INTEGRADA DE ENSINO ... **Embrapa Pecuária Sul-Artigo em anais de congresso (Alice)**. Pelotas, RS, Brasil, 2018. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1102046/1/CIC2018Patricia1.pdf>. Acesso em: 17 jan. 2020.

SILVEIRA, D. T.; CórDOVA, F. P. **Métodos de pesquisa/[organizado por] Tatiana Engel Gerhardt e Denise Tolfo Silveira; coordenado pela Universidade Aberta do Brasil-UAB/UFRGS e pelo Curso de Graduação Tecnológica-Planejamento e Gestão para o Desenvolvimento Rural da SEAD/UFRGS**. Porto Alegre, RS, Brasil: Editora da UFRGS, 2009. 31-32 p. ISBN 978-85-386-0071-8.

SIMÕES, M. R. et al. Breeding objectives of Brangus cattle in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Wiley Online Library, Oxford, UK, v. 137, n. 2, p. 177-188, 2020.

SNUSTAD, D.; SIMMONS, M. **Fundamentos de Genética: Tradução de Paulo A. Motta**. 6. ed. Rio de Janeiro, RJ: Guanabara Koogan, 2010. 762 p.

SOARES DE LIMA, J. et al. Índice de selección para la cría: “una nueva herramienta disponible em Uruguay para seleccionar reproductores por su mérito econômico em la raza hereford.”. **Programa Nacional de Carne y Lana, INIA Uruguay**, Montevidéo, Uruguai, 2011.

SOARES DE LIMA, J. M.; RAVAGNOLO, O.; MONTOSI, F. Objetivos de selección: hacia la construcción de un índice de selección para ganado de carne em sistemas de ciclo completo em Uruguay. In: MONTOSI, F. (Ed.). **Invernada de precisión: pasturas, calidad de carne, genética, gestión empresarial e impacto ambiental (GIPROCAR II)**. Montevidéo, Uruguai: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - INIA, 2013. p. 155-164.

SOUZA, J. C. et al. Parâmetros e tendência genética de peso de bovinos criados a pasto no Brasil. **Archivos de zootecnia**, SciELO España, Córdoba, Espanha, v. 60, n. 231, p. 457-465, 2011.

THORNTON, P. K. Livestock production: recent trends, future prospects. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, The Royal Society, London, UK, v. 365, n. 1554, p. 2853-2867, 2010.

TIRADOS, F. S. P. La mejora genética animal em la segunda mitad del siglo xx. **Archivos de zootecnia**, Universidad de Córdoba, Córdoba, Argentina, v. 50, n. 192, p. 517-546, 2001. ISSN 0004-0592. Disponível em: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49519206>. Acesso em: 19 jan. 2020.

VOSS, S.; WOODRUFF, D. L. **Introduction to computational optimization models for production planning in a supply chain**. Berlin, Germany: Springer Science & Business Media, 2006. v. 240.

WICKHAM, H. **ggplot2: elegant graphics for data analysis**. New York, NY, USA: Springer-Verlag, 2016. ISBN 978-3-319-24277-4.

YOKOO, M. J. et al. **Sumário genômico para características de difícil mensuração de animais da raça Brangus - Edição Setembro de 2020**. Bagé, RS: Embrapa Pecuária Sul, 2021. v. 166. 46 p. ISSN 1982-5390.

YOKOO, M. J. et al. **Boas práticas em melhoramento genético de gado de corte**. Bagé, RS, Brasil: Embrapa Pecuária Sul, 2019. v. 162. 62 p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1117240/1/DT162online.pdf>. Acesso em: 5 mar. 2020.

YOKOO, M. J. I. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, SciELO Brasil, v. 36, p. 1761–1768, 2007.

APÊNDICE A – LISTA DE UTILIZAÇÃO DOS TOUROS

Figura 24 – Lista de utilização de touros da simulação 1

Id:	600	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	10	válido?	SIM	IECC:	33.45
Id:	601	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	7	válido?	SIM	IECC:	29.68
Id:	602	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	11	válido?	SIM	IECC:	28.81
Id:	603	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	11	válido?	SIM	IECC:	28.52
Id:	604	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	13	válido?	SIM	IECC:	28.11
Id:	605	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	10	válido?	SIM	IECC:	23.98
Id:	606	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	11	válido?	SIM	IECC:	17.91
Id:	607	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	10	válido?	SIM	IECC:	17.32
Id:	608	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	12	válido?	SIM	IECC:	16.1
Id:	609	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	12	válido?	SIM	IECC:	14.33
Id:	610	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	11	válido?	SIM	IECC:	13.4
Id:	611	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	7	válido?	SIM	IECC:	9.65
Id:	612	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	12	válido?	SIM	IECC:	9.29
Id:	613	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	9	válido?	SIM	IECC:	9.06
Id:	614	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	9	válido?	SIM	IECC:	8.13
Id:	615	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	12	válido?	SIM	IECC:	5.33
Id:	616	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	6	válido?	SIM	IECC:	2.02
Id:	617	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	7	válido?	SIM	IECC:	0.29
Id:	618	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	5	válido?	SIM	IECC:	-2.74
Id:	619	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	6	válido?	SIM	IECC:	-6.57
Id:	620	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	4	válido?	SIM	IECC:	-7.04
Id:	621	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	4	válido?	SIM	IECC:	-7.15
Id:	622	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	10	válido?	SIM	IECC:	-7.6
Id:	623	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	8	válido?	SIM	IECC:	-7.7
Id:	624	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	6	válido?	SIM	IECC:	-11.18
Id:	625	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	6	válido?	SIM	IECC:	-12.59
Id:	626	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	7	válido?	SIM	IECC:	-16.68
Id:	627	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	4	válido?	SIM	IECC:	-19.83
Id:	628	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	9	válido?	SIM	IECC:	-21.16
Id:	629	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	7	válido?	SIM	IECC:	-21.72
Id:	630	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	9	válido?	SIM	IECC:	-26.41
Id:	631	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	11	válido?	SIM	IECC:	-30.07
Id:	632	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	6	válido?	SIM	IECC:	-32.86
Id:	633	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	9	válido?	SIM	IECC:	-42.76
Id:	634	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	10	válido?	SIM	IECC:	-42.8
Id:	635	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	8	válido?	SIM	IECC:	-44.43
Id:	636	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	4	válido?	SIM	IECC:	-46.99
Id:	637	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	3	válido?	SIM	IECC:	-66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 25 – Lista de utilização de touros da simulação 2

Id:	600	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	33.45
Id:	601	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	29.68
Id:	602	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	28.81
Id:	603	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	28.52
Id:	604	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	28.11
Id:	605	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	23.98
Id:	606	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	17.91
Id:	607	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	17.32
Id:	608	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	16.1
Id:	609	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	30	válido?	SIM	IECC:	14.33
Id:	610	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	9	válido?	SIM	IECC:	13.4
Id:	611	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	4	válido?	SIM	IECC:	9.65
Id:	612	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	2	válido?	SIM	IECC:	9.29
Id:	613	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	1	válido?	SIM	IECC:	9.06
Id:	614	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	8.13
Id:	615	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	5.33
Id:	616	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	2.02
Id:	617	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	0.29
Id:	618	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-2.74
Id:	619	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-6.57
Id:	620	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-7.04
Id:	621	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-7.15
Id:	622	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-7.6
Id:	623	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-7.7
Id:	624	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-11.18
Id:	625	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-12.59
Id:	626	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-16.68
Id:	627	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-19.83
Id:	628	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-21.16
Id:	629	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-21.72
Id:	630	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-26.41
Id:	631	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-30.07
Id:	632	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-32.86
Id:	633	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-42.76
Id:	634	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-42.8
Id:	635	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-44.43
Id:	636	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-46.99
Id:	637	MaximoUso:	30	MinimoUso:	0	Uso:	0	válido?	SIM	IECC:	-66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 26 – Lista de utilização de touros da simulação 3

Id: 600	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 33.45
Id: 601	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 29.68
Id: 602	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.81
Id: 603	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.52
Id: 604	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.11
Id: 605	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 23.98
Id: 606	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 17.91
Id: 607	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 17.32
Id: 608	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 16.1
Id: 609	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 14.33
Id: 610	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 18	válido?	SIM	IECC: 13.4
Id: 611	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 1	válido?	SIM	IECC: 9.65
Id: 612	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 9.29
Id: 613	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 9.06
Id: 614	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 8.13
Id: 615	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 5.33
Id: 616	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 2.02
Id: 617	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 0.29
Id: 618	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -2.74
Id: 619	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -6.57
Id: 620	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.04
Id: 621	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.15
Id: 622	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.6
Id: 623	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.7
Id: 624	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -11.18
Id: 625	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -12.59
Id: 626	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -16.68
Id: 627	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -19.83
Id: 628	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -21.16
Id: 629	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -21.72
Id: 630	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -26.41
Id: 631	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -30.07
Id: 632	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -32.86
Id: 633	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -42.76
Id: 634	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -42.8
Id: 635	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -44.43
Id: 636	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -46.99
Id: 637	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 27 – Lista de utilização de touros da simulação 4

Id: 600	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 33.45
Id: 601	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 29.68
Id: 602	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 28.81
Id: 603	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 28.52
Id: 604	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 28.11
Id: 605	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 23.98
Id: 606	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 17.91
Id: 607	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 17.32
Id: 608	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 16.1
Id: 609	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 14.33
Id: 610	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 16	Válido?	SIM	IECC: 13.4
Id: 611	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 3	Válido?	SIM	IECC: 9.65
Id: 612	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 9.29
Id: 613	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 9.06
Id: 614	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 8.13
Id: 615	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 5.33
Id: 616	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 2.02
Id: 617	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 0.29
Id: 618	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -2.74
Id: 619	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -6.57
Id: 620	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.04
Id: 621	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.15
Id: 622	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.6
Id: 623	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.7
Id: 624	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -11.18
Id: 625	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -12.59
Id: 626	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -16.68
Id: 627	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -19.83
Id: 628	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -21.16
Id: 629	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -21.72
Id: 630	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -26.41
Id: 631	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -30.07
Id: 632	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -32.86
Id: 633	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -42.76
Id: 634	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -42.8
Id: 635	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -44.43
Id: 636	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -46.99
Id: 637	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 28 – Lista de utilização de touros da simulação 5

Id: 600	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 33.45
Id: 601	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 29.68
Id: 602	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 28.81
Id: 603	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 28.52
Id: 604	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 28.11
Id: 605	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 23.98
Id: 606	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 17.91
Id: 607	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 17.32
Id: 608	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 16.1
Id: 609	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 14.33
Id: 610	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 19	Válido?	SIM	IECC: 13.4
Id: 611	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 9.65
Id: 612	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 9.29
Id: 613	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 9.06
Id: 614	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 8.13
Id: 615	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 5.33
Id: 616	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 2.02
Id: 617	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 0.29
Id: 618	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -2.74
Id: 619	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -6.57
Id: 620	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.04
Id: 621	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.15
Id: 622	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.6
Id: 623	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.7
Id: 624	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -11.18
Id: 625	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -12.59
Id: 626	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -16.68
Id: 627	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -19.83
Id: 628	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -21.16
Id: 629	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -21.72
Id: 630	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -26.41
Id: 631	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -30.07
Id: 632	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -32.86
Id: 633	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -42.76
Id: 634	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -42.8
Id: 635	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -44.43
Id: 636	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -46.99
Id: 637	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 29 – Lista de utilização de touros da simulação 6

Id: 600	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 33.45
Id: 601	MaximoUso: 40	MinimoUso: 10	Uso: 40	válido?	SIM	IECC: 29.68
Id: 602	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.81
Id: 603	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.52
Id: 604	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.11
Id: 605	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 23.98
Id: 606	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 17.91
Id: 607	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 17.32
Id: 608	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 16.1
Id: 609	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 14.33
Id: 610	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 17	válido?	SIM	IECC: 13.4
Id: 611	MaximoUso: 30	MinimoUso: 10	Uso: 10	válido?	SIM	IECC: 9.65
Id: 612	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 1	válido?	SIM	IECC: 9.29
Id: 613	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 9.06
Id: 614	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 8.13
Id: 615	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 5.33
Id: 616	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 1	válido?	SIM	IECC: 2.02
Id: 617	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 0.29
Id: 618	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -2.74
Id: 619	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -6.57
Id: 620	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.04
Id: 621	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.15
Id: 622	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.6
Id: 623	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.7
Id: 624	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -11.18
Id: 625	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -12.59
Id: 626	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -16.68
Id: 627	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -19.83
Id: 628	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -21.16
Id: 629	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -21.72
Id: 630	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -26.41
Id: 631	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -30.07
Id: 632	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -32.86
Id: 633	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -42.76
Id: 634	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -42.8
Id: 635	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -44.43
Id: 636	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -46.99
Id: 637	MaximoUso: 40	MinimoUso: 10	Uso: 10	válido?	SIM	IECC: -66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 30 – Lista de utilização de touros da simulação 7

Id: 600	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 23	válido?	SIM	IECC: 33.45
Id: 601	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 17	válido?	SIM	IECC: 29.68
Id: 602	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 13	válido?	SIM	IECC: 28.81
Id: 603	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 10	válido?	SIM	IECC: 28.52
Id: 604	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 19	válido?	SIM	IECC: 28.11
Id: 605	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 14	válido?	SIM	IECC: 23.98
Id: 606	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 18	válido?	SIM	IECC: 17.91
Id: 607	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 9	válido?	SIM	IECC: 17.32
Id: 608	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 11	válido?	SIM	IECC: 16.1
Id: 609	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 16	válido?	SIM	IECC: 14.33
Id: 610	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 16	válido?	SIM	IECC: 13.4
Id: 611	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 11	válido?	SIM	IECC: 9.65
Id: 612	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 16	válido?	SIM	IECC: 9.29
Id: 613	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 14	válido?	SIM	IECC: 9.06
Id: 614	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 5	válido?	SIM	IECC: 8.13
Id: 615	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 8	válido?	SIM	IECC: 5.33
Id: 616	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 11	válido?	SIM	IECC: 2.02
Id: 617	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 10	válido?	SIM	IECC: 0.29
Id: 618	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 11	válido?	SIM	IECC: -2.74
Id: 619	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 13	válido?	SIM	IECC: -6.57
Id: 620	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 14	válido?	SIM	IECC: -7.04
Id: 621	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 14	válido?	SIM	IECC: -7.15
Id: 622	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 13	válido?	SIM	IECC: -7.6
Id: 623	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 7	válido?	SIM	IECC: -7.7
Id: 624	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 11	válido?	SIM	IECC: -11.18
Id: 625	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 13	válido?	SIM	IECC: -12.59
Id: 626	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 8	válido?	SIM	IECC: -16.68
Id: 627	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 3	válido?	SIM	IECC: -19.83
Id: 628	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 7	válido?	SIM	IECC: -21.16
Id: 629	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 7	válido?	SIM	IECC: -21.72
Id: 630	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 16	válido?	SIM	IECC: -26.41
Id: 631	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 7	válido?	SIM	IECC: -30.07
Id: 632	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 10	válido?	SIM	IECC: -32.86
Id: 633	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 13	válido?	SIM	IECC: -42.76
Id: 634	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 17	válido?	SIM	IECC: -42.8
Id: 635	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 13	válido?	SIM	IECC: -44.43
Id: 636	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 8	válido?	SIM	IECC: -46.99
Id: 637	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 8	válido?	SIM	IECC: -66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 31 – Lista de utilização de touros da simulação 8

Id: 600	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 33.45
Id: 601	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 29.68
Id: 602	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.81
Id: 603	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.52
Id: 604	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 28.11
Id: 605	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 23.98
Id: 606	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 17.91
Id: 607	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 17.32
Id: 608	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 16.1
Id: 609	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 14.33
Id: 610	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 13.4
Id: 611	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 9.65
Id: 612	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 9.29
Id: 613	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 9.06
Id: 614	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	válido?	SIM	IECC: 8.13
Id: 615	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 4	válido?	SIM	IECC: 5.33
Id: 616	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 2.02
Id: 617	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: 0.29
Id: 618	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -2.74
Id: 619	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -6.57
Id: 620	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.04
Id: 621	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.15
Id: 622	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.6
Id: 623	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -7.7
Id: 624	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -11.18
Id: 625	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -12.59
Id: 626	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -16.68
Id: 627	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -19.83
Id: 628	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -21.16
Id: 629	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -21.72
Id: 630	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -26.41
Id: 631	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -30.07
Id: 632	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -32.86
Id: 633	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -42.76
Id: 634	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -42.8
Id: 635	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -44.43
Id: 636	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -46.99
Id: 637	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	válido?	SIM	IECC: -66.55

Fonte: Autor (2021)

Figura 32 – Lista de utilização de touros da simulação 9

Id: 600	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 33.45
Id: 601	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 29.68
Id: 602	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 28.81
Id: 603	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: 28.52
Id: 604	MaximoUso: 30	MinimoUso: 10	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 28.11
Id: 605	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 23.98
Id: 606	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 17.91
Id: 607	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 17.32
Id: 608	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 16.1
Id: 609	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 14.33
Id: 610	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 13.4
Id: 611	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 9.65
Id: 612	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 9.29
Id: 613	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 9.06
Id: 614	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 8.13
Id: 615	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 5.33
Id: 616	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 2.02
Id: 617	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 30	Válido?	SIM	IECC: 0.29
Id: 618	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 23	Válido?	SIM	IECC: -2.74
Id: 619	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 1	Válido?	SIM	IECC: -6.57
Id: 620	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.04
Id: 621	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.15
Id: 622	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.6
Id: 623	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -7.7
Id: 624	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -11.18
Id: 625	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -12.59
Id: 626	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -16.68
Id: 627	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -19.83
Id: 628	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -21.16
Id: 629	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -21.72
Id: 630	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -26.41
Id: 631	MaximoUso: 30	MinimoUso: 10	Uso: 10	Válido?	SIM	IECC: -30.07
Id: 632	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -32.86
Id: 633	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -42.76
Id: 634	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -42.8
Id: 635	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -44.43
Id: 636	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -46.99
Id: 637	MaximoUso: 30	MinimoUso: 0	Uso: 0	Válido?	SIM	IECC: -66.55

Fonte: Autor (2021)

APÊNDICE B – LISTA DE ACASALAMENTOS

Figura 33 – Lista de acasalamentos

ID_Touro: 600	IECC_touro: 33.45	X	ID_Vaca: 1	IECC_Vaca: 125.86
ID_Touro: 602	IECC_touro: 28.81	X	ID_Vaca: 2	IECC_Vaca: 93.81
ID_Touro: 606	IECC_touro: 17.91	X	ID_Vaca: 3	IECC_Vaca: 85.13
ID_Touro: 602	IECC_touro: 28.81	X	ID_Vaca: 4	IECC_Vaca: 78.78
ID_Touro: 608	IECC_touro: 16.1	X	ID_Vaca: 5	IECC_Vaca: 71.98
ID_Touro: 605	IECC_touro: 23.98	X	ID_Vaca: 6	IECC_Vaca: 68.35
ID_Touro: 600	IECC_touro: 33.45	X	ID_Vaca: 7	IECC_Vaca: 65.77
ID_Touro: 603	IECC_touro: 28.52	X	ID_Vaca: 8	IECC_Vaca: 65.57
ID_Touro: 602	IECC_touro: 28.81	X	ID_Vaca: 9	IECC_Vaca: 64.69
ID_Touro: 600	IECC_touro: 33.45	X	ID_Vaca: 10	IECC_Vaca: 62.99
ID_Touro: 605	IECC_touro: 23.98	X	ID_Vaca: 11	IECC_Vaca: 60.55
ID_Touro: 608	IECC_touro: 16.1	X	ID_Vaca: 12	IECC_Vaca: 58.42
ID_Touro: 602	IECC_touro: 28.81	X	ID_Vaca: 13	IECC_Vaca: 54.92
ID_Touro: 604	IECC_touro: 28.11	X	ID_Vaca: 14	IECC_Vaca: 52.88
ID_Touro: 605	IECC_touro: 23.98	X	ID_Vaca: 15	IECC_Vaca: 52.15
ID_Touro: 606	IECC_touro: 17.91	X	ID_Vaca: 16	IECC_Vaca: 45.89
ID_Touro: 601	IECC_touro: 29.68	X	ID_Vaca: 17	IECC_Vaca: 44.53
ID_Touro: 603	IECC_touro: 28.52	X	ID_Vaca: 18	IECC_Vaca: 44.42
ID_Touro: 609	IECC_touro: 14.33	X	ID_Vaca: 19	IECC_Vaca: 43.13
ID_Touro: 604	IECC_touro: 28.11	X	ID_Vaca: 20	IECC_Vaca: 42.81
ID_Touro: 605	IECC_touro: 23.98	X	ID_Vaca: 21	IECC_Vaca: 41.71
ID_Touro: 609	IECC_touro: 14.33	X	ID_Vaca: 22	IECC_Vaca: 41.37
ID_Touro: 603	IECC_touro: 28.52	X	ID_Vaca: 23	IECC_Vaca: 40.97
ID_Touro: 608	IECC_touro: 16.1	X	ID_Vaca: 24	IECC_Vaca: 40.42
ID_Touro: 607	IECC_touro: 17.32	X	ID_Vaca: 25	IECC_Vaca: 39.25
ID_Touro: 609	IECC_touro: 14.33	X	ID_Vaca: 26	IECC_Vaca: 38.95
ID_Touro: 608	IECC_touro: 16.1	X	ID_Vaca: 27	IECC_Vaca: 38.8
ID_Touro: 606	IECC_touro: 17.91	X	ID_Vaca: 28	IECC_Vaca: 38.34
ID_Touro: 603	IECC_touro: 28.52	X	ID_Vaca: 29	IECC_Vaca: 37.67
ID_Touro: 607	IECC_touro: 17.32	X	ID_Vaca: 30	IECC_Vaca: 37.47
ID_Touro: 607	IECC_touro: 17.32	X	ID_Vaca: 31	IECC_Vaca: 37.22
ID_Touro: 600	IECC_touro: 33.45	X	ID_Vaca: 32	IECC_Vaca: 35.92
ID_Touro: 600	IECC_touro: 33.45	X	ID_Vaca: 33	IECC_Vaca: 35.67
ID_Touro: 608	IECC_touro: 16.1	X	ID_Vaca: 34	IECC_Vaca: 35.58

Fonte: Autor (2021)