

NATANAEL PEREIRA DA SILVA SANTOS

**CONTRIBUIÇÃO GENÉTICA ÓTIMA E SELEÇÃO DE ACASALAMENTOS
EM OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO EVOLUÇÃO DIFERENCIAL**

TERESINA-PI

2015

NATANAEL PEREIRA DA SILVA SANTOS

**CONTRIBUIÇÃO GENÉTICA ÓTIMA E SELEÇÃO DE ACASALAMENTOS
EM OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO EVOLUÇÃO DIFERENCIAL**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí (UFPI), como parte dos requisitos à obtenção do grau de Doutor em Ciência Animal.

Área de Concentração: Produção Animal

Orientador: Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento

TERESINA-PI

2015

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias
Serviço de Processamento Técnico

S237c Santos, Natanael Pereira da Silva

Contribuição genética ótima e seleção de acasalamento em ovinos Santa Inês utilizando evolução diferencial / Natanael Pereira da Silva Santos - 2015.

94 f. : il.

Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2015.

Orientação: Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmento

1 .Ovino- Raça Santa Inês– Melhoramento genético 2.Coances-
tria 3. Conectibilidade de rebanho 4.Endogamia 5. Variabilidade
genética I.Título

CDD.636.30821

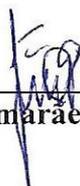
**CONTRIBUIÇÃO GENÉTICA ÓTIMA E SELEÇÃO DE ACASALAMENTOS
EM OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO EVOLUÇÃO DIFERENCIAL**

NATANAEL PEREIRA DA SILVA SANTOS

Tese apresentada em Teresina (PI), no dia 03 de Março de 2015 à Banca Examinadora:



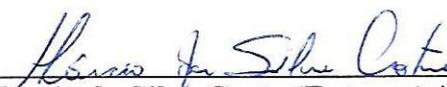
Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmento (Presidente) / DZO/CCA/UFPI



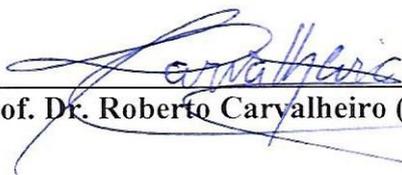
Prof. Dr. José Elivalto Guimarães Campelo (Interno) / DZO/CCA/UFPI



Prof. Dr. Fábio Barros Britto (Interno) / CCN/UFPI



Prof. Dr. Marcio da Silva Costa (Externo) / NENHUMA



Prof. Dr. Roberto Caryalheiro (Externo) / UNESP

*Aos meus pais, **Luíza do Rosário dos Santos Silva** e
Pedro Pereira da Silva pelo incentivo, oportunidade e
amor.*

*À minha irmã **Nathania Santos** pelo afeto, respeito e
amor.*

*À minha esposa **Lisieux Carvalho**
pelo companheirismo, incentivo e
amor.*

(Dedico e Ofereço)

AGRADECIMENTOS

À Deus, fonte de toda inspiração e sabedoria.

À Universidade Federal do Piauí e ao Centro de Ciências Agrárias, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, pela oportunidade de conclusão de mais uma etapa da minha vida acadêmica.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de estudo.

Ao Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento pela confiança, ensinamentos, paciência, amizade e orientações.

Ao Prof. Dr. José Elivalto Guimarães Campelo pelas contribuições, amizade e orientações no decorrer da minha vida acadêmica.

Ao Prof. Dr. Roberto Carneiro pela receptividade, ensinamentos e contribuições valiosas para o desenvolvimento desta pesquisa.

Ao Prof. Dr. Fábio Barros Brito e ao Dr. Márcio da Silva Costa pelas preciosas contribuições.

À Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e ao Prof. Dr. Wandrick Hauss de Sousa pela concessão dos dados.

Aos amigos Prof. Samuel Souza e Prof. Alexandre Santos pelas suntuosas correções gramaticais da língua vernácula e traduções para língua estrangeira.

Aos amigos melhoristas Luiz Antônio Silva Figueiredo Filho, Aurino de Araújo Rego Neto, Daniel Biagiotti, Gleyson Vieira dos Santos, Luciano Silva Sena, Fabrício Fernandes Guimarães e todos os demais integrantes do Grupo de Estudos em Melhoramento Animal (GEMA) pelo prazer da convivência nas etapas boas e ruins desse trabalho.

A todos os meus familiares, avós, tios e primos que contribuíram muito com palavras de incentivo e foram importantes para a concretização deste trabalho.

A todos os amigos (em especial: Marco Antônio, Fábio Benigno, Luiz Benigno Filho, Juarez Júnior e Danilo Guerreiro) que de alguma forma contribuíram, com uma palavra, gesto, apoio ou simplesmente por estarem presentes nos momentos de dificuldades.

*Ressalto que é preciso inspiração para redigir um texto de agradecimento em qualquer ocasião; porém, em se tratando de uma Tese, existe a responsabilidade de não omitir aqueles que sempre estiveram presentes nesta árdua jornada. Todavia, dada a circunstância do cansaço exaustivo para conclusão desse trabalho, tenha-me esquecido de nomear algum colaborador, com certeza não será por falta de reconhecimento e gratidão. Por isso, deixo a todos vocês o meu **MUITO OBRIGADO**.*

*Ninguém comete erro maior do que não fazer
nada porque só pode fazer pouco.*
(Edmund Burke)

Não contavam com minha astúcia.
(Roberto Gómez Bolaños)

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

A_lgt	Média aritmética de laços genético totais
ACO	Algoritmo Colônia de Formigas
AS	Recozimento Simulado
BLUP	Melhor Preditor Linear Não-Viesado
c'Ac	Coancestria média dos animais em reprodução
c'EBV	Média do mérito genético predito dos pais selecionados
CCA	Centro de Ciências Agrárias
CR	Taxa de Recombinação
DE	Evolução Diferencial
DEP	Diferença Esperada da Progênie
DZO	Departamento de Zootecnia
EBV	Valor Genético Esperado
F	Fator de Mutação
GA	Algoritmo Genético
GC	Grupo de Contemporâneo
H_lgt	Média harmônica dos laços genético totais
LGT	Laços Genéticos Totais
M_lgt	Número mínimo de laços genéticos totais dos grupos contemporâneos
N_disc	Número de grupos de contemporâneos desconectados
OF	Função Objetivo
PEC	Covariância do Erro de Predição
PEV	Variância do Erro de Predição
PEVD	Diferença das Variâncias do Erro de Predição
TS	Busca Tabu
UFPI	Universidade Federal do Piauí
<i>Conect</i>	Conectabilidade
<i>F_prog</i>	Endogamia média da futura progênie
<i>varEBV</i>	Variabilidade genética da futura progênie
λ	Multiplicador de LaGrange (Ponderador)

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1	- Ilustração da definição aleatória de quatro grupos de contemporâneos (GC) pela relação dos genitores (S – pai; D – mãe) de 10 animais	21
Figura 2	- Esquema para contagem do número de Laços Genéticos Totais (LGT) pela relação de parentesco (S – pai; D – mãe) dos animais formadores do grupo de contemporâneos (GC)	21
Figura 3	- Métodos de programação não-linear para otimização	31
Figura 4	- Representação gráfica de vetores para busca da solução ótima	32
Figura 5	- Ilustração da <i>população inicial</i> gerada de forma aleatória no algoritmo de Evolução Diferencial	34
Figura 6	- Esquema para obtenção do vetor doador com uso do fator de <i>mutação</i> igual a 1 no algoritmo de Evolução Diferencial	35
Figura 7	- Exemplo bidimensional do processo para geração do vetor doador $V^{(q+1)}$ no algoritmo de Evolução Diferencial	36
Figura 8	- Ilustração para obtenção do <i>indivíduo desafiador</i> com uso da <i>recombinação</i> em função do <i>indivíduo desafiado</i> no algoritmo de Evolução Diferencial	37
Figura 9	- Fluxograma do processo iterativo da Evolução Diferencial	39
Figura 10	- Relação esquemática entre endogamia ou coancestria na próxima geração e resposta à seleção	40
Figura 11	- Relação esquemática da resposta à seleção em longos prazos em duas situações de Seleção de Acasalamentos	41
Figura 12	- Ilustração do implemento da Seleção de Acasalamento	41
Figura 13	- Índice genético em função da endogamia média predita, em longo prazo, para 13 conjuntos de estratégias de Seleção de Acasalamentos	43

CAPÍTULO I

Figura 1	- Comportamento da Função Objetivo maximizada (max_OF) relacionando o ganho genético ($c'EBV$) a diferentes níveis de restrição de coancestria ($c'Ac$) usando algoritmo de Evolução Diferencial em ovinos Santa Inês	60
Figura 2	- Comportamento do número de animais selecionados (N_{sire}) relacionado ao ganho genético ($c'EBV$) com diferentes níveis de restrição de coancestria ($c'Ac$) usando algoritmo de Evolução Diferencial em ovinos Santa Inês	61

LISTA DE QUADROS E TABELAS

Quadro 1 - Funções para gerar o vetor doador na Evolução Diferencial.....	36
Quadro 2 - Esquema da Seleção de Acasalamentos	42

CAPÍTULO I

Tabela 1 - Resultado de diferentes Estratégias de seleção pela Contribuição Genética Ótima usando Evolução Diferencial em ovinos da raça Santa Inês	59
Tabela 2 - Diferenças, em termos de ganho genético e endogamia em longo prazo, considerando Estratégias de seleção pela Contribuição Genética Ótima em ovinos Santa Inês.....	63

CAPÍTULO II

Quadro 1 - Esquema de ponderação e restrições para cinco Funções Objetivo	75
Tabela 1 - Otimização dos componentes da Função Objetivo (<i>OF_1</i>) em relação aos ponderadores adotados para a conectabilidade dos rebanhos de ovinos Santa Inês	77
Tabela 2 - Otimização dos componentes da Função Objetivo (<i>OF_2</i>) em relação aos ponderadores adotados para a variabilidade genética da progênie de ovinos Santa Inês	80
Tabela 3 - Otimização dos componentes da Função Objetivo (<i>OF_3</i>) em relação aos ponderadores adotados para a endogamia da progênie de ovinos Santa Inês.....	82
Tabela 4 - Otimização dos componentes da Função Objetivo (<i>OF_4</i>) em relação aos ponderadores adotados para a coancestria em ovinos Santa Inês	84
Tabela 5 - Intensidade de uso dos ovinos macho Santa Inês selecionados para acasalamento em relação às Funções Objetivo (<i>OF</i>) adotadas	86

SANTOS, Natanael Pereira da Silva. **Contribuição Genética Ótima e Seleção de Acasalamentos em ovinos Santa Inês utilizando Evolução Diferencial**. 2015. 94f. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2015.

RESUMO

O controle das etapas do processo reprodutivo mostra-se importante para a eficiência da cadeia produtiva da ovinocultura, principalmente quando desenvolvidas simultaneamente. Isso significa que em vez de se considerar a seleção dos animais como um primeiro passo e decidir sobre a alocação de companheiro como uma segunda etapa, ambas as atividades devem ser acomodados na Seleção de Acasalamentos. Esta pesquisa investigou a aplicação da Contribuição Genética Ótima e da Seleção de Acasalamentos com diferentes componentes da Função Objetivo, como estratégia de ganho genético na seleção de ovinos Santa Inês. Um algoritmo de Evolução Diferencial foi implementado para otimização combinatória. As análises foram realizadas com auxílio dos *softwares* DEforOC e DEforMS, para definições da Contribuição Genética Ótima e Seleção de Acasalamentos, respectivamente. No Capítulo I, objetivou-se avaliar diferentes Estratégias de seleção pela Contribuição Genética Ótima, em termos de ganho genético com restrição sobre a coancestria, para característica de desempenho ponderal. Observou-se que a seleção de ovinos pela Contribuição Genética Ótima oferece diferentes níveis de ganho genético atingível a partir de restrições sobre a coancestria, contribuindo para sua redução a níveis controláveis nos rebanhos. Além disso, é possível minimizar a coancestria, ou restringi-la em um valor pré-definido e maximizar o ganho genético simultaneamente com o uso da Contribuição Genética Ótima. Com o desenvolvimento do Capítulo II, objetivou-se investigar os efeitos da otimização de cinco componentes em uma Função para Seleção de Acasalamentos comparando a diferentes situações ideais, otimizadas individualmente. A solução ótima também foi obtida no sentido global. A Função Objetivo que considera somente a otimização da coancestria para Seleção de Acasalamentos não proporcionou incrementos na conectabilidade dos rebanhos. A adoção da Seleção de Acasalamentos exerce impacto sobre os valores genéticos, coancestria, endogamia da futura progênie, variação na progênie e conectabilidade entre os rebanhos, devendo estes componentes serem considerados na análise. Destaca-se que a Seleção de Acasalamentos pode ser utilizada para seleção de reprodutores ovinos Santa Inês e oferece diferentes cenários do ganho genético a partir de restrições de interesse nos componentes da Função Objetivo. Contudo, foi constatada

a eficiência do uso dos métodos de Contribuição Genética Ótima e Seleção de Acasalamentos para garantir ganho genético com controle da endogamia nos rebanhos avaliados.

Palavras-chave: algoritmo evolucionário, coancestria, conectabilidade, endogamia, variabilidade genética

SANTOS, Natanael Pereira da Silva. **Optimum Contribution and Mate Selection in Santa Inês sheep using Differential Evolution**. 2015. 94f. Thesis (PhD in Animal Science) - Federal University of Piauí, Teresina, 2015.

ABSTRACT

The control of the phases of the reproduction process is shown to be important for efficient chain production of sheep breeding, especially when performed simultaneously. This means that instead of considering the selection of animals as a first step and decide on the allocation mate as a second step, two situations must be accommodated in the Mate Selection. This research investigated the application of Optimum Contribution and Mate Selection with different components of the Objective Function as genetic gain strategy in the selection of Santa Ines sheep. A Differential Evolution Algorithm was implemented to combinatorial optimization. Analyses were performed using the DEforOC and DEforMS softwares, settings for Optimum Contribution and Mate Selection, respectively. In Chapter I, we aimed to evaluate different selection strategies for Optimum Contribution in terms of genetic gain with restriction coancestry for performance characteristic. It was observed that the selection of sheep by Optimum Contribution offers different levels of genetic gain reached from restrictions on coancestry, contributing to reduce it to acceptable levels in herds. In addition, it can minimize the coancestry, or limited to a predefined value and maximize genetic gain while using the Optimum Contribution. With the development of Chapter II aimed to investigate the effects of five components optimization on a function for Mate Selection comparing different ideal situations, optimized individually. The optimal solution was obtained in the global sense. The Objective Function that considers only the optimization of coancestry for Mate Selection did not provide increases in connectedness herds. The adoption of Mate Selection impacts on genetic values, coancestry, inbreeding of future offspring, variation in progeny and connectedness among the flocks, and these components are considered in the analysis. It is noteworthy that the Mate Selection can be used for selecting breeding Santa Ines sheep and offers different scenarios of genetic gain from restrictions of interest in the components of Objective Function. However, the efficiency of the use of the methods of Optimum Contribution and Mate Selection was verified to ensure genetic gain with control of inbreeding in the evaluated herd.

Keywords: coancestry, connectedness, evolutionary algorithm, genetic variability, inbreeding

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	14
2 REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1 Melhoramento genético de ovinos Santa Inês	17
2.2 Conectabilidade de rebanhos	18
2.3 Variabilidade genética da progênie	22
2.4 Efeitos da endogamia	23
2.5 Contribuição Genética Ótima	26
2.6 Otimização da Função Objetivo	30
2.7 Algoritmo de Evolução Diferencial	33
2.8 Seleção de Acasalamentos	40
2.9 Softwares para Contribuição Genética Ótima e Seleção de Acasalamento	43
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	45
4 CAPÍTULO I	51

Contribuição Genética Ótima aplicada na seleção de ovinos Santa Inês

Resumo	52
Abstract	53
Introdução	54
Material e Métodos	56
Resultados e Discussão	59
Conclusões	65
Agradecimentos	65
Referências Bibliográficas	66
5 CAPÍTULO II	68

Seleção de Acasalamentos em ovinos Santa Inês

Resumo	69
Abstract	70
Introdução	71
Material e Métodos	73

Resultados e Discussão.....	77
Conclusões.....	89
Agradecimentos.....	89
Referências Bibliográficas.....	90
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	93

1 INTRODUÇÃO GERAL

A ovinocultura ainda não recebeu a devida atenção no que concerne a programas de melhoramento genético específicos. No Brasil, as primeiras avaliações genéticas de ovinos foram realizadas na década de 70 pelo Programa de Melhoramento Genético dos Ovinos (PROMOVI) visando melhorias na produtividade e qualidade da lã. Esse programa avaliou mais de 30 mil reprodutores em propriedades do Rio Grande do Sul, alcançando apenas abrangência regional e desde 1995 não possui atividade (MORAIS, 2001). Com a redução dos rebanhos na região Sul, no final da década de 90, a região Nordeste do Brasil passou a deter o maior efetivo de ovinos do País.

Os rebanhos ovinos da região Nordeste são formados, na sua maioria, por animais deslançados sem raça definida, sendo o fenótipo Santa Inês predominante, os quais são reconhecidos pela boa adaptação às adversidades edafoclimáticas do semiárido.

Aliado a fatos que proporcionaram um cenário favorável para o desenvolvimento da ovinocultura, impulsionado pela demanda de mercado por carne de ovinos, programas de melhoramento genético foram desenvolvidos para raças específicas. Entretanto, historicamente, programas de melhoramento genético de ovinos são considerados pouco efetivos, possivelmente por entraves como a pouca participação dos criadores, ausência de realização de registros zootécnicos e mecanismos que exerçam controle dos processos envolvidos na reprodução. A não existência destes entraves, permitiria visualizar o sistema de produção por uma perspectiva ampla ao realizar o monitoramento da atividade. Assim, a geração de informações proporcionariam decisões seguras e inteligentes.

As decisões direcionadas à seleção dos melhores animais, para resolver questões ligadas ao melhoramento genético, exigem diversas regras que são derivadas de teorias e conceitos generalizados e, normalmente, não são integradas umas às outras, excluindo o que seria, provavelmente, a melhor estratégia de ação por parte do produtor. Diante disso, ganhos genéticos, endogamia, conectabilidade, restrições logísticas, sistema de acasalamento e custos operacionais precisariam ser ponderados quanto à tomada de decisão para se obter progresso nos rebanhos avaliados. Com isso, vislumbra-se condições propícias à estruturação da cadeia produtiva.

Como existe ampla variedade de estratégias a se usar para obter o melhoramento genético do rebanho, tomar decisões dentro de um sistema de produção, relacionadas à seleção e ao direcionamento dos acasalamentos, tem se tornado cada vez mais complexas, uma vez que podem beneficiar a conexão entre rebanhos, o que pode aumentar o fluxo de genes, evitar a

endogamia e ser usada para acasalamentos corretivos. Para contornar esse problema, uma alternativa viável seria definir uma função que combine questões ligadas a seleção e acasalamentos para maximizar o ganho genético do rebanho.

Uma metodologia adequada para seleção de animais superiores deve ser capaz de encontrar a combinação da contribuição dos pais disponíveis para minimizar o parentesco médio esperado para a próxima geração. Meuwissen (1997) afirmou que a melhor solução pode ser expressa em termos de Contribuições Genéticas Ótimas de candidatos à seleção para a próxima geração (*Optimum Contribution*), que é equivalente ao número de descendentes por candidato. Além disso, como a seleção dos melhores animais depende do padrão de direcionamento dos acasalamentos, e vice-versa, melhores decisões podem ser tomadas simultaneamente adotando a Seleção de Acasalamentos (*Mate Selection*), que indicará aqueles indivíduos que produzirão os melhores resultados se acasalados.

Obter a “solução ótima” dentre um número finito ou infinito contável de soluções possíveis, que atenda a objetivos específico ou múltiplo em tempo computacional aceitável, tem sido corriqueiro na análise de otimização combinatória. Para contornar essas dificuldades, tem-se defendido a abordagem da solução usando o algoritmo de Evolução Diferencial (*Differential Evolution*) (STORN; PRICE, 1997). Este algoritmo de busca otimizada apresenta boa capacidade de convergência para regiões próximas do ótimo global, muitas vezes encontrando a solução ótima para o problema (MAYER et al., 2005). Dessa forma, vê-se oportuno a realização das avaliações da Contribuição Genética Ótima e Seleção de Acasalamentos usando o algoritmo de Evolução Diferencial.

O fenômeno da convergência de tecnologias deixa explícita a importância dos *softwares* frente à manipulação da enorme quantidade de dados oriundos de vários tipos de integrações na busca de melhores respostas. Diante dessa possibilidade, a função adotada para Seleção de Acasalamentos deverá controlar a intensidade do uso dos animais, maximizar os ganhos genéticos e garantir uma produção harmônica e uniforme nas próximas gerações dos rebanhos avaliados. Isso, pode ocasionar ganhos aditivos que proporcionam resultados cumulativos nas gerações subsequentes.

Antevendo a necessidade do mercado por maiores investimentos que contribuam com conhecimentos essenciais sobre a Contribuição Genética Ótima e a Seleção de Acasalamentos de ovinos, esta pesquisa justifica-se por se tratar de um setor pouco explorado e, portanto, contar com uma competitividade menos acirrada na abordagem da temática que expõe o desenvolvimento e utilização de ferramentas de otimização para o melhoramento genético animal. Além disso, vale ressaltar que não foram observados relatos na literatura de funções

para otimização da Seleção de Acasalamentos em ovinos que contemplem os componentes de conectabilidade de rebanhos e variabilidade genética da progênie.

Esta pesquisa propõe investigar a aplicação da Contribuição Genética Ótima e da Seleção de Acasalamentos com diferentes componentes na Função Objetivo, como estratégia de ganho genético na seleção de ovinos Santa Inês. A pesquisa está estruturada conforme a Resolução 001/03 CCMCA que estabelece as normas para elaboração e apresentação de Tese do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí e os Capítulos I e II seguem normas de revista indexada da área, onde serão submetidos à análise para posterior publicação.

O estudo foi segmentado a fim de melhorar a acomodação dos diferentes tópicos. Inicialmente, tem-se a revisão de literatura que engloba os temas abordados nos Capítulos, aos quais servirá de referencial teórico, bem como as respectivas Referências Bibliográficas utilizadas. Segue com o Capítulo I, o qual trata sobre a Contribuição Genética Ótima para seleção dos reprodutores. O Capítulo II versa sobre a compreensão da Seleção de Acasalamentos, em ovinos Santa Inês, otimizada por um algoritmo de Evolução Diferencial. A finalização desta pesquisa é alcançada com as Considerações Finais.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Melhoramento genético de ovinos Santa Inês

No Brasil o interesse e a importância da ovinocultura de corte vêm aumentando nos últimos anos, desde a crise da lã na década de 1990. Com isso, a carne tornou-se o principal produto e a elevação dos preços pagos pela carne, aos produtores, fez a atividade se tornar atrativa e rentável (VIANA, 2008).

A escolha da raça que melhor se adapte às condições de criação é fundamental para o sucesso da produção, sendo a raça Santa Inês uma das mais expressivas no território nacional. A raça Santa Inês teve sua origem no Nordeste possivelmente pelo cruzamento aleatório de raças africanas, europeias e nacionais, seguido de seleção por parte dos criadores (CARNEIRO et al., 2006). Porém, o potencial de exploração da referida raça para corte, nas regiões com características semiáridas, ainda é pouco conhecido e uma das razões é o reduzido controle zootécnico dos rebanhos.

Sabe-se que a manutenção da diversidade genética é fundamental para a sobrevivência das populações e, no caso dos programas de melhoramento genético, possibilita a seleção. Assim, quanto maior a diversidade, mais fácil e rápida será a chance de se obter indivíduos adaptados aos diversos sistemas de produção e ambientes (DOSSA et al., 2007).

Infelizmente, em quase duas décadas de crescimento populacional, desde a origem da raça Santa Inês, pouca importância foi dada ao melhoramento genético das características de produção e reprodução, estando o melhoramento genético desta raça associado à tenacidade de poucos pesquisadores e criadores.

Os criadores despertaram o interesse pela raça em função do porte, da velocidade de crescimento e da alta adaptabilidade aos trópicos. Contudo, a desorganização da cadeia produtiva da raça, com falhas na comercialização e no direcionamento da criação, impede o progresso da atividade. Assim, a maioria dos criadores têm direcionado sua produção pensando apenas em exposições e leilões, ou seja, compra de animais campeões para venda de seus filhos, e isso tem gerado a retroalimentação.

O processo de retroalimentação, descrito por Moraes (2001), gera pouco ou nenhum progresso genético, uma vez que os criadores fazem pouca ou nenhuma seleção. A seleção que é realizada na raça Santa Inês parece não obedecer a lógica de buscar nos rebanhos de elite aquilo que os rebanhos comerciais necessitam. Pelo contrário, busca-se, mais que tudo,

aumentar o peso adulto desses animais, e selecionam-se os que ganham mais peso em confinamento, sob regime de superalimentação.

Ressalta-se que a seleção nos ovinos Santa Inês também é praticada apenas com o intuito de padronizar a raça, considerando na maioria das vezes apenas o exterior (fenótipo), o que pode provocar com o passar do tempo, a substituição da raça Santa Inês por raças exóticas mais produtivas, ou da moda, ou a utilização das raças exóticas em esquemas de cruzamento absorvente para obter mestiços mais produtivos (REGO NETO et al., 2014).

Com a prática das atitudes supramencionadas, os criadores estão transformando o Santa Inês em uma raça cada vez mais exigente, sem, contudo, obter os resultados alcançados com as raças terminadoras já estabelecidas. Diante disso, observa-se que a chave para a solução dos problemas se encontra no melhoramento genético praticado de maneira correta e eficiente.

Algumas ações destacam-se na tentativa de mudar a situação do melhoramento genético de ovinos no Brasil, como o Programa de Melhoramento Genético de Ovinos da Raça Santa Inês (PROMOSI) da EMEPA, inserido dentro do projeto Melhoramento Genético da Raça Santa Inês para Produção de Carne da Embrapa Caprinos; o Programa de Melhoramento Genético da Raça Santa Inês desenvolvido em parceria entre a Associação Sergipana de Criadores de Caprinos e Ovinos e o Grupo de Melhoramento Animal da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP; e o Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC) da Embrapa Caprinos (LÔBO; LÔBO, 2007; SOUSA et al., 2008).

2.2 Conectabilidade de rebanhos

A seleção dos animais para a reprodução é um processo comparativo, onde somente aqueles com características desejáveis são mantidos.

A metodologia geralmente utilizada nas avaliações genéticas dos programas de melhoramento genético, para seleção, tem por base os procedimentos BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Dentre as principais qualidades desta metodologia está a possibilidade de comparar os EBVs¹ (*Expected Breeding Values*) de animais criados em diferentes ambientes

¹ As avaliações genéticas são expressas de formas diferentes, dependendo da espécie e do País de origem. Para padronização nesta Tese será adotado o termo EBV que por definição, é o valor genético aditivo esperado (*Expected Breeding Value - EBV*) de um animal, ou seja, o valor que ele teria como reprodutor ou ainda, é igual a duas vezes a diferença que seus descendentes têm em relação aos descendentes de outros reprodutores (DEP – Diferença Esperada da Progenie).

(Grupos de Contemporâneos - GCs), tanto dentro quanto entre rebanhos. Entre os fatores que afetam a acurácia destas avaliações, a conectabilidade, que é uma medida quantitativa de conexões genéticas entre GCs, tem sido citada em diferentes pesquisas (ROSO et al., 2004; CARVALHEIRO et al., 2010a; DUITAMA et al., 2014). Logo, o problema consiste em comparar EBVs de animais avaliados em GCs diferentes.

$$EBV_{i,1} - EBV_{j,2} \quad [1]$$

Para comparação entre GCs, é necessário que exista algum tipo de ligação entre eles, estabelecida pelos genitores de cada grupo, dado pelo parentesco aditivo entre os animais. Sem algum grau de ligação genética, a estimativa das diferenças de valores genéticos no rebanho podem ser menos precisas ao serem comparadas àquelas com bom grau de ligação (KUEHN et al., 2008, 2009). Assim, a falta de conectabilidade entre GCs (desconexão) pode resultar em comparações inadequadas e, conseqüentemente, comprometer a escolha correta dos animais geneticamente superiores.

A conectabilidade entre GCs pode ser importante para a qualidade das estimativas, porque permite que animais de diferentes grupos possam ser comparados (KUEHN et al., 2007; DUITAMA et al., 2014), o que aumenta a acurácia da predição e da comparação dos valores genéticos.

Vale destacar que a importância da conectabilidade parece ser maior nas avaliações genéticas de animais com número reduzido de informações de parentes descendentes ou colaterais e para características de baixa herdabilidade (CARNEIRO et al., 2001a,b). Porém, o nível de conectabilidade não afeta estatisticamente a predição dos valores genéticos, pois EBVs são gerados indistintamente para todos os animais (conectados ou não). Entretanto, existe uma tendência de maior correlação, entre os valores genéticos verdadeiros e preditos, quando a conectabilidade aumenta (DUITAMA et al., 2014), o que pode afetar a qualidade das estimativas nas avaliações genéticas (FOUILLoux et al., 2008).

Segundo Fouilloux et al. (2008), a conectabilidade pode ser medida por vários índices. Quando o modelo animal é utilizado, a medida mais apropriada de conectabilidade é a PEVD, definida como a variância do erro de predição da diferença entre as estimativas de valor genético de animais testados em diferentes GCs (KENNEDY; TRUS, 1993).

$$PEVD_{ij} = Var(\hat{a}_i - \hat{a}_j) \quad [2]$$

$$PEVD_{ij} = var(\hat{a}_i) + var(\hat{a}_j) - 2cov(\hat{a}_i, \hat{a}_j) \quad [3]$$

A PEVD representa a diferença entre a soma das variâncias do erro de predição (PEV) de EBVs de dois animais de grupos distintos e a covariância do erro de predição (PEC). A PEC aumenta para pares de animais conectados. Assim, quando os laços de ligação entre os pares de animais não existir, a PEC tem valor igual a zero e a sua PEV será independente (ROSO et al., 2004).

Infelizmente a maioria dos *softwares* disponíveis para avaliação genética não indicam quando existem GCs desconectados ou fracamente conectados. Assim, EBVs são geradas indistintamente para todos os animais (conectados ou não) impondo-se a restrição de que os EBVs dos animais pertencentes a grupos desconectados somem a zero dentro de grupo. Isso faz com que problemas sérios de conectabilidade passem despercebidos e induzam a comparações inadequadas entre os animais em muitos programas de melhoramento genético.

O cálculo da PEVD é computacionalmente muito exigente, o que não torna viável a sua aplicação rotineira nas avaliações genéticas. Diante disso, Fries (1998) propôs como método para avaliar a conectabilidade o número de Laços Genéticos Totais entre GCs (LGT). O método faz a contagem dos laços genéticos diretos existentes entre GCs, por meio de machos e fêmeas com progênie nesses grupos. Assim, existe um laço genético entre um grupo de contemporâneos e outro quando houver um macho (ou fêmea com vários filhos em diferentes grupos de contemporâneos) com pelo menos uma progênie controlada em cada um desses grupos.

Para ilustrar o método LGT, considere 4 grupos de contemporâneos distintos (GC_1, GC_2, GC_3 e GC_4), formados com 10 indivíduos (A_1, A_2, \dots, A_{10}), oriundos do acasalamento de três machos (S_1, S_2 e S_3) com seis fêmeas (D_1, D_2, \dots, D_6). Após o agrupamento (Figura 1), são efetuadas as contagens de laços genético existentes entre todas as combinações de indivíduos nos diferentes grupos (Figura 2). Dessa forma, podemos informar que o grupo de contemporâneos 1 (GC_1) que apresenta 3 animais, possui 11 Laços Genéticos Totais. O grupo de contemporâneos 2 (GC_2) que também possui 3 animais, apresenta apenas 10 LGT. Já os grupos de contemporâneos 3 e 4 (GC_3 e GC_4) apresenta 3 animais, porém, possuem 3 e 6 LGT, respectivamente.

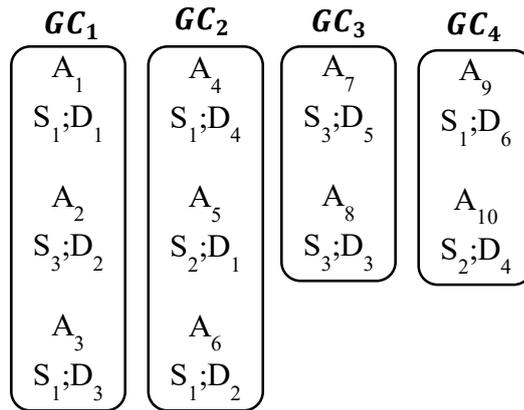


Figura 1 - Ilustração da definição aleatória de quatro grupos de contemporâneos (GC) pela relação dos genitores (S – pai; D – mãe) de 10 animais.

	S ₁	S ₂	S ₃	D ₁	D ₂	D ₃	D ₄	D ₅	D ₆	LG	
GC ₁ ; GC ₂	4			1	1					6	} $LGT_{G1} = 11$
GC ₁ ; GC ₃			2			1				3	
GC ₁ ; GC ₄	2									2	
GC ₂ ; GC ₁	4			1	1					6	} $LGT_{G2} = 10$
GC ₂ ; GC ₃										0	
GC ₂ ; GC ₄	2	1					1			4	
GC ₃ ; GC ₁			2			1				3	} $LGT_{G3} = 3$
GC ₃ ; GC ₂										0	
GC ₃ ; GC ₄										0	
GC ₄ ; GC ₁	2									2	} $LGT_{G4} = 6$
GC ₄ ; GC ₂	2	1					1			4	
GC ₄ ; GC ₃										0	

Figura 2 – Esquema para contagem do número de Laços Genéticos Totais (LGT) pela relação de parentesco (S – pai; D – mãe) dos animais formadores do grupo de contemporâneos (GC).

O método LGT, além de ser computacionalmente menos exigente e discriminar os GCs completamente desconectados dos grupos conectados, pode ser utilizado para prever com maior acurácia a PEVD (ROSO et al., 2004). Assim, o método LGT é uma boa alternativa para ser usado rotineiramente na avaliação do grau de conectabilidade entre GCs com o objetivo de

aumentar a acurácia na comparação dos EBVs de animais em diferentes GCs e, com isso, permitir o efetivo uso da variabilidade genética existente na população (ROSO; SCHENKEL, 2006).

2.3 Variabilidade genética da progênie

As metodologias de predição de valores genéticos e seleção têm sido eficientes em incrementar o desempenho produtivo médio dos rebanhos. Porém, nos ovinos Santa Inês tem sido praticada a seleção com considerável ênfase no peso vivo, o que tem levado a incrementos nas taxas de crescimento e pesos em quase todas as idades. Essa prática seria indesejável para a maioria das espécies de interesse econômico, dado o impacto negativo no desempenho reprodutivo e no custo de manutenção de matrizes (CARVALHEIRO; PIMENTEL, 2004). Diante desse entrave, em muitas situações, há necessidade de aumentar a proporção de animais com desempenho dentro de um intervalo ótimo em termos econômicos e/ou funcionais (aumento da uniformidade) e não apenas o incremento do desempenho médio dos animais.

O potencial de algumas estratégias de acasalamento e de seleção para diminuir a variabilidade em animais domésticos vêm sendo estudadas desde a década de 80 (HOHENBOKEN, 1985). Todavia, apenas o uso de seleção possibilitaria mudança permanente sobre a uniformidade de produção dos animais.

Dentre as diferentes maneiras para melhorar a utilização dos reprodutores em um sistema de seleção, uma delas seria por meio da formação de grupos de animais, tão próximos geneticamente quanto possível, e da determinação e seleção de seus acasalamentos com as fêmeas disponíveis no rebanho. Esta estratégia poderia induzir a produção mais concentrada de animais superiores e uniformes.

Considerando o efeito sobre a variabilidade na progênie, após uma única geração de acasalamento, parece haver uma dicotomia nas estratégias de acasalamento entre animais semelhantes (associativo positivo) e não semelhantes (associativo negativo).

O acasalamento associativo negativo é eficiente em reduzir a variabilidade dos índices esperados da progênie (variância próxima a zero) e seria indicado para situações de ótimo intermediário e/ou em que maior uniformidade fosse desejada. Essa estratégia, em muitos casos, já é usada empiricamente pelos criadores, que procuram combinar reprodutores com características diferentes e obtêm produtos mais uniformes entre si (NEVES et al., 2009).

O acasalamento associativo positivo aumenta a probabilidade de nascimento de animais com genótipos extremos superiores, o que, exceto para características com ótimo intermediário,

apresenta resultados de grande interesse aos programas de melhoramento genético, que buscam melhores oportunidades de comercialização de material genético e aceleração do progresso genético. Essa estratégia, contudo, também aumenta a probabilidade de produção de animais extremos inferiores e a variabilidade da progênie. Ou seja, pode aumentar a proporção de fêmeas geneticamente inferiores para reposição e reduzir a uniformidade entre os animais destinados ao abate (CARVALHEIRO et al., 2007; NEVES et al., 2009).

Destaca-se como uma possível consequência da busca por animais extremos, o aumento do número de acasalamentos endogâmicos e, conseqüentemente aumento do coeficiente médio de endogamia, o que levaria a respostas indesejáveis para estratégias de acasalamento associativo positivo em relação aos acasalamentos associativo negativo e ao acaso (QUINTON; SMITH, 1995). Vale ressaltar que, é possível controlar a endogamia ao direcionar os acasalamentos sem comprometer o mérito predito da progênie (KINGHORN, 2011) e, inclusive, a combinação de acasalamento associativo positivo com restrição sobre endogamia poderia proporcionar progresso genético (CARVALHEIRO et al., 2007).

2.4 Efeitos da endogamia

A variância genética diminui linearmente com o aumento da endogamia (FALCONER; MACKAY, 1996), conseqüentemente, a frequência de animais heterozigotos diminui, o que pode levar à depressão por endogamia. Este fenômeno provoca perda da variabilidade genética e diminui as possibilidades para seleção (DARIO; BUFANO, 2003).

O coeficiente de endogamia ou consanguinidade é definido como a probabilidade de dois alelos pertencentes a um indivíduo em qualquer *locus* serem idênticos por descendência. Este processo é resultante do acasalamento entre animais que apresentam algum grau de parentesco, de tal forma que, quanto maior o parentesco, maior a probabilidade de herança de genes idênticos e isso resulta na desestabilização da composição genética da população (BREDA et al., 2004), ocasionado pela redução do número de indivíduos heterozigotos, pela redistribuição da variabilidade genética e, conseqüentemente, pelo aumento das chances de aparecimento de genes deletérios. Assim, o coeficiente de endogamia é um indicador de variabilidade genética (FALCONER; MACKAY, 1996).

O conhecimento do parentesco entre os indivíduos que compõem uma população é usado para estimar o coeficiente de consanguinidade, porém, *pedigrees* incompletos ou com informações errôneas levam à subestimação ou superestimação deste coeficiente, pois as contribuições dos ancestrais desconhecidos não são contabilizadas ou são avaliadas de maneira

incorreta. Sendo assim, quanto mais confiável for a identificação dos animais no *pedigree*, mais precisas serão as avaliações referentes ao coeficiente de consanguinidade para essa população.

Populações submetidas a programas de melhoramento genético bem planejados precisam manter os níveis de consanguinidade controlados. Adán et al. (2007) ressaltam o controle dos acasalamentos nos rebanhos como responsável pela manutenção dos níveis de consanguinidade observados.

Em ovinos, os efeitos da endogamia sobre as características de interesse econômico costumam ser prejudiciais. Pedrosa et al. (2010) observaram redução de 3,4 gramas no peso ao nascer em animais da raça Santa Inês a cada 1% de aumento de endogamia. Selvaggi et al. (2010) relataram que a cada 1% de aumento da endogamia ocorre redução de 19 e 31 gramas no peso ao nascer e na desmama, respectivamente, em ovinos Laccese.

Barzak et al (2009) observaram que a cada acréscimo de 1% no coeficiente de endogamia a mudança do desempenho individual foi de -11,8 e -29,65 gramas para os pesos ao nascer e às quatro semanas de idade, respectivamente. Norberg e Sørensen (2007) observaram que a cada 10% de aumento da endogamia individual, o peso ao nascer dos cordeiros foi reduzido em 2,6%, 2,0% e 2,0% em relação à média para as raças Texel, Shropshire e Oxford, respectivamente.

Bijma e Woolliams (2000) e Bijma et al. (2001) descrevem que o desempenho em características de interesse econômico pode diminuir cerca de 1%, em média, a cada 1% de aumento do coeficiente de endogamia, enquanto as demais características podem decrescer menos de 1%. Porém, recomendam que o nível de endogamia não deve exceder a 1% a cada geração. Carvalheiro e Pimentel (2004) afirmaram que o incremento na endogamia não é acompanhado de maneira linear pela depressão endogâmica. Efeito quadrático da endogamia sobre pesos em diferentes idades foi constatado por Queiroz et al. (2000) e Santana Júnior et al. (2012).

Mesmo que o efeito depressivo de endogamia não cause redução importante na produção, o aumento intencional deve ser evitado, uma vez que, os efeitos negativos no animal são globais e cumulativos e as perdas econômicas podem resultar da diminuição da produção, por meio da redução do tempo de vida produtiva, causado por características ligadas à reprodução e sobrevivência (VASCONCELOS et al., 2005). Além disso, a redução no progresso genético, mesmo que pequena, quando se trata de características de importância econômica, é problema grave. Falconer e Mackay (1996) ressaltam que, quando o resultado da seleção é questão de ganho econômico, mesmo um pequeno incremento na resposta à seleção será de grande importância.

O equilíbrio ideal entre o ganho genético e a taxa de endogamia é uma das questões mais difíceis de serem avaliadas em programas de melhoramento genético. A seleção de indivíduos com melhor classificação irá reduzir a variabilidade genética e pode elevar o nível de depressão por endogamia, que, por sua vez, pode diminuir a resposta em longo prazo. Por outro lado, estratégias restritivas com reduzido número de indivíduos selecionados resulta em ganho genético inferior, especialmente durante as primeiras gerações de seleção.

Quinton et al. (1992) informam que nem o BLUP e nem a seleção sem restrições com base nos valores genéticos estimados (que também tem por base o BLUP) podem ser o ideal, ao se levar em consideração os efeitos colaterais da endogamia. Ou seja, estes métodos de seleção são adequados apenas para questões de curto prazo.

O desafio do melhoramento genético consiste no controle dos níveis de endogamia em longo prazo, pois em virtude do próprio mecanismo de seleção, a cada geração selecionada, a probabilidade de ocorrência de acasalamentos entre indivíduos com algum grau de parentesco aumenta. Diante disso, Wray e Thompson (1990) descreveram a relação entre as contribuições genéticas em longo prazo e a taxa assintótica de endogamia e esse trabalho foi estendido por Woolliams e Thompson (1994) para prever a resposta à seleção em termos de contribuições genéticas.

Posteriormente, um método para a obtenção de decisões de seleção ótima, maximizando o ganho genético enquanto restringe a taxa de endogamia em longo prazo (coancestria²), foi descrito por Meuwissen (1997). Desde então, grupos de pesquisadores (CABALLERO; TORO, 2000; AVENDAÑO et al., 2004; KINGHORN, 2011; CLARK et al., 2013) demonstraram, teoricamente e por estudos de simulação, que o método mais eficaz para manter a diversidade genética é encontrar as Contribuições Genéticas Ótimas dos pais para a próxima geração (*Optimum Contribution*).

O método da Contribuição Genética Ótima restringe a média da coancestria e otimiza a intensidade de utilização de cada animal para acasalamento na próxima geração (GIZAW et al., 2013). Quando o método foi testado por várias gerações, observou-se a capacidade de controlar os níveis de endogamia em curto e longo prazos. Além disso, quando os mesmos coeficientes de endogamia (0,1 e 0,2) foram impostos para o modelo de Contribuição Genética Ótima e o

² É uma medida de endogamia em longo prazo. Ou seja, é a probabilidade que dois alelos homólogos, amostrados aleatoriamente em dois indivíduos (x e y), sejam idênticos por descendência, isso é, sejam cópias de um mesmo alelo de um antecessor (LINDGREN et al., 1996). Nesta pesquisa a coancestria média entre os descendentes foi calculada usando a seguinte equação: $Coancestria = c'Ac$, descrita por Wray e Goddard (1994).

modelo BLUP, o modelo de Contribuições Genéticas Ótimas superou em 21% a 60% o ganho genético obtido com a utilização do BLUP (MEUWISSEN, 1997).

A seleção pelo método da Contribuição Genética Ótima tem sido aplicada em programas de melhoramento genético, por exemplo, em bovinos leiteiros da raça Holstein (KEARNEY et al., 2004; KOENIG; SIMIANER, 2006), em duas populações de ovinos (AVENDAÑO et al., 2003) e seleção no melhoramento genético de peixes (HINRICHS et al., 2006). Nesses estudos, o potencial de seleção pela Contribuição Genética Ótima para aumentar o ganho genético foi demonstrado.

2.5 Contribuição Genética Ótima

Considerando que apenas um pai e uma mãe não relacionados fossem selecionados a partir da população-base (G_0), produziriam descendência (G_1) de irmãos completos com um coeficiente de consanguinidade igual a zero. Quando os pais são selecionados a partir da geração (G_1) de irmãos completos, só irmãos completos podem ser selecionados como pais e a taxa de endogamia não pode ser inferior a 0,25. Isso mostra que uma restrição direta sobre a endogamia não pode efetivamente controlar a taxa de endogamia.

Segundo Meuwissen (1997), dentro de cada ciclo de seleção, o objetivo é maximizar o nível genético da próxima geração de animais (G_{t+1}). Assim:

$$G_{t+1} = c_t'EBV_t \quad [1]$$

em que: EBV_t é o vetor de soluções BLUP de valores genéticos estimados para os n candidatos a seleção na geração t ; e c_t é o vetor de contribuições genéticas dos candidatos à seleção para geração $t + 1$ (o sinal ' indica vetor transposto). Neste caso, o problema é encontrar um valor ótimo para c_t . Além disso, sabe-se que as contribuições genéticas de todos os machos somam $\frac{1}{2}$, e da mesma forma para todos os candidatos do sexo feminino, assim temos:

$$Q'c_t = \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 2 & 2 \end{pmatrix} \quad [2]$$

em que: Q é uma matriz ($n \times 2$) de incidência do sexo dos n candidatos à seleção (a primeira coluna gera “um” para macho e para a fêmea “zero”, e na segunda coluna gera “um” para fêmea e “zero” para macho); e $\frac{1}{2}$ é um vetor de metades de ordem 2. Ou seja, a resposta genética média

será maximizada sobre uma restrição da contribuição por sexo, assim, cada sexo irá contribuir com 50% dos genes para a próxima geração.

Para controlar o aumento futuro de endogamia, a teoria genética da Contribuição Genética Ótima restringe a coancestria média entre os animais selecionados para:

$$\bar{C}_{t+1} = \frac{c_t' A_t c_t}{2} \quad [3]$$

em que: A_t é a matriz de relações genéticas aditivas ($n \times n$) (matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco de Wright) entre candidatos à seleção na geração t , o que equivale a duas vezes a matriz de coeficientes de coancestria. Sabendo-se que a Função Objetivo [1] é linear, uma restrição em [3] é imposta para $\bar{C}_{t+1} \geq \frac{c_t' A_t c_t}{2}$, de tal forma que o ótimo estará sempre no limite do espaço $\bar{C}_{t+1} \geq \frac{c_t' A_t c_t}{2}$, que é abrangido por [3]. Dessa forma, quando a geração 0 for não endogâmica ($F_0 = 0$), pode-se definir \bar{C}_{t+1} igual a $\Delta F(t+1)$, em que ΔF é a taxa desejada de endogamia. Assim, \bar{C}_{t+1} será definido como $[1 - (1 - \Delta F)^{t+1}]$.

O ótimo c_{t+1} que maximiza G_{t+1} sob restrições em [2] e [3] é obtido por meio da introdução de multiplicadores de LaGrange no algoritmo, conforme abordagem descrita em Wray e Goddard (1994), para obtenção das contribuições ideais dos animais selecionados.

Ressalta-se que as técnicas de reprodução poderão limitar as contribuições de alguns candidatos (por exemplo, matrizes). Isso pode resultar em algumas contribuições fixas. Por exemplo, se a Contribuição Genética Ótima de um animal é superior ao seu máximo biológico, a contribuição deste deverá ser fixada como a contribuição máxima biológica. Além disso, pode ser que as matrizes sejam selecionadas com contribuições iguais e que as contribuições dos machos necessitem ser otimizadas. Assim, os candidatos a seleção serão divididos em classe (H), em que os candidatos a terem suas contribuições otimizadas serão chamados de candidatos classe 1 e os candidatos com contribuições fixas serão denominados classe 2.

Neste caso, visando maximizar a classe (H_t) para c_t , λ_0 e λ , adota-se:

$$H_t = c_t' E B V_t - \lambda_0 (c_t' A_t c_t - 2\bar{C}_{t+1}) - \left(c_t' Q - \frac{1'}{2} \right) \lambda \quad [4]$$

em que: λ_0 e λ são os multiplicadores de LaGrange (λ é um vetor de dois multiplicadores de LaGrange). Igualando a primeira derivada da H_t em relação a c_t , para zerar os ponderadores, gera:

$$EBV_t - 2\lambda_0 A_t c_t - Q\lambda = 0.$$

Resolvendo os ponderadores de c_t :

$$c_t = \frac{A_t^{-1}(EBV_t - Q\lambda)}{2\lambda_0} \quad [5]$$

A partir da restrição, $Q'c_t = \frac{1}{2}$, segue uma equação para λ :

$$Q'A_t^{-1}Q\lambda = Q'A_t^{-1}EBV_t - 1\lambda_0 \quad [6]$$

e a partir da restrição, $\frac{c_t' A_t c_t}{2} = \bar{C}_{t+1}$, segue:

$$8\bar{C}_{t+1}\lambda_0^2 = (EBV_t - Q\lambda)'A_t^{-1}(EBV_t - Q\lambda).$$

Resolvendo esta equação e a [6] para ponderadores de λ_0 :

$$\lambda_0^2 = \frac{EBV_t' [A_t^{-1} - A_t^{-1}Q(Q'A_t^{-1}Q)^{-1}Q'A_t^{-1}] EBV_t}{8\bar{C}_{t+1} - 1'(Q'A_t^{-1}Q)^{-1}1}. \quad [7]$$

Um valor negativo para o lado direito da equação [7] implica que a restrição $\frac{c_t' A_t c_t}{2} = \bar{C}_{t+1}$ não pode ser cumprida. A relação média mínima que pode ser alcançada é $\frac{1}{4}1'(Q'A_t^{-1}Q)^{-1}1$, que é obtida pela minimização de $c_t^{-1}A_t c_t$ sob a restrição $Q'c_t = \frac{1}{2}$.

O valor de λ_0 da equação [7] é utilizado em [6] para se obter λ . Agora a equação [5] produz o vetor c_t ótimo. Esse c_t pode conter valores negativos para alguns animais com baixo EBV. Os valores negativos de c_t são retringidos a zero, eliminando os animais do processo de otimização. A eliminação de animais com c_t negativo é repetida, até que todos os elementos do vetor c_t sejam positivos. O resultado será um vetor c_t ótimo dentro do espaço de soluções $c_t \geq 0$.

Como a Função Objetivo $c_t' EBV_t$ é linear, o $c_{t(max)}$ ótimo, está no limite do espaço da solução elipsóide $c_t' A_t c_t = 2\bar{C}_{t+1}$, com $c_{t(max)}' EBV_t = G_{max}$ e, digamos, $c_{t(max)} < 0$, em que $c_{ti(max)} = i^{th}$ elementos de $c_{t(max)}$. Ao diminuir o valor de $c_t' EBV_t$, de modo que $G_{sub} <$

G_{max} , o espaço solução para c_{ti} aumenta a partir do ponto $c_{ti(max)}$ para o pequeno intervalo de $c_{ti(max)} \pm \sigma$, porque os limites são a solução para a equação quadrática que resulta da substituição de $c'_t EBV_t = G_{sub}$ e todos os possíveis $c_{tij}, j \neq i$ em $c'_t A_t c_t = 2\bar{C}_{t+1}$. Quando G_{sub} diminui ainda mais, o tamanho do intervalo $c_{ti(max)} \pm \sigma$ aumenta e, quando $\sigma = c_{ti(max)}$, conterá 0, que é uma solução admissível para c_{ti} e ponderações mais elevadas G_{sub} . Uma vez que o ótimo $c_{ti} = 0$ é admissível, esta solução também pode ser obtida diretamente pela restrição de soluções c_{ti} negativas para zero.

Destaca-se que as Contribuições Genéticas Ótimas do pai podem ser alcançadas, na prática, quando cada pai pode inseminar o número requerido de mães. Se um número limitado de mães podem ser inseminadas por um único pai, uma restrição adicional pode ser aplicada para cada pai que exceda biologicamente a contribuição máxima (ou seja, $c_t \leq c_{max}$, em que: c_{max} é biologicamente a contribuição máxima de um pai). As contribuições dos pais que excedem c_{max} são igualados a c_{max} , e as contribuições remanescentes são otimizadas. Isso irá gerar os melhores resultados sob a restrição $c_t \leq c_{max}$, conforme argumentação análoga à restrição $c_t > 0$.

Alcançar as Contribuições Genéticas Ótimas das fêmeas exigirá altas taxas reprodutivas. Por exemplo, quando o número de pais selecionados excede o número de mães, a solução ideal requer o acasalamento de uma mãe com vários pais. Tal técnica reprodutiva feminina pode não está disponível para determinadas espécie e muitas vezes um número predefinido de mães é selecionado, n_d , com contribuições genéticas iguais por mãe. Nesta situação, pode-se simplesmente selecionar n_d , de progenitoras com as maiores contribuições ótimas.

Além disso, pode ser prático ou desejável ter o mesmo número de descendentes por pai selecionado e (ou) por mãe selecionada. Neste caso, as contribuições dos animais i com pequenas c_{mi} são fixados em zero até que os animais restantes (ou seja, os animais selecionados) cumpram a restrição $c'_t A_t c_t \leq 2\bar{C}_{t+1}$ quando suas contribuições forem definidas para valores iguais, em que: c_{mi} é a Contribuição Genética Ótima do animal i sem a restrição de igual contribuição. Por consequência da semelhança entre esta abordagem e a implementação da restrição $c_t > 0$, espera-se que esta solução seja próxima à ótima.

Maiores detalhes da descrição da teoria da Contribuição Genética Ótima e a derivação das equações para os multiplicadores LaGrange podem ser obtidas em Meuwissen (1997) e Wray e Goddard (1994), respectivamente.

2.6 Otimização da Função Objetivo

A Função Objetivo (*OF*) é uma função das variáveis de decisão e define o problema de otimização como uma tarefa de minimização ou maximização, visando encontrar os melhores valores para estas variáveis.

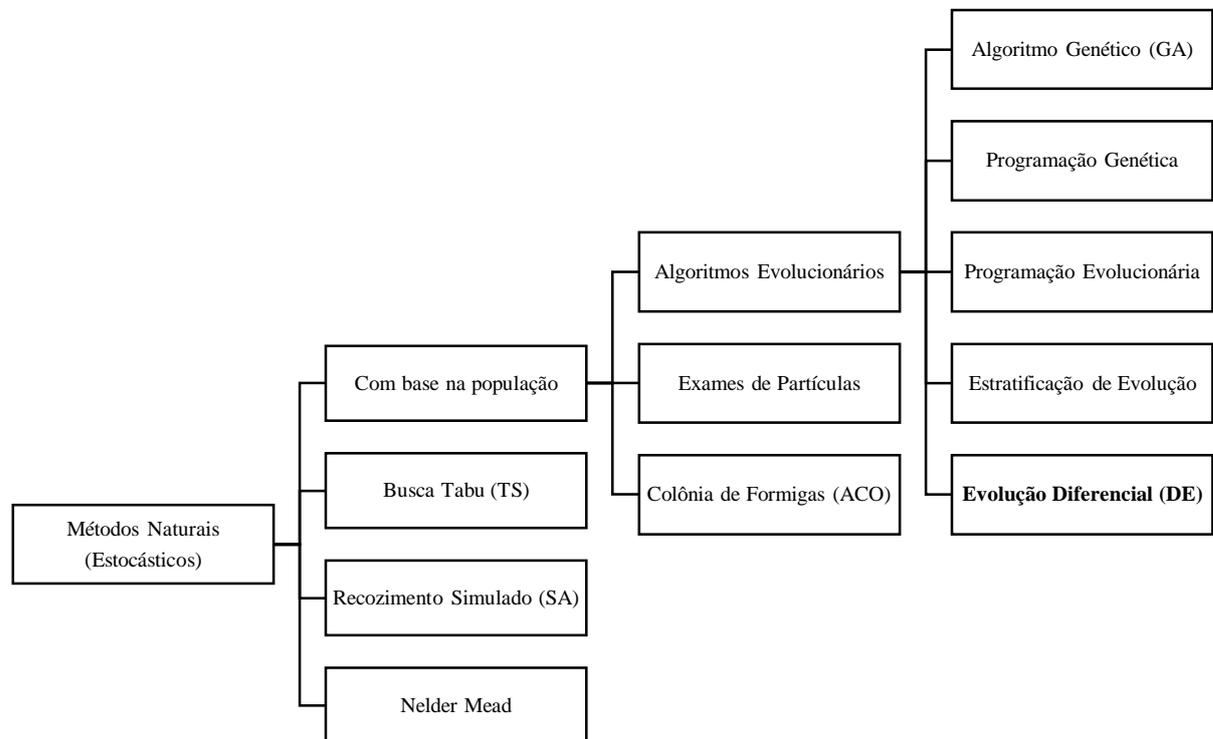
Os possíveis valores para os componentes de decisão, por conseguinte, podem ainda ser delimitados por um conjunto de restrições impostas (λ) sobre os componentes, formando assim um conjunto de soluções factíveis de determinado problema. Dessa forma, o objetivo da otimização é encontrar a melhor configuração de um projeto com mais eficiência e menor custo operacional. Entretanto, as técnicas de otimização convencionais não permitem lidar com problemas complexos com rapidez e eficiência.

Existem diversos métodos de otimização e cada um deles alcança o melhor resultado dependendo do tipo de problema a que são aplicados. Destaca-se que a escolha do método depende de uma série de características do problema a ser otimizado, principalmente do comportamento da função que o representa. Em função destas características, os métodos podem ser classificados em métodos de programação linear e não-linear.

Nos estudos ligados ao melhoramento genético, os métodos de programação não-linear têm sido utilizados para resolução de problemas relacionados à seleção dos melhores animais. Os métodos de programação não-linear podem ser divididos em métodos determinísticos e métodos naturais ou estocásticos.

Os métodos determinísticos têm por base o cálculo de derivadas ou aproximações destas, necessitando de informações do vetor gradiente, seja procurando o ponto onde ele se anula ou usando a direção para a qual aponta. Estes métodos produzem melhores resultados para funções contínuas, convexas e unimodais (funções que possuem apenas um ponto de mínimo ou de máximo). No entanto, podem apresentar imprecisão e algumas dificuldades quando aplicados a problemas que possuem muitos mínimos ou máximos locais, múltiplos objetivos, descontinuidade das funções a serem otimizadas, fatores que tornam a garantia do ótimo global mais difícil.

Os métodos naturais ou estocásticos (Figura 3) aparecem como uma valiosa alternativa para solucionar problemas complexos de otimização onde os métodos determinísticos não são eficazes (MASLOV; GERTNER, 2006).



Fonte: Adaptado de Souza (2008).

Figura 3 – Métodos de programação não-linear para otimização.

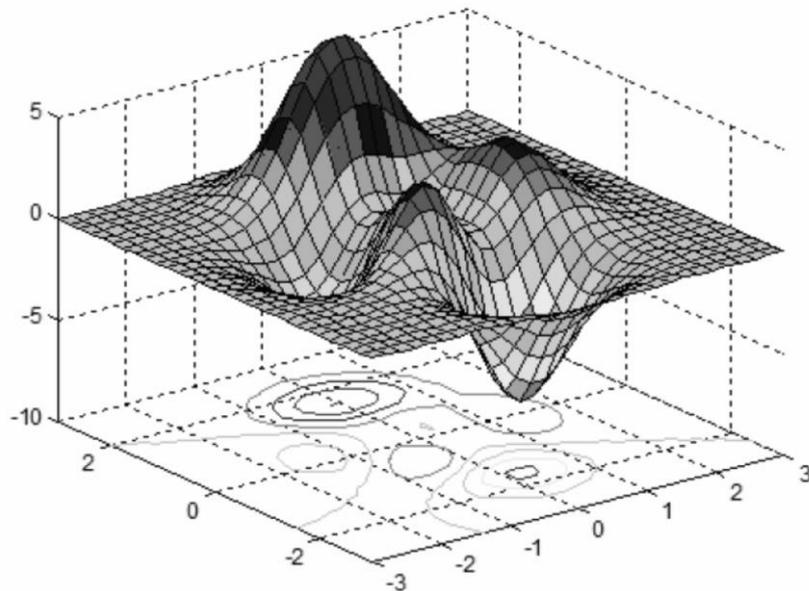
Os algoritmos Busca Tabu (*Tabu Search* – TS) e Colônia de Formigas (*Ant Colony Optimization Algorithm* – ACO) são adequados para problemas de otimização combinatória que são efetivamente de natureza Euclidiana, mas não se adequam na resolução à otimização de modelos multi-dimensionais. Da mesma forma, o algoritmo Recozimento Simulado (*Simulated Annealing* – SA) é completo e confiável, mas geralmente é lento e ineficiente para ser de uso prático, apresentando maiores problemas de modelagem (MAYER, 2002). Isso deixa os algoritmos evolucionários como a metodologia mais prática para resolver os problemas de otimização de forma eficiente. Estes são empregados a problemas de otimização, geram procedimentos de buscas em vizinhanças que evitam a convergência prematura em ótimos locais, proporcionando melhores soluções (VAISAKH; SRINIVAS, 2008).

Algoritmos evolucionários abrangem uma gama de diferentes métodos inspirados na natureza, incluindo Algoritmos Genéticos (*Genetic Algorithms* - GA) (geralmente com representação binária, com recombinação do operador primário), Estratificação de Evolução

(representação de valor real, com a mutação do operador primário), e Programação Genética (representação de comprimento variável).

A Evolução Diferencial (*Differential Evolution* – DE) tem por base os conceitos de *populações* e *mutação* de autoadaptação como estratégias de evolução. Em função da complexidade dos operadores potenciais (por exemplo, controlando os muitos tipos e taxas de *seleção*, *recombinação* e *mutação*), a maioria dos *softwares* de otimização tende a ser extenso. Isso representa potenciais problemas para os usuários, na medida em que não se pode ter certeza de que esses operadores particulares estão corretamente codificados e realmente fazendo o que eles deveriam (MAYER et al., 2001; MAYER et al., 2005).

Os métodos estocásticos procuram imitar processos ou fenômenos encontrados na natureza. A ideia básica destes métodos consiste na busca do valor ótimo da Função Objetivo, por meio de regras probabilísticas de forma aleatória organizada, em um determinado espaço de busca viável onde se espera encontrar a melhor solução (Figura 4).



Fonte: MatLab (2008)

Figura 4 – Representação gráfica de vetores para busca da solução ótima.

2.7 Algoritmo de Evolução Diferencial

A Evolução Diferencial (DE) foi desenvolvida por Storn e Price em meados da década de 1990. A *DE* é uma técnica estocástica de busca direta, fundamentada nos mecanismos da evolução natural das espécies, utilizando procedimentos de *seleção* de modo organizado com base no *valor adaptativo* dos *indivíduos* e operadores de *mutação* e *recombinação* (STORN; PRICE, 1997).

O método utiliza vetores de n dimensões como uma *população* para cada *geração* e consiste em gerar aleatoriamente uma *população* de *indivíduos* onde cada um representa um ponto de busca no espaço de soluções. Assim, favorável ao método, Cheng e Hwang (2001) relatam que é possível uma busca simultânea da solução em diferentes regiões no espaço de busca, não necessitando grandes tamanhos de *população*. Além disso, os autores relatam que o método busca a solução ótima global por meio da manipulação de uma *população* de soluções candidatas.

2.7.1 Geração da população inicial

O algoritmo é iniciado gerando uma *população* de N_p *indivíduos*. Cada *indivíduo* também pode ser visto como um *cromossomo*, representados como um vetor das variáveis de decisão. Assim, os *indivíduos* podem ser representados por N_p “*loci*”, sendo N_p o número de *indivíduos* da *população*. Os *alelos* são valores aleatórios do vetor das variáveis de decisão (*locus*). A *população inicial* ($q = 0$) é então gerada aleatoriamente dentro dos limites definidos (*tamanho da população*), seguindo uma distribuição uniforme, sendo q a *geração* corrente, da seguinte forma:

$$X_i^0 = Lim_{inf}(X_i) + rand_i[Lim_{sup}(X_i) - Lim_{inf}(X_i)] \quad [1]$$

em que: X_i^0 é o i -ésimo *indivíduo* da *população inicial* (*geração* 0), com $i = 1, 2, \dots, N_p$; $Lim_{inf}(X_i)$ são os valores dos limites inferiores de cada variável de decisão; $Lim_{sup}(X_i)$ são os valores dos limites superiores de cada variável de decisão; $rand_i$ gera um número aleatoriamente com distribuição uniforme entre 0 e 1 (STORN; PRICE, 1997).

Para exemplificar todo o processo, aplicado ao melhoramento genético animal, considere 5 animais candidatos à seleção. A *população inicial* que será gerada aleatoriamente [1]

apresentará 10 *indivíduos*. Cada *indivíduo* pode ser visto como um cromossomo, que pode ser interpretado como o vetor solução. Assim, cada cromossomo terá número de “*locus*” igual ao número de animais a serem avaliados, neste caso 5. Em cada “*locus*”, o número de *alelos* corresponde a intensidade de uso de cada animal (Figura 5).

7	5	0	8	7	3	44	3	2	6
0	0	2	5	5	8	9	5	1	2
0	0	8	0	2	0	0	0	0	3
4	1	7	3	7	1	0	7	1	4
0	9	0	2	3	5	1	1	4	7

Figura 5 – Ilustração da *população inicial* gerada de forma aleatória no algoritmo de Evolução Diferencial.

Uma vez gerada a *população inicial*, a Função Objetivo de cada *indivíduo* é calculada (*valor adaptativo*), de acordo com os valores (*alelos*) atribuídos a cada “*locus*”, e armazenada para comparação futura. Um número suficiente de *gerações* será simulado de forma a buscar convergência para a solução ótima. Na evolução do algoritmo, cada *indivíduo* pode sofrer alterações de uma *geração* para outra por meio da aplicação dos operadores: de *mutação*, *recombinação* e de *seleção*.

2.7.2 Operadores do algoritmo Evolução Diferencial

Os operadores da Evolução Diferencial têm base no princípio da evolução natural cujos objetivos são manter a diversidade da população e evitar convergências prematuras (STORN; PRICE, 1997).

Dada a *população inicial*, cobrindo todo o intervalo de busca, esta sofre modificações gerando novos *indivíduos* e esta operação é chamada de *mutação*. Os componentes do vetor da *mutação* são combinados com os componentes de um outro vetor escolhido aleatoriamente, denominado de vetor alvo (*desafiado*), para produzir o vetor chamado de vetor teste (*desafiador*). Este processo de combinação é referido como *recombinação* (*crossover*). Caso o

vetor teste (*desafiador*) gere um valor melhor da Função Objetivo (*valor adaptativo*) que o vetor alvo (*desafiado*), o vetor teste (*desafiador*) substitui o vetor alvo (*desafiado*) na geração seguinte. Esta última operação é chamada *seleção* (STORN; PRICE, 1997).

2.7.2.1 Mutação

Nesta operação, são escolhidos aleatoriamente três vetores X_α , X_β e X_γ (*indivíduos* da *população*) distintos entre si entre todos os N_p *indivíduos* da *população* corrente. Na *geração* q , um par de vetores (X_β e X_γ) define uma diferença $X_\beta - X_\gamma$. Esta diferença é multiplicada por $F > 0$, sendo denotada por diferença ponderada, e é usada para perturbar o terceiro vetor X_α da *população*. Este processo resulta o vetor doador $V^{(q+1)}$, que pode ser escrito matematicamente como:

$$V^{(q+1)} = X_\alpha^{(q)} + F (X_\beta^{(q)} - X_\gamma^{(q)}) \quad [2]$$

em que, os índices aleatórios $\alpha, \beta, \gamma \in \{1, \dots, N_p\}$ são inteiros distintos entre si e diferentes do índice d que $\in \{1, \dots, N_p\}$; F é um número real e constante pertencente ao intervalo $[0, 2]$ que controla a amplitude da diferença ponderada (Fator de mutação).

Para ilustrar o operador de *mutação* considere o que o vetor doador tenha sido gerado com a adoção da fórmula [2]. Os indivíduos da população inicial escolhidos aleatoriamente, foram X_α , X_β e X_γ . Neste caso, adotou-se o fator de *mutação* igual a 1 (Figura 6).

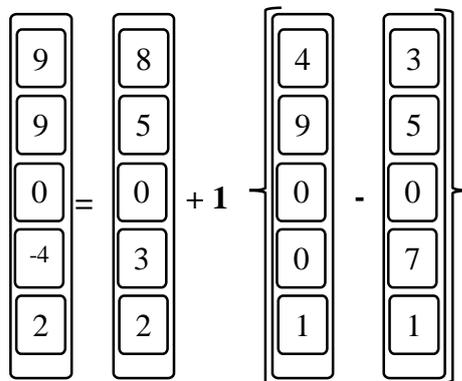
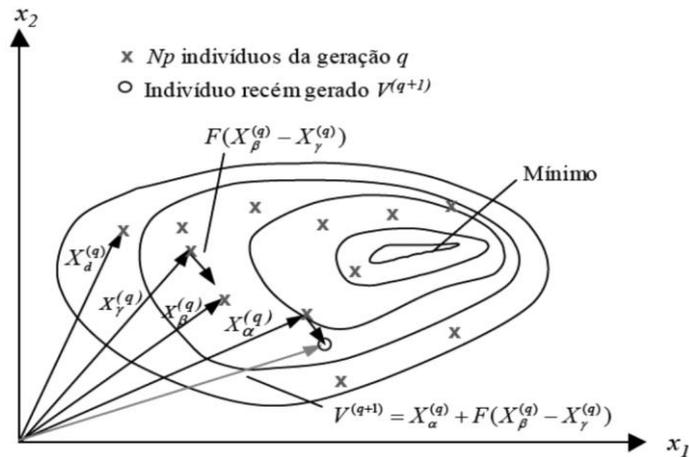


Figura 6 - Esquema para obtenção do vetor doador com uso do fator de *mutação* igual a 1 no algoritmo de Evolução Diferencial.

Vale destacar que o número de *indivíduos* da *população*, N_p , deve ser maior ou igual a 4. A Figura 7 ilustra um exemplo bidimensional que corresponde aos diferentes vetores que participam da formação do vetor doador $V^{(q+1)}$.



Fonte: Chakraborty (2008)

Figura 7 – Exemplo bidimensional do processo para geração do vetor doador $V^{(q+1)}$ no algoritmo de Evolução Diferencial.

As estratégias da Evolução Diferencial podem variar de acordo com o tipo de *indivíduo* a ser modificado na formação do vetor doador, o número de *indivíduos* considerados para a perturbação e o tipo de *recombinação* a ser utilizada. Algumas estratégias podem ser adotadas, de acordo com Arantes et al. (2006) (Quadro 1).

Quadro 1 – Funções para gerar o vetor doador na Evolução Diferencial

Número	Mutação	Notação ¹
1	$V^{(q+1)} = X_{\alpha}^{(q)} + F \left(X_{\beta}^{(q)} - X_{\gamma}^{(q)} \right)$	DE/rand/1/bin
2	$V^{(q+1)} = X_{best}^{(q)} + F \left(X_{\beta}^{(q)} - X_{\gamma}^{(q)} \right)$	DE/best/1/bin
3	$V^{(q+1)} = X_{\alpha}^{(q)} + F \left(X_{\alpha}^{(q)} - X_{\beta}^{(q)} + X_{\gamma}^{(q)} - X_{\delta}^{(q)} \right)$	DE/rand/2/bin
4	$V^{(q+1)} = X_{\alpha}^{(q)} + F \left(X_{\beta}^{(q)} - X_{\gamma}^{(q)} \right)$	DE/rand/1/exp
5	$V^{(q+1)} = X_{\alpha}^{(q)} + F \left(X_{\lambda}^{(q)} - X_{\beta}^{(q)} + X_{\gamma}^{(q)} - X_{\delta}^{(q)} \right)$	DE/rand/2/exp

¹DE/a/b/c: DE – Evolução Diferencial; a – especifica o vetor a ser perturbado, podendo ser *rand* (um vetor da população escolhido aleatoriamente) ou *best* (o vetor de maior *valor adaptativo* da população); b – determina o número de diferenças ponderadas usadas para a perturbação de a; c – denota o tipo de *recombinação* (exp: exponencial; bin: binomial).

2.7.2.2 Recombinação (crossover)

A *recombinação* é introduzida para aumentar a diversidade dos *indivíduos* que sofreram a *mutação*. Assim, esta operação gera o vetor de teste $U^{(q+1)}$ (*desafiador*), obtido substituindo componentes do vetor alvo $X_d^{(q)}$ (*desafiado*), escolhido aleatoriamente e diferente de $X_\alpha^{(q)}$, $X_\beta^{(q)}$ e $X_\gamma^{(q)}$ por componentes correspondentes do vetor gerado aleatoriamente na *mutação* $V^{(q+1)}$. Assim, as componentes do vetor teste $U^{(q+1)}$ são formadas conforme a expressão:

$$u_i^{(q+1)} = \begin{cases} v_i^{(q+1)}, & \text{se } r_i \leq CR \\ x_{d,i}^{(q)}, & \text{se } r_i > CR \end{cases}, \quad i = 1, \dots, n$$

em que: r_i é um número gerado aleatoriamente com resultado no intervalo $[0, 1]$; $x_{d,i}$ são as componentes do vetor alvo $X_d^{(q)}$; CR é a probabilidade da *recombinação* ocorrer, representa a probabilidade do vetor teste herdar os valores das variáveis do vetor doador, e está compreendida entre 0 e 1, sendo fornecida pelo usuário. Quando $CR = 1$, por exemplo, todas as componentes do vetor teste virão do vetor doador $V^{(q+1)}$. Por outro lado, se $CR = 0$, todas as componentes do vetor teste virão do vetor alvo $X_d^{(q)}$. Exemplificando, o processo ocorre conforme a Figura 8.

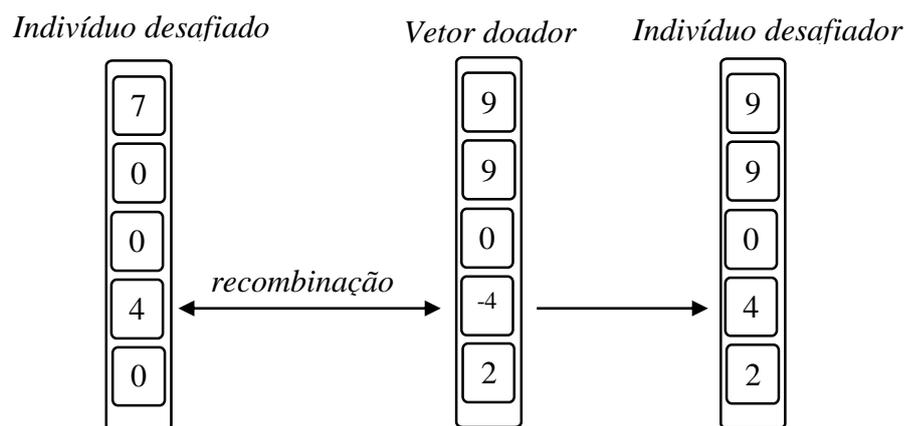


Figura 8 – Ilustração para obtenção do *indivíduo desafiador* com uso da *recombinação* em função do *indivíduo desafiado* no algoritmo de Evolução Diferencial.

Após a *recombinação*, caso um ou mais componentes do vetor teste estejam fora da região de busca, deve-se realizar as seguintes correções: se $u_i < x_i^L$, então faz-se $u_i = x_i^L$; ou se $u_i > x_i^U$, então faz-se $u_i = x_i^U$. Ressalta-se que a taxa de *recombinação* determina quando um parâmetro deve ser substituído (CHENG; HWANG, 2001).

2.7.2.3 Seleção

Na *seleção para sobrevivência*, a Função Objetivo do vetor teste (*desafiador*), é calculada e comparada com a do vetor alvo (*desafiado*) correspondente. A *seleção* é o processo de produzir melhores *filhos*. Diferentemente de outros Algoritmos Evolucionários, a Evolução Diferencial não usa hierarquia (elitismo) nem *seleção* proporcional. Em vez disso, o custo do vetor teste $U^{(q+1)}$ é calculado e comparado com o custo do vetor alvo $X_d^{(q)}$.

Dada a circunstância do custo do vetor alvo ser menor que o custo do vetor teste, o vetor alvo é permitido avançar para a próxima geração. Caso contrário, o vetor teste substitui o vetor alvo na geração seguinte. Em outras palavras, este processo pode ser escrito como:

$$\text{se } f[U^{(q+1)}] \leq f[X_d^{(q)}], \text{ então } X_d^{(q+1)} = U^{(q+1)};$$

ou

$$\text{se } f[U^{(q+1)}] > f[X_d^{(q)}], \text{ então } X_d^{(q+1)} = X_d^{(q)}.$$

O processo de busca da melhor solução consiste na *evolução* da *população* ao longo das *gerações*. O objetivo deste procedimento é gerar uma *população* melhorada com *indivíduos* mais aptos. Acredita-se que o *indivíduo* mais evoluído represente a solução ótima do problema, sendo sua aptidão (*valor adaptativo*) avaliada pelos valores da Função Objetivo. Contudo, o processo tende a *evoluir* até o ponto em que todos os *indivíduos* da *população* são compostos pela solução ótima (ou próxima a esta, uma vez que o método não é exato).

2.7.3 Critérios de parada do algoritmo Evolução Diferencial

O principal critério de parada que tem sido utilizado nos métodos evolutivos é o número máximo de *gerações*, também conhecido como iterações, definido previamente pelo usuário.

Para problemas com restrição, um critério pode ser a não violação das restrições ou o melhor *indivíduo* ter encontrado um valor dentro de determinada tolerância de precisão pré-estabelecida.

Todavia, outros mecanismos podem ser utilizados para finalizar o processo evolutivo, dentre os quais podem ser citados: o tempo de processamento, o número de avaliações da Função Objetivo, valor final da Função Objetivo e o próprio monitoramento do usuário. Em qualquer uma destas estratégias procura-se obter convergência à custa de baixo esforço computacional, mensurado pelo número de avaliações da Função Objetivo.

Com base na descrição apresentada, a Figura 9 ilustra um esquema simplificado do algoritmo da Evolução Diferencial.

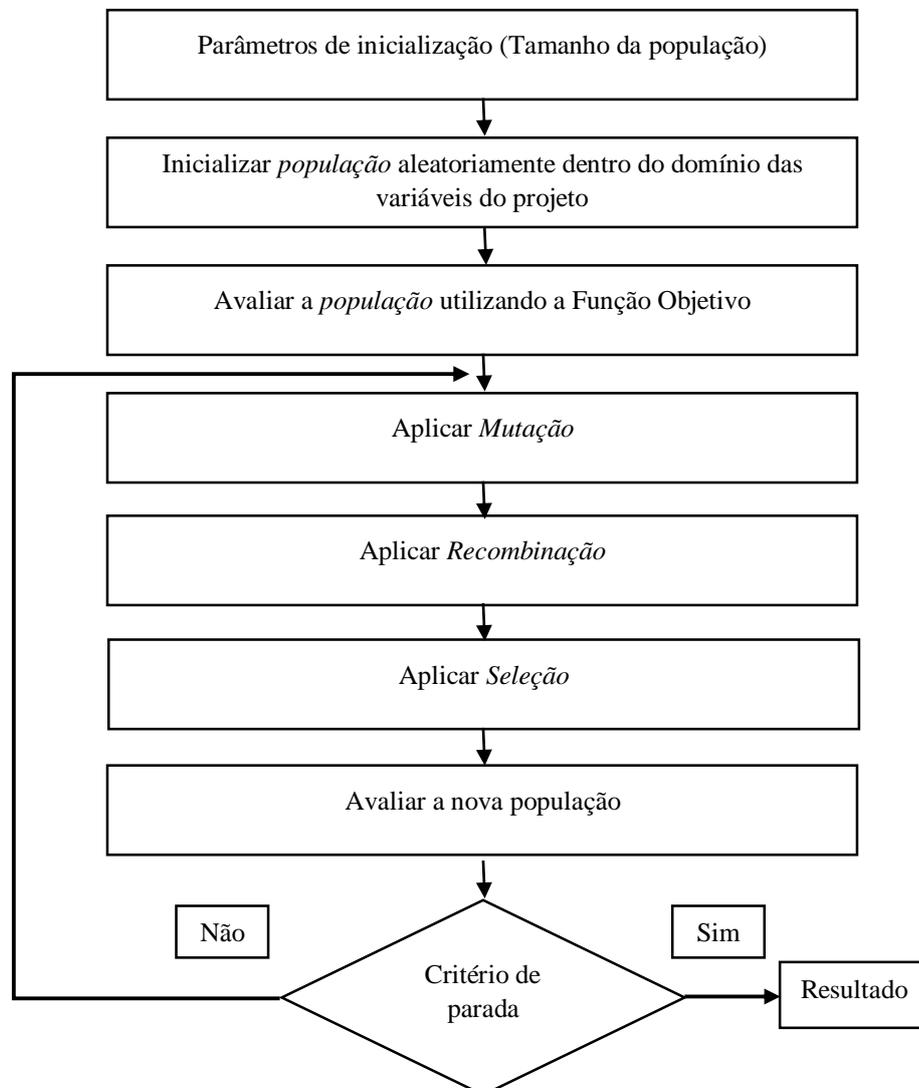


Figura 9 – Fluxograma do processo iterativo da Evolução Diferencial.

2.8 Seleção de Acasalamentos

Nos programa de melhoramento genético a etapa de seleção determina o aumento da coancestria média da população. Entretanto, a etapa de acasalamento pode ser utilizada para melhorar a estrutura genética da população para o próximo ciclo de seleção. Teoricamente, nas populações, os métodos de acasalamento alteram somente as frequências genotípicas. Entretanto, na prática, dentro dos rebanhos, normalmente estes métodos estão associados à seleção e culminam por alterar também as frequências gênicas. Dessa forma, se bem planejados, estes procedimentos podem promover o melhoramento genético dos rebanhos.

A Seleção de Acasalamentos consiste em realizar os emparelhamentos reprodutivos entre reprodutores e matrizes, visando à maximização do ganho genético, porém buscando o controle da endogamia do rebanho. Tradicionalmente tem se buscado obter o ponto A na Figura 10, que é o conjunto de pais, que maximiza a resposta à seleção na geração atual. Uma alternativa possível seria o conjunto de pais indicados por B na Figura 10. Isso resultaria em uma resposta marginalmente reduzida à seleção, mas a um nível significativamente inferior de endogamia/coancestria na geração seguinte, comportamento que é geralmente observado em populações fechadas (BERG, 2000).

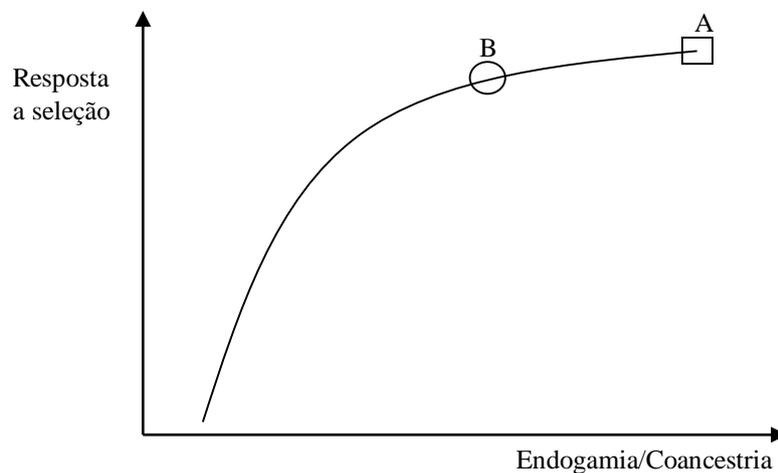


Figura 10 - Relação esquemática entre endogamia ou coancestria na próxima geração e resposta à seleção.

A Figura 11 ilustra o efeito em longo prazo a aplicação da estratégia A ou B da Figura 10. Nos resultados da estratégia A, em curto prazo, observa-se maior resposta à seleção. No entanto, também resulta em maiores taxas de endogamia e, assim, há redução mais rápida da

variação genética. Dessa forma, as respostas que consideram gerações futuras são, portanto, mais reduzidas com a estratégia A do que com a estratégia B.

A implantação da Seleção de Acasalamentos requer maior atenção no sentido de elaborar e seguir alguns critérios a fim de chegar a um objetivo já definido, ou seja, é dirigida pela especificação dos resultados desejados (COLLEAU et al., 2009). Assim, para cada conjunto de acasalamentos testado (Figura 12), os resultados dos componentes, ligados ao melhoramento genético, avaliados, constituem um índice (Função Objetivo - OF), sendo necessário o uso de um algoritmo eficiente para encontrar a melhor combinação (Quadro 2). Com este objetivo, tem-se adotado um algoritmo com base na teoria da Evolução Diferencial (STORN; PRICE, 1997).

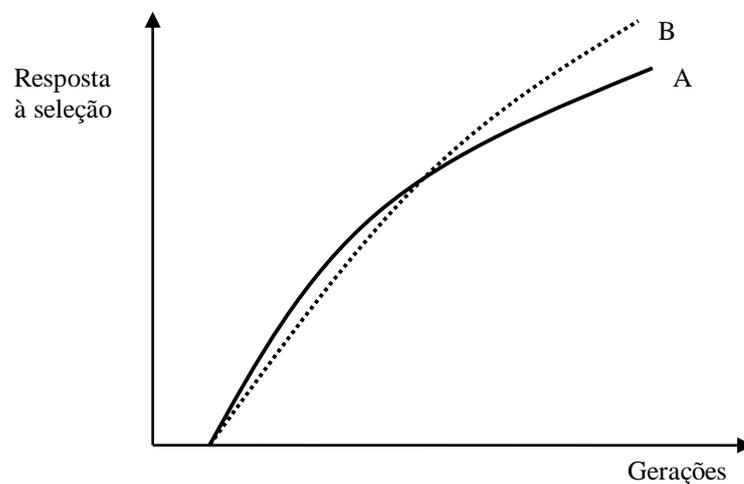
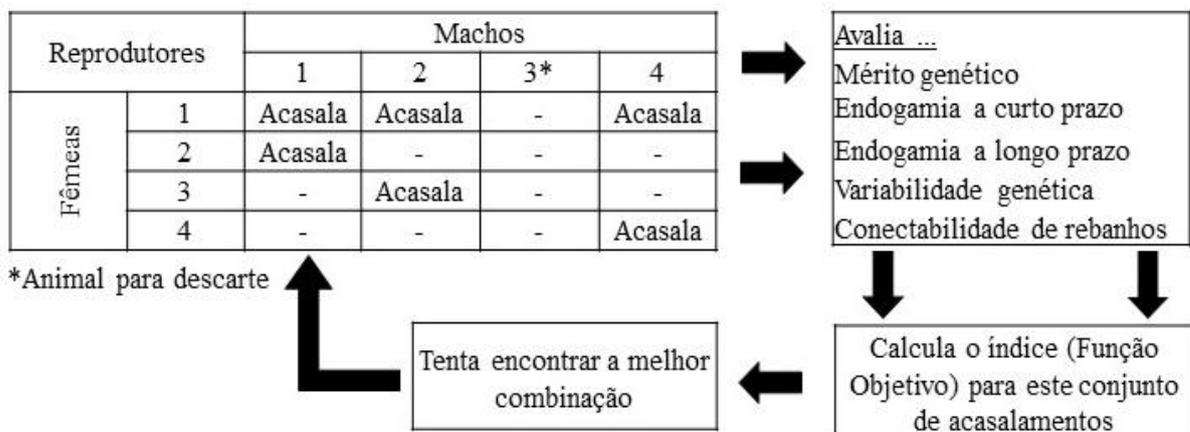


Figura 11 - Relação esquemática da resposta à seleção em longo prazo em duas situações de Seleção de Acasalamentos.



Fonte: Adaptado de Kinghorn et al. (2006)

Figura 12 - Ilustração do implemento da Seleção de Acasalamento.

O esquema da Seleção de Acasalamento ilustrado no Quadro 2, indica a melhor solução (hipoteticamente) para o conjunto de acasalamentos conforme descrição de Kinghon et al. (2006). Assim, a intensidade de uso (terceira coluna para machos, segunda linha para fêmeas) designa o número de vezes que cada animal deverá ser utilizado nos acasalamentos, em que já se define a seleção de cada animal. Valor especificado como zero para um determinado animal, significa, na prática, que ele foi descartado ou que não vai ser usado para reprodução.

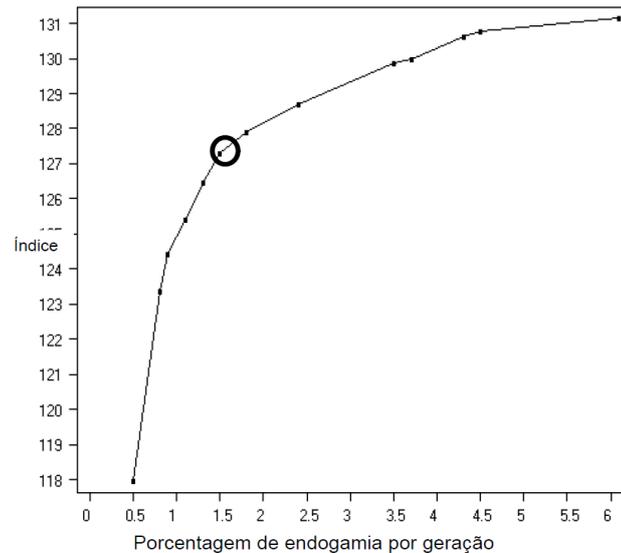
Quadro 2 – Esquema da Seleção de Acasalamentos

Esquema da Seleção de Acasalamentos				Fêmea	1	2	3	4
				Intensidade de uso	1	0	1	1
Macho	Número máximo de acasalamentos	Intensidade de uso (c)	Índice (OF)	Rank	-	-	-	-
1	20	2	5,32	2			Acasala	Acasala
			2,16	3				
2	0	0	-	-				
3	20	1	7,64	1	Acasala			
4	0	0	-	-				

OF – Função Objetivo.

Geralmente, o número máximo de acasalamentos corresponde ao número de fêmeas em reprodução, a menos que se tenha opção de utilizar alguma forma de expansão reprodutiva, em que algumas fêmeas poderão ser, efetivamente, acasaladas mais que uma vez. Ressalta-se que a intensidade de uso é um vetor que contém o número de acasalamentos a serem realizados por cada reprodutor candidato, de ambos os sexos. Assim, para cada sexo, as intensidades de uso são restritas à soma do número total de acasalamentos a serem realizados.

Os aspectos chave das melhores soluções podem ser visualizados ao passo que a análise da Seleção de Acasalamento é executada. Isso pode ser realizado por meio de resultados gráficos. Assim, calcular valores ótimos para os ponderadores (λ) dos componentes do índice (Função Objetivo) seria uma tarefa complexa. No entanto, eles podem ser manipulados para gerar um resultado desejado (Figura 13), em que λ varia até um ponto em que promove um limite de resultados para ganho genético e endogamia em longo prazo, de acordo com os objetivos do criador.



Fonte: Kinghor et al. (2006).

Figura 13 – Índice genético em função da endogamia média predita, em longo prazo, para 13 conjuntos de estratégias de Seleção de Acasalamentos.

2.9 Softwares para Contribuição Genética Ótima e Seleção de Acasalamento

Rutten et al. (2002) desenvolveram o *software* denominado SelAction para mostrar combinações possíveis da estrutura correspondente ideal. Embora a depressão por endogamia da característica não tenha sido incluída na amostragem aleatória Mendeliana de simulação, os resultados se mostraram valiosos, porque a redução da taxa de endogamia foi 5 vezes maior que a redução dos valores de produção.

Meuwissen (2002) desenvolveram o *software* OCSELET (GENCONT) (*Optimum Contribution Selection*) para a seleção de reprodutores e determinações da Seleção de Acasalamentos, para uma determinada taxa de consanguinidade, tanto em programas de conservação como de seleção. Hinrichs et al. (2006) aperfeiçoaram o OCSELET (GENCONT) que se mostra mais útil quando o número de candidatos é grande, por reduzir o tempo de computação. A matriz de relação está incluída no algoritmo como $A = cAp' + D$, onde Ap é a matriz de relações de pais, D é uma matriz diagonal com variâncias de amostragem Mendeliana, c são Contribuições Genéticas Ótimas de pais para a descendência.

Berg et al. (2006) desenvolveram o sistema EVA (*Evolutionary Algorithms*) que produz resultados semelhantes aos descritos por Hinrichs et al. (2006), com o OCSELET (GENCONT), mas coloca pesos e custos contra o parentesco, em vez de restringir a taxa de

endogamia. Além dos *softwares* mencionados anteriormente, existem ainda o PIGBLUP que contém o módulo PBSAMA (Seleção e Seleção de Acasalamentos) desenvolvido por Crump et al. (2009); o *Total Genetic Resource Management* (Gestão Total de Recursos Genéticos), ou TGRM, oferecido pela X'Prime (www.xprime.com.au); e o Ani-Mate, um serviço prestado por AbacusBio (www.abacusbio.conz/produtos.HTML), entre outros.

Carvalho et al. (2010b) implementaram um algoritmo de otimização, utilizando a Evolução Diferencial, para a Seleção de Acasalamentos. Nesse, a Seleção de Acasalamentos é definida no processo evolutivo segundo a representação do problema sugerido por Gondro e Kinghorn (2008). Para aumentar a velocidade e a viabilidade do programa, foi adotada uma abordagem indireta para calcular coancestria (COLLEAU, 2002). Vale destacar que o programa possibilita otimizar uma função com diferentes componentes para determinar a Seleção de Acasalamentos.

O algoritmo de Evolução Diferencial para computo da Contribuição Genética Ótima e Seleção de Acasalamentos implementado por Carvalho et al. (2010a,b), resumidamente, apresenta as seguintes vantagens: estrutura simples; velocidade, ou seja, os resultados são obtidos em menor tempo computacional; facilidade de uso, isso é, poucas são as variáveis de controle para conduzir a otimização que é exigida; apresenta boas propriedades de convergência, o que é mandatório na escolha de um bom algoritmo de otimização; é menos susceptível a torna-se presos em ótimos locais; facilidade de implementação; e robustez.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADÁN, S.; FERNÁNDEZ, M.; JUSTO J. R.; RIVERO, C. J.; ROIS, D.; LAMA, J. Análisis de la información genealógica en la raza ovina ovella galega. **Archivos de Zootecnia**, v. 56, p. 587-592, 2007.
- ARANTES, M. B.; OLIVEIRA, G. T. S.; SARAMAGO, S. F. P. Evolução diferencial aplicada à solução de alguns problemas de engenharia de produção. **FAMAT em Revista**. v. 6, p. 48-61, 2006.
- AVENDAÑO, S.; VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J. A. Expected increases in genetic merit from using optimized contributions in two livestock populations of beef cattle and sheep. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 2964–2975, 2003.
- AVENDAÑO, S.; WOOLLIAMS, J. A.; VILLANUEVA, B. Mendelian sampling terms as a selective advantage in optimum breeding schemes with restrictions on the rate of inbreeding. **Genetic Research**, v. 83, p. 55–64, 2004.
- BARCZAK, E.; WOLC, A.; WÓJTOWSKI, J. et al. Inbreeding and inbreeding depression on body weight in sheep. **Journal of Animal Feed Sciences**, v. 18, p. 42–50, 2009.
- BERG, P. Balancing response to selection and rate of inbreeding. **Scientifur**, v. 24, p. 11-15, 2000.
- BERG, P.; NIELSEN, I.; SØRENSEN, M. K. Computing realized and predicting optimal genetic contributions by EVA. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Brasil: 8WCGALP, 2006. [CD-ROM].
- BIJMA, P.; Van ARENDONK, J. A.; WOOLLIAMS, J. A. Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 840-853, 2001.
- BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J. A. Prediction of Rates of Inbreeding in populations selected on Best Linear Unbiased Prediction of Breeding Value. **Genetics**, v. 156, p. 361-373, 2000.
- BREDA, F. C.; EUCLYDES, R. F.; PEREIRA, C. S.; TORRES, R. A.; CARNEIRO, P. L. S.; SARMENTO, J. L. R.; TORRES FILHO, R. A.; MOITA, A. K. F. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, p. 2017-2025, 2004.
- CABALLERO A, TORO M. A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetics Research Cambridge**, v. 75, p. 331-343. 2000.
- CARNEIRO, A. P. S.; TORRES, R. A.; EUCLYDES, R. F.; SILVA, M. A.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, P. L. S.; TORRES FILHO, R. A. Efeito da conexidade de dados sobre o valor fenotípico médio e a variância genética aditiva. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 336-341, 2001a.

CARNEIRO, A. P. S.; TORRES, R. A.; EUCLYDES, R. F.; SILVA, M. A.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, P. L. S.; TORRES FILHO, R. A. Efeito da conectividade de dados sobre a acurácia dos testes de progênie e *performance*. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 342-347, 2001b.

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; AZEVÊDO D. M. M. R.; SOUZA, L. G. R.; SILVA, D. C.; ALVES, A. Z.; CAMPELO, J. E. G.; COSTA JÚNIOR, G. S. Estudo de populações de ovinos Santa Inês utilizando técnicas de análise multivariada. **Revista Científica de Produção Animal**, v.8, n.1, p. 40-50, 2006.

CARVALHEIRO, R.; KINGHORN, B. P.; QUEIROZ, S. A: Mate Selection accounting for connectedness. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2010, Leipzig. **Proceedings...**, Germany: 9WCGALP, 2010a. [CD-ROM]

CARVALHEIRO, R.; NEVES, H. H. R.; QUEIROZ, S. A.; FRIES, L. A. Combinando acasalamento associativo positivo e restrição sobre a endogamia visando maior progresso genético. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. [CD-ROM].

CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E. C. G. Endogamia: possíveis consequências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. In: WORKSHOP EM GENÉTICA E MELHORAMENTO NA PECUÁRIA DE CORTE, 2, 2004, Jaboticabal. **Anais...** Brasil: II GEMPEC FCAV/UNESP, 2004.

CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A.; KINGHORN, B. P. Optimum contribution selection using differential evolution. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 1429-1436, 2010b.

CHAKRABORTY, U. K. **Advances in Differential Evolution**: studies in computational intelligence. Springer, 2008.

CHENG, S. L.; HWANG, C. Optimal approximation of linear systems by a differential evolution algorithm. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics-Part A: Systems and Humans**, v. 31, p. 698-707. 2001.

CLARK, S. A.; KINGHORN, B. P.; HICKEY, J. M.; Van der WERF, J. H. J. The effect of genomic information on optimal contribution selection in livestock breeding programs. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, p. 44-52, 2013.

COLLEAU, J. J. An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. **Genetics Selection Evolution**, v. 34, p. 409-421. 2002.

COLLEAU, J. J.; TUAL, K.; PREAUMONT, H.; REGALDO, D. A mating method accounting for inbreeding and multi-trait selection in dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, p. 7-, 2009.

CRUMP, R. E.; HERMESCH, S.; DOBOS, K. J. **PIGBLUP**: Selection and Mate Allocation (PBSAMA) & Marker (PBMARKER) Modules User Manual, PIGBLUP v6.00. Animal Genetics and Breeding Unit. 2009.

DARIO, C.; BUFANO, G. Efeito da endogamia sobre a produção leiteira na raça ovina Altamurana. **Archivos de Zootecnia**, v. 52, p. 401-404, 2003.

DOSSA, L.H.; WOLLNY, C.; GAULY, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. **Small Ruminant Research**, v. 73, p. 150–159, 2007.

DUITAMA, L. O.; FARAH, M. M.; UTSUNOMIYA, A. T. H.; ONO, R. K.; PIRES, M. P.; FONSECA, R. Uso de modelos lineares mistos na avaliação genética de escores visuais: estudo de simulação. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, p. 1139-1146. 2014.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Longman: Essex UK, 1996. 464p.

FOUILLOUX, M. N.; CLÉMENT, V.; LALOË, D. Measuring connectedness among herds in mixed linear models: From theory to practice in large-sized genetic evaluations. **Genetics Selection Evolution**, v. 40, p. 145-159, 2008.

FRIES, L. A. Connectability in beef cattle evaluation: the heuristic approach used in MILC. FOR. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Armidale. **Proceedings...** Australia: 6WCGALP, 1998. v.27, p.449-450.

GIZAW, S.; GETACHEW, T.; HAILE, A.; RISCHKOWSKY, B.; SÖLKNER, B.; TIBBO, M. Optimization of selection for growth in Menz Sheep while minimizing inbreeding depression in fitness traits. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, p. 20-, 2013.

GONDRO, C.; KINGHORN, B. P. Optimization of cDNA microarray experimental designs using an evolutionary algorithm. **IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics**, v. 5, p. 630-638, 2008.

HINRICHS, D.; WETTEN, M.; MEUWISSEN, T. H. E. An algorithm to compute optimal genetic contributions in selection programs with large numbers of candidates. **Journal of Animal Science**. v. 84, p. 3212–3218, 2006.

HOHENBOKEN, W. D. The manipulation of variation in quantitative traits: a review of possible genetic strategies. **Journal of Animal Science**, v. 60, p. 101-110, 1985.

KEARNEY, J. F.; WALL, E.; VILLANUEVA, B.; COFFEY, M. P. Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. **Journal of Dairy Science**, v. 87, p. 3503–3509, 2004.

KENNEDY, B. W.; TRUS, D. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. **Journal of Animal Science**, v. 71, p. 2341-2352. 1993.

KINGHORN, B. P. An algorithm for eficiente constrained mate selection. **Genetics Selection Evolution**, v. 43, p. 4-13, 2011.

KINGHORN, B. P.; WERF, J.; RYAN, M. **Melhoramento Animal**: uso de novas tecnologias. Tradução: Vânia Cardoso e Roberto Carvalheiro. Piracicaba: FEALQ, 2006. 367p.

KOENIG, S.; SIMIANER, H. Approaches to the management of inbreeding and relationship in the german holstein dairy cattle population. **Livestock Science**, v. 103, p. 40-53, 2006.

KUEHN, L. A.; LEWIS, R. M.; NOTTER, D. R. Connectedness in Targhee and Suffolk flocks participating in the United States National Sheep Improvement Program. **Journal of Animal Science**, v. 87, p. 507-515, 2009.

KUEHN, L. A.; LEWIS, R. M.; NOTTER, D. R. Managing the risk of comparing estimated breeding values across flocks or herds through connectedness: a review and application. **Genetics Selection Evolution**, v. 39, p. 225-247, 2007.

KUEHN, L. A.; NOTTER, D. R.; NIEUWHOF, G. J.; LEWIS, R. M. Changes in connectedness over time in alternative sheep sire referencing schemes. **Journal of Animal Science**, v. 86, p. 536-544, 2008.

LÔBO, R. N. B.; LÔBO, A. M. B. O. Melhoramento genético como ferramenta para o crescimento e o desenvolvimento da ovinocultura de corte. **Revista brasileira de reprodução Animal**, v. 31, p. 247-253, 2007

MASLOV, I. V.; GERTNER, I. Multi-Sensor Fusion: an evolutionary algorithm approach. **Information Fusion**, v. 7, p. 304-330, 2006.

MAYER, D. G. **Evolutionary Algorithms and Agricultural Systems**. Kluwer Academic Publishers: Boston. 2002.

MAYER, D. G., BELWARD, J. A., BURRAGE, K. Robust parameter settings of evolutionary algorithms for the optimisation of agricultural systems models. **Agricultural Systems**, v. 69, p. 199–213, 2001.

MAYER, D. G.; KINGHORN, B. P.; ARCHER, A. A. Differential Evolution – an easy and eficiente evolutionary algorithm for model optimisation. **Agricultural Systems**, v. 83, p. 315–328, 2005.

MEUWISSEN T. H. E. GENCONT: An operational tool for controlling inbreeding in selection and conservation schemes. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2002, Montpellier. **Proceedings...**, 8WCGALP 2002. [CD-ROM].

MEUWISSEN, T. H. E. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 75, p. 934–940, 1997.

MORAIS, O. O Melhoramento Genético dos Ovinos no Brasil. In: PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora, 2001. p.320.

- NEVES, H. H. R.; CARVALHEIRO, R.; CARDOSO, V.; FRIES, L. A.; QUEIROZ, S. A. Acasalamento dirigido para aumentar a produção de animais geneticamente superiores e reduzir a variabilidade da progênie em bovinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 1201-1204, 2009.
- NORBERG, E.; SØRENSEN, A. C. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. **Journal Animal Science**, v.85, p. 299–304, 2007.
- PEDROSA, V. B.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; OLIVEIRA, P. S.; ELER, J.P.; FERRAS, J. B. S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 93, p. 135-139, 2010.
- QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; LANZONI, N. A. Efeito da Endogamia sobre Características de Crescimento de Bovinos da Raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, p. 1014-1019, 2000.
- QUINTON, M.; SMITH, C. Comparison of evaluation-selection systems for maximizing genetic response at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 73, p. 2208-2212, 1995.
- QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M. E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 70, p. 1060-1067, 1992.
- REGO NETO, A. A.; SARMENTO, J. L. R.; SANTOS, N. P. S.; BIAGIOTTI, D.; SANTOS, G. V.; CAMPELO, J. E. G.; SENA, L. S.; FIGUEIREDO FILHO, L. A. S. Estrutura e distribuição geográfica do rebanho de ovinos Santa Inês no estado do Piauí. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, p. 272-280, 2014.
- ROSO, V. M.; SCHENKEL F. S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings... Brazil: 8WCGALP, 2006. [CD-ROM]**.
- ROSO, V. M.; SCHENKEL, F. S.; MILLER, S. P. Degree of connectedness among groups of centrally tested beef bulls. **Canadian Journal of Animal Science**. v. 84, p. 37-47, 2004.
- RUTTEN, M. J. M.; BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J. A.; van ARENDONK, J. A. M. SelAction: software to predict selection response and rate os inbreeding in livestock breeding programs. **The Journal of Heredity**, v. 93, p. 456-458, 2002.
- SANTANA JÚNIOR, M. L.; OLIVEIRA, P. S.; ELER, J. P.; GUTIÉRREZ, J. P; FERRAZ, J. B. S. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana na Bonsmara breeds. **Journal Animal Science**, v. 90, p. 99-108. 2012.
- SELVAGGI, M.; DARIO, C.; PERETTI, V.; CIOTOLA, F.; CARNICELLA, D.; DARIO, M. Inbreeding depression in Laccese sheep. **Small Ruminant Research**, v. 89, p. 42-46, 2010.

SOUSA, W. H.; OJEDA, M. D. B.; MORAIS, O. R.; ROCHA, J. L. Programa de melhoramento genético para ovinos deslanados e caprinos de corte do Brasil: uma proposta. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v. 2, p. 41-46, 2008.

SOUZA, R. C. T. Heurísticas bioinspiradas de otimização combinatória. **Revista Científica de Administração e Sistemas de Informação**, v. 10, p. 19-24, 2008.

STORN, R.; PRICE, K. Differential Evolution: a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces. **Journal of Global Optimization**. v. 11, p. 341–359, 1997.

VAISAKH, K.; SRINIVAS, L. R. Differential Evolution Approach for Optimal Power Flow Solution. **Journal of Theoretical and Applied Information Technology**, v. 4, p. 261-268, 2008.

VASCONCELOS, J.; MARTINS, A.; FERREIRA, A.; PINTO, S.; CARVALHEIRA, J. Níveis de endogamia e depressão de endogamia no gado bovino leiteiro em Portugal. **Revista Portuguesa de Ciências Veterinária**, v. 100, p. 33-38, 2005.

VIANA, J.G.A. Panorama geral da ovinocultura no mundo e no Brasil. **Revista Ovinos**, v.4, n. 12, 2008.

WOOLLIAMS, J. A.; THOMPSON, R. A theory of genetic contributions. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5, 1994, Ghelph. **Proceedings...** Canadá:5WCGALP, 1994. [CD-ROM].

WRAY, N. R.; GODDARD, M. E. Increasing long-term response to selection. **Genetics Selection Evolution**, v. 26, p. 431-451, 1994.

WRAY, N. R.; THOMPSON, R. Prediction of rates of inbreeding in selected populations. **Genetics Research**, v. 55, p. 41-54, 1990.

4 CAPÍTULO I

Contribuição Genética Ótima aplicada na seleção de ovinos Santa Inês

Contribuição Genética Ótima aplicada na seleção de ovinos Santa Inês

Resumo: Objetivou-se com esta pesquisa avaliar diferentes Estratégias de seleção pela Contribuição Genética Ótima, em termos de ganho genético com restrição sobre a coancestria para a característica peso aos 84 dias de vida. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de rebanhos experimentais de ovinos da raça Santa Inês, relativos ao período de 22 anos consecutivos de coletas. As análises da Contribuição Genética Ótima de cada um dos 122 carneiros candidatos à seleção foi definida conforme a solução fornecida pelo programa *DEforOC*, que adotou um algoritmo de Evolução Diferencial, com a seguinte configuração: tamanho da população = 244 (2 x n° candidatos); taxa de recombinação = 0,5; fator de mutação = 0,1. A convergência do processo *evolutivo* foi assumida quando: amplitude e desvio absoluto médio dos *valores adaptativos* dos *indivíduos* de uma *geração* foram menores que 1×10^{-6} , ou a melhor solução na *geração* 5×10^4 . A Função Objetivo foi composta pelo mérito genético e coancestria média dos animais candidatos à reprodução. Foram avaliadas 13 Estratégias de seleção com base em restrições impostas aos ponderadores. O nível de endogamia total no rebanho avaliados foi de 0,089 (9%), com 222 animais endogâmicos, que corresponde a 8% da população. A estratégia de seleção definida como ótima, indicou a utilização de 19 carneiros, que resultaria em ganho médio esperado de 1,1259 unidades de desvio padrão e coancestria igual a 0,0249 ($\lambda_1 = 1$ e $\lambda_2 = -10$). A estratégia 5, apresenta-se como uma boa alternativa por restringir a coancestria em 12% e redução, em termos de ganho genético, de apenas 3%, em relação à Estratégia 1 (seleção com base no valor genético do animal). A seleção de ovinos pela Contribuição Genética Ótima oferece diferentes níveis de ganho genético atingível a partir de restrições sobre a coancestria. Portanto, é possível minimizar a coancestria, ou restringi-la em um valor pré-definido e maximizar o ganho genético simultaneamente com o uso da Contribuição Genética Ótima.

Palavras-chave: coancestria, endogamia, Evolução Diferencial, ganho genético, resposta à seleção

29 *Optimum Contribution applied to the selection of Santa Ines sheep*

30

31 **Abstract** - The objective of this research was to evaluate different strategies of selection for
32 Optimum Contribution in terms of genetic gain with restriction on coancestry for the weight at
33 84 days of life. The data used in this study are from experimental flocks of Santa Ines sheep
34 collected during 22 consecutive years. Analyses of Optimum Contribution of each of the 122
35 sheep candidates to the selection was defined as the solution provided by DEforOC program ,
36 which adopted an algorithm of Differential Evolution, with the following configuration:
37 population size = 244 (2 x n° candidates); recombination rate = 0.5 ; mutation factor = 0.1 . The
38 convergence of the evolutionary process was taken when: amplitude and mean absolute
39 deviation of the adaptive values of individuals from one generation were lower than 1×10^{-6} , or
40 the best solution in generating $5 \times 5 \times 10^4$. The Objective Function comprised the genetic merit of
41 animals and average coancestry candidates for breeding. Were evaluated 13 selection strategies
42 based on restrictions on weights. The total inbreeding level in the herd was 0.089 (9%), 222
43 inbred animals, which corresponds to 8% of the population. The optimal selection strategy,
44 indicated the use of 19 rams, which would result in an expected average gain of 1.1259 units of
45 standard deviation and coancestry equal to 0.0249 ($\lambda_1 = 1$ and $\lambda_2 = -10$). Strategy 5, presents
46 itself as a good alternative for restricting the coancestry 12% and a reduction in terms of genetic
47 gain, only 3% compared to the first strategy (based selection breeding value of animals). A
48 selection of sheep by Optimum Contribution offers different levels of genetic gain reached from
49 restrictions on coancestry. So it can minimize the coancestry, or restrict it to a predefined value
50 and maximize genetic gain while using Optimum Contribution.

51

52 **Keywords:** coancestry, Differential Evolution, genetic gain, inbreeding, response to selection

53 **Introdução**

54

55 A resposta à seleção em modernos programas de melhoramento genético é
56 substancialmente aumentada em função da melhoria contínua dos métodos de avaliação
57 genética e da alta intensidade de seleção. Porém, o excesso de uso dos animais selecionados
58 pode acarretar em perda da variabilidade genética do rebanho. Sabe-se que a manutenção da
59 diversidade genética é fundamental para a sobrevivência das populações e, no caso dos
60 programas de melhoramento genético, possibilita a seleção.

61 Infelizmente, em quase duas décadas de crescimento populacional, desde a origem da
62 raça Santa Inês, pouca importância foi dada ao melhoramento genético de suas características,
63 estando o melhoramento genético da raça associado à tenacidade de poucos pesquisadores e
64 criadores. Logo, a mesma vem sofrendo cada vez mais a ação de acasalamentos e cruzamentos
65 indiscriminados, o que tem ocasionado perda de variabilidade genética destes animais
66 localmente adaptados. Diante disso, torna-se essencial a promoção da manutenção das
67 variabilidades inter-racial, a qual evita a extinção das raças, e intraracial, que evita a erosão
68 genética (MENEZES et al., 2006).

69 O parentesco entre os indivíduos está diretamente relacionado com a diversidade genética
70 da população (medido como a heterozigosidade esperada) e também relacionado com a
71 endogamia (consanguinidade) esperada na próxima geração, que reflete a proporção de genes
72 comuns e, portanto, a redundância dos alelos nos indivíduos. Dessa forma, podem afetar
73 diretamente o melhoramento genético, por atuar sobre a variação genética dos animais.

74 O controle da endogamia e a consequente manutenção da variabilidade genética em longo
75 prazo não são garantidas quando restrições são feitas apenas sobre a endogamia da futura
76 progênie. Porém, estratégias para reduzir a taxa de endogamia e, conseqüentemente, perda da
77 variação genética, a fim de aumentar a resposta à seleção em longo prazo, podem ser adotadas
78 de forma a se obter um regime de reprodução sustentável.

79 Dentre as diferentes estratégias existentes, a aplicação da teoria da Contribuição Genética
80 Ótima pode ser a mais apropriada (MEUWISSEN, 1997). Este método, define a intensidade de
81 uso dos animais candidatos à reprodução, conforme um índice (Função Objetivo), que exige
82 apenas o mérito genético dos candidatos à seleção e as relações genéticas entre eles
83 (endogamia). A solução ideal é expressa em contribuições genéticas dos candidatos
84 selecionados para a próxima geração, que é proporcional ao número ideal de descendentes para
85 cada candidato.

86 Nos últimos anos, os *softwares* de auxílio à seleção que adotam a teoria da Contribuição
87 Genética Ótima deixaram de ser apenas uma opção para os criadores que têm intenção de evitar
88 os efeitos negativos do aumento da endogamia na população, tornando-se necessidade. Em
89 termos de praticidade, muitos desses *softwares* são ineficientes pela difícil manipulação, além
90 de demandarem alta capacidade computacional, o que pode criar uma barreira para sua
91 utilização.

92 Uma alternativa promissora de busca otimizada para definição da Contribuição Genética
93 Ótima, vem sendo a adoção de um algoritmo com base na Evolução Diferencial (*Differential*
94 *Evolution* – DE) (STORN; PRICE, 1997), que tem fundamentação nos mecanismos da
95 evolução natural das espécies. Favorável ao algoritmo DE, está o fato deste possibilitar um
96 exame simultâneo da solução em diferentes regiões no espaço de busca, fazendo uso de uma
97 *população* de soluções candidatas para o equacionamento do problema.

98 Diante do exposto, objetivou-se com esta pesquisa avaliar diferentes Estratégias de
99 seleção pela Contribuição Genética Ótima, em termos de ganho genético com restrição sobre a
100 coancestria, para característica de desempenho ponderal, em um rebanho de ovinos da raça
101 Santa Inês.

102 **Material e Métodos**

103

104 Os dados utilizados neste estudo são provenientes de dois rebanhos experimentais de
105 ovinos da raça Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da
106 Paraíba (EMEPA-PB), relativos ao período de 22 anos consecutivos de coletas.

107 O arquivo inicial constava de 3.365 registros de animais com informações ponderais,
108 mensuradas, em média, a cada 28 dias, desde o nascimento aos 196 dias de idade. Foram
109 consideradas para análise: as informações dos cordeiros pesados aos 84 dias de idade (P84);
110 nascidos de parto simples ou múltiplo; com peso médio dentro da média de todos os animais
111 de mesmo grupo de contemporâneos (GC) \pm três e meio desvios padrão; e que pertenciam a
112 GCs com no mínimo quatro animais. A definição dos GCs incluiu: rebanho, ano e período de
113 nascimento, sexo e tipo de nascimento do cordeiro. Foram definidos dois períodos de
114 nascimento: chuvoso (fevereiro a julho) e seco (agosto a janeiro). Permaneceram no arquivo
115 animais com pai e mãe conhecidos, restando 2.970 animais diferentes na matriz de parentesco
116 para as análises.

117 A relação de parentesco entre os animais avaliados foi obtida com a utilização do módulo
118 MTGSNRM, que adota o método descrito por Quaas (1976) para cálculo da inversa da matriz
119 de numeradores do coeficiente de parentesco de Wrigth (A^{-1}), contido no pacote computacional
120 MTGSAM - *Multiple Trait Gibbs Sampling for Animal Models*, desenvolvido por Van Tassell
121 e Van Vleck, (1995).

122 Os valores genéticos dos animais, para a característica considerados na análise (P84),
123 foram preditos sob Modelo Animal, e expressos em EBVs - *Expected Breeding Values*, por
124 meio do programa GIBBS1F90 (MISZTAL et al., 2002), que usa metodologia Bayesiana com
125 amostragem de Gibbs para características de distribuição contínua. Considerou-se no modelo
126 os efeitos: genéticos aditivos direto e materno com covariância diferente de zero; dos grupos de
127 contemporâneos (definidos anteriormente); a idade da matriz ao parto como covariável com
128 efeito quadrático; e o erro associado às observações.

129 As análises genéticas foram realizadas com cadeias de 1 milhão de ciclos. Considerou-se
130 o descarte (*burn-in*) dos 100 mil valores iniciais e, posteriormente, foram tomados valores a
131 cada 300 ciclos, para se obter a distribuição *a posteriori* com 3.000 amostras. Neste estudo o
132 grau de liberdade correspondente à distribuição Wishart Invertida, que indica o grau de
133 confiabilidade da distribuição inicial (ν), foi *flat* para todas as variâncias iniciais, ou seja, não
134 refletia grau de conhecimento sobre os parâmetros ($\nu = 0$).

135 Foram considerados aptos à reprodução os animais machos, vivos, com idade entre 1 e 3
 136 anos e com EBVs maiores que 0,2. Dessa forma, restaram para análise da Contribuição
 137 Genética Ótima o total de 122 machos. Foi imposta a restrição de que cada macho pudesse
 138 acasalar no máximo 20 vezes, visto que o manejo reprodutivo praticado nas fazendas
 139 experimentais é de monta natural controlada. Além disso, foi fixado o número máximo de
 140 possíveis acasalamentos em 290, número que corresponde ao total de fêmeas aptas à reprodução
 141 disponíveis no rebanho.

142 As análises da Contribuição Genética Ótima de cada um dos 122 carneiros candidados à
 143 seleção foi definida conforme a solução fornecida pelo programa DEforOC – *Differential*
 144 *Evolution for Optimum Contribution* (CARVALHEIRO et al., 2010), escrito em linguagem
 145 FORTRAN, que consistiu em gerar aleatoriamente uma *população* de soluções possíveis,
 146 composta pela intensidade de uso de cada carneiro candidato.

147 Os parâmetros da Evolução Diferencial utilizados foram: *tamanho da população* = 244
 148 (2 x nº candidatos); taxa de *recombinação* (CR) = 0,5; fator de *mutação* (F) = 0,1 (ou $F = 1,0$ a
 149 cada 4 *gerações*). A convergência do processo evolutivo foi assumida quando a amplitude e
 150 desvio absoluto médio dos *valores adaptativos* dos *indivíduos* de uma *geração* foram menores
 151 que 1×10^{-6} , ou a melhor solução da *geração* 5×10^4 .

152 A Função Objetivo (OF) que definiu os *valores adaptativos* dos *indivíduos*, foi composta
 153 pelo mérito genético e coancestria média dos animais candidatos à reprodução, pode ser descrita
 154 como:

155

$$156 \quad OF = \lambda_1 c'EBV + \lambda_2 c'Ac$$

157

158 sendo: $c'EBV$ a média do mérito genético predito dos pais selecionados (reflete o ganho
 159 genético); $c'Ac$ a coancestria média dos animais em reprodução (reflete a endogamia em longo
 160 prazo); e λ_1 e λ_2 os ponderadores associados aos respectivos componentes (custos nos
 161 componentes da função). O vetor c representa um vetor com a Contribuição Genética Ótima
 162 dos candidatos à reprodução (o sinal ' indica vetor transposto). EBV é o vetor de soluções BLUP
 163 (valores genéticos) e A é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wrigth.

164 Diferentes ponderadores sobre a coancestria foram considerados, e a consequência da
 165 aplicação do algoritmo desenvolvido na seleção dos carneiros foi avaliada. Para tal, foram
 166 avaliadas 13 Estratégias de seleção com base em restrições impostas aos ponderadores (λ_1 e
 167 λ_2). A Estratégia 1 contempla somente o mérito genético predito dos pais selecionados ($\lambda_1 = 1$

168 e $\lambda_2 = 0$), apontando o maior ganho genético se a seleção fosse realizada apenas considerando
169 o EBV dos animais. Nas Estratégias 2 a 12, fixou-se o valor do ponderador do mérito genético
170 predito dos pais selecionados em 1 ($\lambda_1 = 1$) e restringiu-se os valores da coancestria com
171 números crescentes e negativos (λ_2 variando de -5 a -800), com a finalidade de se observar o
172 nível de restrição da endogamia que proporcione menores perdas, em termos de ganho genético.
173 A Estratégia 13 foi utilizada para obtenção dos menores valores, considerando o mérito genético
174 predito dos pais selecionados e a coancestria, possíveis com a restrição máxima da endogamia
175 em longo prazo ($\lambda_1 = 0$ e $\lambda_2 = -1$).

176 Para aumentar a velocidade do programa foi utilizada uma abordagem indireta para
177 calcular a coancestria, o algoritmo proposto por Colleau (2002). Todos os dados e restrições do
178 número de acasalamentos foram especificados no arquivo de parâmetros que o *software* requer
179 para análise. Estas especificações podem ser modificadas, o que confere flexibilidade ao
180 *software* no atendimento a diversas situações, se necessárias.

181 O resultado deste procedimento de otimização é o vetor c das contribuições para a
182 próxima geração de candidatos a qualquer geração particular (intensidade de uso do animal).
183 Informa-se que essa análise não considerou o par para acasalamento (Seleção de
184 Acasalamentos). Todas as análises foram realizadas em computador portátil com Sistema
185 Operacional de 64bits, processador Intel® Core™ i5-3210M com base em x64, CPU @
186 2.50GHz e memória RAM de 6,00 GB.

187 **Resultados e Discussão**

188

189 O nível de endogamia total avaliado no rebanho é de 0,089 (9%), apresentando 222
 190 animais endogâmicos, que correspondem a 8% do total de animais contidos na matriz de
 191 parentesco (2.790 animais). Assim, ao admitirmos que nível de endogamia superior a 10% representa
 192 risco elevado para ocorrência de depressão por endogamia (PAIVA et al., 2011), a média encontra-
 193 se dentro de limites críticos. O nível crítico de endogamia observado pode ser em virtude ao
 194 uso marcante de poucos reprodutores. Esta prática, pode promover o aumento de laços
 195 genéticos entre os reprodutores.

196 Ótimas soluções foram encontradas para os valores de ponderação adotados (Estratégias
 197 1 a 13) na população (Tabela 1).

198

199 Tabela 1 – Resultado de diferentes Estratégias de seleção pela Contribuição Genética Ótima
 200 usando Evolução Diferencial em ovinos da raça Santa Inês

Estratégia	λ_1	λ_2	N_ger	CPU_time	max_OF	<i>c'EBV</i>	<i>c'Ac</i>	N_sire
1	1	0	3337	2,04	1,1620	1,1620	0,0283	15
2	1	-5	4585	4,11	0,8844	1,1511	0,0267	17
3	1	-7	5588	6,56	0,7792	1,1406	0,0258	19
4	1	-8	5200	5,04	0,7279	1,1350	0,0254	19
5	1	-10	3833	2,78	0,6274	1,1259	0,0249	19
6	1	-20	4956	4,48	0,1448	1,0878	0,0236	24
7	1	-30	2781	1,12	-0,3239	1,0672	0,0232	25
8	1	-50	5629	6,00	-1,2407	1,0295	0,0227	27
9	1	-80	2858	1,45	-2,5945	0,9993	0,0226	29
10	1	-200	2997	1,53	-7,9596	0,9662	0,0225	31
11	1	-500	14769	22,85	-21,3385	0,9519	0,0224	31
12	1	-800	3256	1,98	-34,711	0,9477	0,0223	31
13	0	-1	2554	1,07	-0,0446	0,9468	0,0223	33

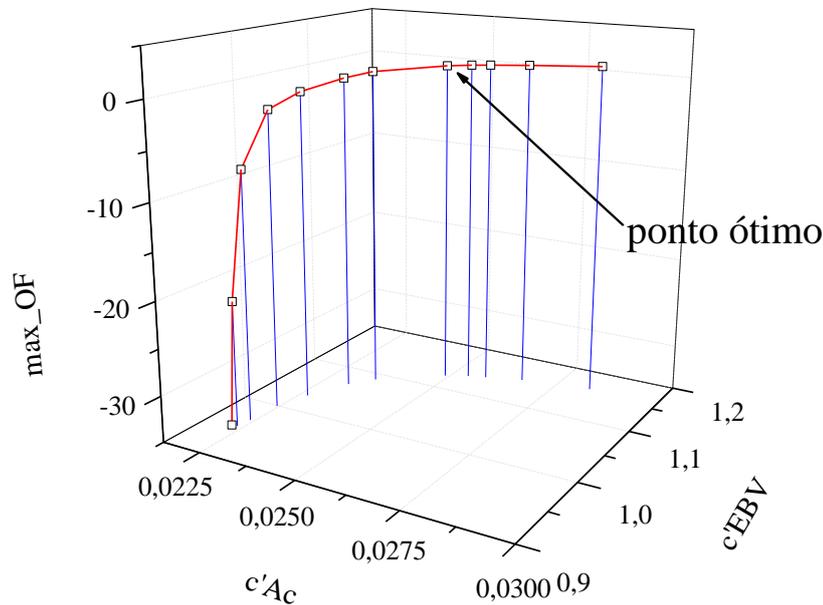
201 λ_1 – ponderador para o mérito genético; λ_2 – ponderador para coancestria; N_ger – número de gerações para a
 202 convergência do algoritmo; CPU_time – tempo de processamento da análise em segundos; max_OF – Função
 203 Objetivo maximizada; *c'EBV* – média do mérito genético predito dos pais selecionados (reflete o ganho genético);
 204 *c'Ac* – coancestria média dos animais em reprodução (reflete a endogamia em longo prazo); N_sire – número de
 205 carneiros selecionados para acasalamento.

206

207 É importante ressaltar que nenhuma tentativa foi realizada com a finalidade obter os
 208 fatores de ponderação ideais, mas apenas a Estratégia que pode apresentar a melhor resposta
 209 para o sistema de criação em questão. Assim, a definição do ponto ótimo foi realizada em

210 função dos objetivos da seleção, ou seja, reduzir os níveis de coancestria no rebanho com
 211 mínimas perdas de ganho genético (Figura 1).

212



213

214

215 Figura 1 – Comportamento da Função Objetivo maximizada (max_OF) relacionando o ganho
 216 genético (c'EBV) a diferentes níveis de restrição da coancestria (c'Ac) usando
 217 algoritmo de Evolução Diferencial em ovinos Santa Inês.

218

219 De maneira geral, não há regras para a escolha dos valores dos ponderadores (λ). Gondro
 220 e Kinghorn (2008) sugeriram um procedimento iterativo para determinar os fatores de
 221 ponderação durante o processo evolutivo. Segundo esses autores, essa estratégia permite grande
 222 flexibilidade dos resultados potenciais ao equilibrá-los da melhor maneira. Wray e Goddard
 223 (1994) e Carvalheiro et al. (2010) sugerem que a escolha de λ (restrição sobre a endogamia /
 224 coancestria), depende do horizonte de tempo a ser considerado, do nível de disposição para se
 225 obter maior progresso genético em longo prazo em detrimento do progresso em curto prazo e
 226 do nível de coancestria atual da população em questão. Porém, relatam ainda que, em pequenas
 227 populações deve ser adicionado um custo de risco, para reduzir ainda mais a coancestria.

228

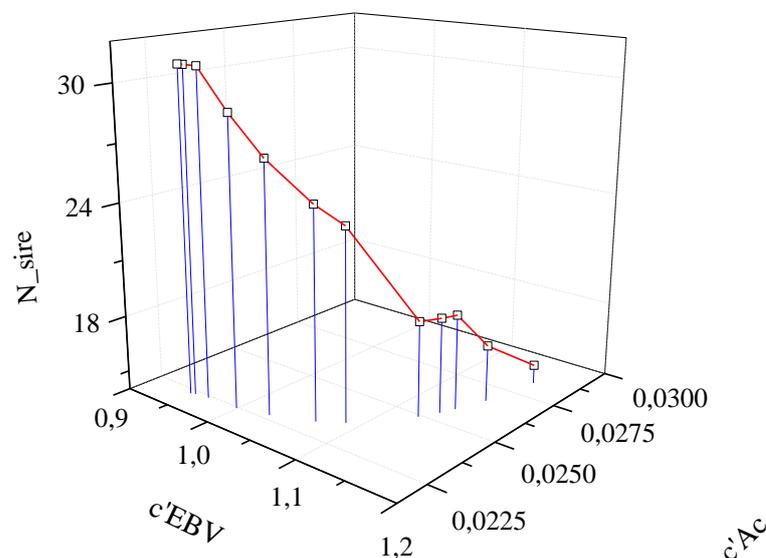
229 As ponderações impostas (estratégias 2 a 12), restringem a coancestria para a próxima
 230 geração. Níveis aceitáveis de consanguinidade são difíceis de serem determinados e foram
 231 discutidos por Bijma e Woolliams (2000) e Bijma et al. (2001), que indicaram que a depressão
 por endogamia é provavelmente a questão, ligada ao melhoramento genético, mais importante,

232 e que apesar do conhecimento detalhado dos parâmetros relevantes para determinar o nível da
 233 restrição, esta não deve exceder 1% por geração.

234 A análise contemplando apenas o mérito genético predito dos pais selecionados
 235 (Estratégia 1) foi incluída para validação do programa e servir de parâmetro de comparação
 236 (contribuição de 20 descendentes de cada um dos 14 melhores carneiros e 10 descendentes para
 237 o subsequente, totalizando 290 possíveis acasalamentos). Para a Estratégia 1, observa-se valor
 238 da Função Objetivo ($\lambda_1 c'EBV$) igual a 1,1620, ou seja, correspondeu ao máximo em ganho
 239 genético que seria obtido com seleção dos animais com base no maior EBV. Entretanto, a
 240 seleção dos animais exclusivamente pelo EBV (Estrategia 1), maximiza resposta à seleção
 241 apenas em relação à geração seguinte, visto que estes valores são as soluções BLUP.

242 A Estratégia definida como ótima, ou seja, aquela que permite minimizar os efeitos da
 243 coancestria, mantendo um nível de ganho genético aceitável para o rebanho, indica a seleção
 244 de 19 carneiros (Figura 2), que resultaria em progênes com índice médio esperado de 1,1259
 245 unidades de desvio padrão e coancestria igual a 0,0249 (Estratégia 5).

246



247

248 Figura 2 – Comportamento do número de animais selecionados (N_{sire}) relacionado ao ganho
 249 genético ($c'EBV$) com diferentes níveis de restrição de coancestria ($c'Ac$) usando
 250 algoritmo de Evolução Diferencial em ovinos Santa Inês.

251

252 Às custas da Estratégia 1, observa-se que esta implica no maior nível na coancestria
 253 (0,0283), em comparação às demais Estratégias, e o uso de 15 carneiros (maior intensidade de
 254 seleção). Esse resultado pode ser explicado pelo fato de que o BLUP usa informações de todos

255 os parentes para predizer os EBVs dos animais. Diante disso, ao utilizar informações de toda a
256 família, aquelas que apresentam indivíduos com melhores desempenhos têm mais chance de
257 serem selecionados em conjunto e, conseqüentemente, os futuros acasalamentos destes animais
258 podem elevar a taxa de endogamia da população. Deste modo, a consequência direta da elevada
259 coancestria dos animais em reprodução é o aumento da taxa de endogamia que, por sua vez,
260 pode ocasionar prejuízo à variabilidade e ao progresso genético em médio/longo prazo, bem
261 como repostas indiretas não desejáveis (WEIGEL, 2001).

262 Nota-se que as soluções fornecidas pela Evolução Diferencial para as Estratégias 3,4 e 5
263 indicam o uso de 19 carneiros, assim como as Estratégias 10, 11 e 12 indicam o uso de 31
264 animais como reprodutores. Deve-se ressaltar que, apesar da indicação da mesma quantidade
265 de animais a serem selecionados nestes dois grupos de Estratégias, os animais não são os
266 mesmos, assim como a intensidade de uso de cada animal não é necessariamente igual para
267 cada Estratégia. Isso deixa claro que a substituição de um reprodutor candidato por outro e a
268 quantidade de descendentes que o mesmo deixará no rebanho, pode implicar na diminuição de
269 ganho genético, o que também pode ser observado para a coancestria média no rebanho com as
270 mesmas Estratégias mencionadas.

271 A tentativa de controle da endogamia pela imposição de restrições com as Estratégias 8,
272 9, 10, 11 e 12, além de apresentar redução do ganho genético esperado, praticamente não
273 reduziu a coancestria média dos animais, se usados na reprodução. Porém, observou-se sensível
274 diferença, em termos de maior ganho genético, se a seleção fosse realizada adotando-se a
275 Estratégia 8. A Estratégia 13 é considerada como aquela que minimiza o valor da coancestria
276 no rebanho.

277 A penalização da coancestria com utilização de um ponderador negativo na Função
278 Objetivo, para as estratégias 2 a 13, resulta em aumento do número de carneiros selecionados e
279 redução do mérito genético esperado dos candidatos selecionados, quando comparado à seleção
280 pela Estratégia 1. Ou seja, o aumento do número de carneiros selecionados reflete o efeito da
281 minimização da coancestria. Com isso, a redução da coancestria reduzirá a futura endogamia e,
282 em longo prazo, aumentará o ganho genético (SONESSON; MEUWISSON, 2000, 2001, 2002).

283 A estrutura da população com relacionamentos menos extremos pode melhorar a seleção
284 dos candidatos a reprodutores na próxima geração, pela Contribuição Genética Ótima, uma vez
285 que as relações entre os indivíduos com alto valor genético estimado (EBV) será reduzida. Este
286 resultado, deixa clara a diferença qualitativa entre a seleção por truncamento e a com base na
287 Contribuição Genética Ótima, no que tange o uso e quantidade de reprodutores selecionados.
288 Considerando-se que na seleção truncada, todos os indivíduos com EBV acima de um certo

289 ponto de corte são atribuídas as mesmas proporções de acasalamentos, enquanto com a
 290 Contribuição Genética Ótima, é possível variar o uso entre os candidatos selecionados.

291 A Estratégia 5 apresenta-se como excelente alternativa de seleção para o rebanho, pois
 292 implicou em redução da coancestria em 12% e redução, em termos de ganho genético, de apenas
 293 3% em relação à Estratégia 1 (Tabela 2).

294

295 Tabela 2 – Diferenças, em termos de ganho genético e endogamia em longo prazo, considerando
 296 Estratégias de seleção pela Contribuição Genética Ótima em ovinos Santa Inês

Estratégia	<i>c'EBV</i>			<i>c'Ac</i>		
	<i>d</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>d</i>	<i>d</i>	<i>a</i>
	-	%	%	-	%	%
1	-	-	-	-	-	-
2	0,0109	0,94	0,94	0,0016	5,65	5,65
3	0,0105	0,90	1,84	0,0009	3,18	8,83
4	0,0056	0,48	2,32	0,0004	1,41	10,25
5	0,0091	0,78	3,11	0,0005	1,77	12,01
6	0,0381	3,28	6,39	0,0013	4,59	16,61
7	0,0206	1,77	8,16	0,0004	1,41	18,02
8	0,0377	3,24	11,40	0,0005	1,77	19,79
9	0,0302	2,60	14,00	0,0001	0,35	20,14
10	0,0331	2,85	16,85	0,0001	0,35	20,49
11	0,0143	1,23	18,08	0,0001	0,35	20,85
12	0,0042	0,36	18,44	0,0001	0,35	21,20
13	0,0009	0,08	18,52	0,0000	0,00	21,20

297 *c'EBV* – média do mérito genético predito dos pais selecionados (reflete o ganho genético); *c'Ac* – coancestria
 298 média dos animais em reprodução (reflete a endogamia em longo prazo); *d* – diferença em relação à Estratégia
 299 anterior; *a* – acumulado.

300

301 Alguns trabalhos destacam o efeito depressor da endogamia sobre características de peso
 302 em ovinos como os realizados por Carolino et al. (2004) e Pedrosa et al. (2010). Norberg e
 303 Sørensen (2007), observaram redução no peso de 0,011; 0,0082 e 0,0088kg a cada 1% de
 304 endogamia em ovinos das raças Texel, Shropshire e Oxford Down, respectivamente. Selvaggi
 305 et al. (2010), relataram perda de 0,019 kg para o peso ao nascer e de 0,031 kg para o peso na
 306 desmama a cada 1% de aumento da endogamia em estudos com a raça Leccese. Porém,
 307 Hossein-Zadeh (2012) não encontrou diferenças significativas no desempenho de ovelhas da
 308 raça Moghani até os 10% de endogamia, nos pesos ao nascer e aos 3 meses de idade.

309 Considerando-se outros aspectos favoráveis à metodologia pesquisada, argumenta-se que
 310 na otimização por Evolução Diferencial a convergência foi rápida (em média 4 segundos), o

311 que pode indicar maior eficiência à uma série de algoritmos evolucionários complexos
312 (MAYER et al., 2005). O programa DEforOC pode ser considerado uma ferramenta de gestão
313 para o planejamento de programas de melhoramento genético a nível populacional em ovinos,
314 visando maximizar o ganho genético, enquanto controla o aumento de taxas futuras de
315 endogamia.

316 Vale ressaltar que, o método testado também pode ser aplicado para avaliar e controlar e
317 direcionar a taxa de endogamia em programas de conservação de animais em risco de extinção,
318 onde o mérito genético não é o fator mais importante. Apesar da endogamia ser inevitável em
319 programas fechados de seleção, o seu aumento precisa ser restrito para reduzir os efeitos
320 negativos.

321 Os resultados denotam a necessidade da informação confiável do *pedigree*, que por mais
322 restrito que seja, deve ser bem estruturado. Assim, o método da Contribuição Genética Ótima
323 pode ser usado para gerar uma medida da eficiência de um esquema de seleção, como afirmado
324 por Fimland (2007).

325 Observa-se que o melhoramento genético de ovinos envolve um antagonismo de forças
326 para conseguir o equilíbrio adequado entre a intensa seleção de um pequeno número de pais na
327 geração atual e manter variabilidade genética suficiente para garantir uma resposta substancial
328 nas gerações futuras. Logo, a perda de variabilidade genética, resultante do aumento da
329 homozigose, pode levar à depressão endogâmica, ocasionando diminuição, em relação à média,
330 do desempenho produtivo dos animais.

331 Diante disso, uma vez que os pais e o número ideal de filhos de cada um deles tenha sido
332 decidido, deve-se determinar o esquema de acasalamentos a ser utilizado. Entretanto, a
333 definição da combinação dos acasalamentos poderia ser realizada simultaneamente com a etapa
334 de seleção, conhecida como Seleção de Acasalamentos, o que poderia resultar na melhor
335 estratégia de seleção e direcionamento adequado do programa de melhoramento genético
336 implantado no rebanho.

337 **Conclusão**

338

339 A seleção de ovinos pela Contribuição Genética Ótima oferece diferentes níveis de ganho
340 genético atingível a partir de restrições sobre a coancestria.

341 É possível minimizar a coancestria, ou restringi-la em um valor pré-definido e maximizar
342 o ganho genético simultaneamente com o uso da Contribuição Genética Ótima.

343

344 **Agradecimentos**

345

346 À Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e ao professor
347 Dr. Wandrick Hauss de Sousa pela concessão de uso dos dados e ao Pesquisador Dr. Roberto
348 Carvalheiro pela disponibilização dos *softwares* utilizados nas análises.

349 **Referências Bibliográficas**

350

351 BIJMA, P.; Van ARENDONK, J. A.; WOOLLIAMS, J. A. Predicting rates of inbreeding for
352 livestock improvement schemes. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 840-853, 2001.

353

354 BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J. A. Prediction of Rates of Inbreeding in populations selected on
355 Best Linear Unbiased Prediction of Breeding Value. **Genetics**, v. 156, p. 361-373, 2000.

356

357 CAROLINO, N.; LOPES, S.; GAMA, L. T. Consanguinidade e depressão consanguínea num
358 efectivo ovino da raça Churra Badana. **Archivos de Zootecnia**, v. 53, p. 229-232, 2004.

359

360 CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A.; KINGHORN, B. Optimum contribution selection
361 using differential evolution. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 1429-1436, 2010.

362

363 COLLEAU, J. J. An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients.
364 **Genetics Selection Evolution**, v. 34, p. 409-421. 2002.

365

366 FIMLAND, E. Genetic diversity and sustainable management of animal genetic resources,
367 globally. **Animal Genetic Resources Information**, v. 41, p. 45-52, 2007

368

369 GONDRO, C.; KINGHORN, B. P. Optimization of cDNA microarray experimental designs
370 using an evolutionary algorithm. **IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and**
371 **Bioinformatics**, v. 5, p. 630-638, 2008.

372

373 HOSSEIN-ZADEH, N. G. Inbreeding effects on body weight traits of Iranian Moghani sheep.
374 **Archiv fur Tierzucht**, v. 55, p. 171-178, 2012.

375

376 MAYER, D. G.; KINGHORN, B. P.; ARCHER, A. A. Differential Evolution – an easy and
377 eficiente evolutionary algorithm for model optimisation. **Agricultural Systems**, v. 83, p.
378 315–328, 2005.

379

380 MENEZES, M. P. C.; MARTINEZ, A. M.; RIBEIRO, M. N.; PIMENTA FILHO, E. C.;
381 BERMEJO, J. V. D. Caracterização genética de raças caprinas nativas brasileiras utilizando-
382 se 27 marcadores microssatélites. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 1336-1341,
383 2006.

384

385 MEUWISSEN, T. H. E. Maximizing the response of selection with a predefined rate of
386 inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 75, p. 934–940, 1997.

387

388 MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90).
389 In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7,
390 2002, Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP, 2002. p.7.

391

392 NORBERG, E.; SØRENSEN, A. C. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish
393 populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. **Journal Animal Science**, v.85, p. 299–
394 304, 2007.

395

396 PAIVA, S. R.; FACÓ, O.; FARIA, D. A. Molecular and pedigree analysis applied to
397 conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical**
398 **Animal Health and Production**, v.43, p.1449-1457, 2011.

- 399 PEDROSA, V. B.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; OLIVEIRA, P. S.; ELER, J.P.; FERRAS, J.
400 B. S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in
401 Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 93, p. 135-139, 2010.
402
- 403 QUAAS, H. L. Computing the diagonal elements and inverse of a numerator relationship
404 matrix. **Biometrics**, v. 32, p. 949-953, 1976.
405
- 406 SELVAGGI, M.; DARIO, C.; PERETTI, V.; CIOTOLA, F.; CARNICELLA, D.; DARIO, M.
407 Inbreeding depression in Laccese sheep. **Small Ruminant Research**, v. 89, p. 42-46, 2010.
408
- 409 SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Mating schemes for optimum contribution
410 selection with constrained rates of inbreeding. **Genetics Selection Evolution**, v. 32, p. 232-
411 248, 2000.
412
- 413 SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Minimization of rate of inbreeding for small
414 populations with overlapping generation. **Genetics Research**, v. 77, p. 285-292, 2001.
415
- 416 SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Non-random mating for selection with restricted
417 rates of inbreeding and overlapping generations. **Genetics Selection Evolution**, v. 34, p. 23-
418 39, 2002.
419
- 420 STORN, R.; PRICE, K. Differential Evolution: a simple and efficient heuristic for global
421 optimization over continuous spaces. **Journal of Global Optimization**. v. 11, p. 341-359,
422 1997.
423
- 424 Van TASSELL, C. P.; Van VLECK, L. D. **A manual for use of MTGSAM: A set of**
425 **FORTRAN programs to apply Gibbs Sampling to animal models for variance component**
426 **estimation.** Lincoln: U. S. Department of Agricultural, Agricultural Research Service, 1995.
427
- 428 WEIGEL, K. A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy**
429 **Science**, v. 84, p. 177-184, 2001.
430
- 431 WRAY, N. R.; GODDARD, M. E. Increasing long-term response to selection. **Genetics**
432 **Selection Evolution**, v. 26, p. 431-451, 1994.

5 CAPÍTULO II

Seleção de Acasalamentos em ovinos Santa Inês

Seleção de Acasalamentos em ovinos Santa Inês

Resumo: Objetivou-se investigar os efeitos da otimização de cinco componentes em uma Função Objetivo para Seleção de Acasalamentos em ovinos. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de rebanhos experimentais de ovinos Santa Inês, relativos ao período de 22 anos consecutivos de coletas. Foram considerados como candidatos para a Seleção de Acasalamento o total de 122 machos e 290 fêmeas. Foi imposta a restrição de que cada macho pode acasalar no máximo 20 vezes e para as fêmeas apenas uma vez. A Função Objetivo utilizada para a definição da Seleção de Acasalamentos contempla: a média do mérito genético predito dos pais selecionados (reflete o ganho genético); a coancestria média dos animais em reprodução (reflete a endogamia em longo prazo); a endogamia média da futura progênie (reflete a endogamia em curto prazo); uma função da variabilidade genética da futura progênie; uma função do número de laços genéticos entre grupos contemporâneos devido a reprodutores em comum (conectabilidade); e os ponderadores associados aos respectivos componentes. As análises da Seleção de Acasalamentos tiveram por base o programa DEforMS. O ganho genético, com a Seleção de Acasalamentos, é reduzido se outros acasalamentos já expressão a melhor conectabilidade entre os rebanhos. A Seleção de Acasalamentos tem efeito sobre os valores genéticos, coancestria, endogamia da futura progênie, variação na progênie e conectabilidade entre rebanhos. Esta pode ser utilizada para seleção de reprodutores e oferece diferentes pontos de partida do ganho genético para sistemas de acasalamento com diferentes restrições sobre os componentes da Função Objetivo.

Palavras-chave: coancestria, conectabilidade de rebanhos, endogamia, resposta de seleção

24 *Mating Selection in Santa Inês sheep*

25

26 **Abstract** – This study aimed to investigate the effects of optimization of five components in an
27 Objective Function for Mate Selection in sheep. The data used in this study are from
28 experimental flocks of sheep Santa Ines, for the period of 22 consecutive years of collections.
29 Were considered as candidates for Mate Selection a total of 122 males and 290 females. The
30 constraint that each male may mate at most 20 times and for females only once was imposed.
31 The Objective Function used to define the Mate Selection includes: the average genetic merit
32 predicted of the selected parents (reflects the genetic gain); the average coancestry of animals
33 in reproduction (reflects inbreeding in the long-term); the average inbreeding of future progeny
34 (reflects the inbreeding in the short term); a function of the genetic variability of future progeny;
35 a function of the number of genetic links between contemporary groups due to breeding in
36 common (connectedness); and the weights associated with the respective components. The
37 Analysis of Mate Selection were carried out using DEforMS program. The genetic gain, with
38 the Mate Selection is reduced if other matings already express the best connectability among
39 the flocks. The Mate Selection takes effect on breeding values, coancestry, inbreeding of future
40 offspring, variation in progeny and connectability between flocks. This can be used for selection
41 of breeders and offers different starting points of the genetic gain for mating systems with
42 different restrictions on the components of the Objective Function.

43

44 **Keywords:** coancestry, connectedness among herd, inbreeding, selection response

45 **Introdução**

46

47 Modernas tecnologias ou o aprimoramento de outras que permitam obter maior
48 produtividade e qualidade da produção, com a melhoria genética dos rebanhos, devem-se
49 incorporar às necessidades da ovinocultura no Brasil. Entre as ferramentas de melhoramento
50 genético, a seleção é fundamental, e se integrado à utilização de informações genéticas para a
51 seleção de reprodutores, a otimização de uma função para o direcionamento dos acasalamentos
52 pode permitir maior progresso genético dos rebanhos.

53 Analisando isoladamente, percebe-se que o acasalamento, na criação de ovinos, é visto
54 apenas na perspectiva da exploração de heterose, para propósitos corretivos ou com a finalidade
55 de evitar endogamia na progênie. Em função disso, o melhoramento genético praticado com as
56 decisões sobre seleção e determinação de acasalamentos tomadas de maneira simultânea,
57 Seleção de Acasalamentos, visa maximizar o ganho genético dos rebanhos minimizando os
58 efeitos indesejáveis sobre o sistema de criação.

59 A Seleção de Acasalamentos pode apresentar diferentes efeitos sobre componentes
60 ligados ao progresso genético do rebanho, tais como: endogamia (em curto e longo prazo) e
61 variabilidade genética da futura progênie (ao afetar as mudanças genéticas ao longo do tempo).
62 Além disso, a Seleção de Acasalamentos permite melhorar a conectabilidade entre os diferentes
63 rebanhos avaliados com o propósito de elevar a troca de material genético entre os mesmos.
64 Vale ressaltar que as informações de conectabilidade se mostram com maior importância nas
65 avaliações genéticas de animais com número reduzido de informações de parentes. Como esta
66 situação engloba os rebanhos ovinos que possuem controle de dados, isso pode incrementar a
67 acurácia das avaliações futuras por parte dos ovinocultores.

68 Embora exista reconhecimento geral de que a conectabilidade, endogamia e a
69 variabilidade genética possam interagir, a Seleção de Acasalamentos deve ser voltada aos
70 objetivos e necessidades do criador. Assim, torna-se necessária a definição de uma estratégia
71 ótima que se direcione aos objetivos almejados, cuja situação sugere a combinação (otimização)
72 destes componentes de forma a proporcionar maiores retornos à atividade praticada, ou seja,
73 que pode ser refletida em ganho genético.

74 Em geral, a abordagem de problemas de otimização, envolve a minimização ou
75 maximização de um índice (Função Objetivo) que está relacionado aos componentes do
76 sistema, sobre os quais se tem controle e serão modificados ou utilizados para definir a melhor
77 solução (ponto ótimo). Assim, pode-se dizer que a otimização se refere a obter os valores dos

78 componentes de decisão da Função Objetivo, que correspondem e fornecem o valor ótimo para
79 as situações de interesse.

80 Com o desenvolvimento de algoritmos computacionais eficientes, que imitam processos
81 evolucionários, tornou-se possível a busca por melhores soluções que podem atender as
82 necessidades dos ovinocultores na integração das questões ligadas a Seleção de Acasalamentos.
83 Os algoritmos com este perfil podem integrar assuntos técnicos, logísticos e de custos, além de
84 considerar o uso oportuno de animais superiores e outros recursos para gerar os melhores
85 produtos (KINGHORN; SHEPHERD, 1998; KINGHORN, 2008, 2011).

86 Entretanto, parece não haver consenso na literatura quanto aos componentes integrantes
87 mais adequados em uma função para investigar a otimização da Seleção de Acasalamentos.
88 Assim, fica evidente a necessidade de estudos que permitam avanços no conhecimento sobre
89 este tipo de questão, sendo recomendável, inclusive, que diferentes situações e ponderadores
90 sejam comparados, de modo a identificar conjunturas que mais se adequem a cada estrutura
91 populacional e tipo de característica avaliada. Diante disso, com o desenvolvimento desta
92 pesquisa, objetivou-se investigar os efeitos da otimização de cinco componentes em uma função
93 para Seleção de Acasalamentos em ovinos da raça Santa Inês.

94 **Material e Métodos**

95

96 Os dados utilizados neste estudo são provenientes de dois rebanhos experimentais de
97 ovinos da raça Santa Inês, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da
98 Paraíba (EMEPA-PB), relativos ao período de 22 anos consecutivos de coletas.

99 O arquivo inicial constava de 3.365 registros de animais com informações ponderais,
100 mensuradas, em média, a cada 28 dias, desde o nascimento aos 196 dias de idade. Foram
101 consideradas para análise: as informações dos cordeiros pesados aos 84 dias de idade (P84);
102 nascidos de parto simples ou múltiplo; com peso dentro da média de todos os animais de mesmo
103 grupo de contemporâneos (GC) \pm três e meio desvios padrão; e que pertenciam a GCs com no
104 mínimo quatro animais. A definição dos GCs incluiu: rebanho, ano e período de nascimento,
105 sexo e tipo de nascimento do cordeiro. Foram definidos dois períodos de nascimento: período
106 chuvoso (fevereiro a julho) e período seco (agosto a janeiro).

107 Com a finalidade de avaliar o impacto da conectabilidade nos dois rebanhos, estes foram
108 subdivididos adotando-se o critério de período de reprodução, nos quais os animais ficaram
109 alocados em 4 lotes distintos, ou seja, cada rebanho foi dividido em 2 lotes conforme o período
110 de reprodução (chuvoso ou seco) de acordo com critérios preestabelecidos. Permaneceram no
111 arquivo animais com pai e mãe conhecidos, restando 2970 informações na matriz de parentesco
112 para as análises.

113 A relação de parentesco entre os animais avaliados foi obtida com a utilização do módulo
114 MTGSNRM, que adota o método descrito por Quaas (1976) para cálculo da inversa da matriz
115 de numeradores do coeficiente de parentesco de Wrigth (A^{-1}), contido no pacote computacional
116 MTGSAM - *Multiple Trait Gibbs Sampling for Animal Models*, desenvolvido por Van Tassell
117 e Van Vleck (1995).

118 Os valores genéticos dos animais, considerados na análise, foram preditos sob modelo
119 animal, e expressos em EBVs - *Expected Breeding Values*, por meio do programa GIBBS1F90
120 (MISZTAL et al., 2002), que usa metodologia Bayesiana com amostragem de Gibbs para
121 características de distribuição contínua. Considerou-se no modelo os efeitos: genéticos aditivos
122 direto e materno com covariância diferente de zero; dos grupos de contemporâneos (definidos
123 anteriormente); a idade da matriz ao parto como covariável com efeito quadrático; e o erro
124 associado às observações.

125 As análises genéticas foram realizadas com cadeias de 1 milhão de ciclos. Considerou-se
126 o descarte (*burn-in*) dos 100 mil valores iniciais e, posteriormente, foram tomados valores a
127 cada 300 ciclos, para se obter a distribuição *a posteriori* com 3.000 amostras. Neste estudo o

128 grau de liberdade correspondente à distribuição Wishart Invertida, que indica o grau de
 129 confiabilidade da distribuição inicial (v), foi *flat* para todas as variâncias iniciais, ou seja, não
 130 refletia grau de conhecimento sobre os parâmetros ($v = 0$).

131 Foram considerados aptos à reprodução os animais machos, vivos, com idade entre 1 e 3
 132 anos e valores genéticos preditos maiores que 0,2. Com relação as fêmeas, foram consideradas
 133 aptas à reprodução aquelas com idade entre 1 e 4 anos, vivas, que tenham parido a mais de 3
 134 meses e com valores genéticos preditos maiores que zero. Dessa forma, restaram para análise
 135 da Seleção de Acasalamento o total de 122 machos e 290 fêmeas. Foi imposta a restrição de
 136 que cada macho pode acasalar no máximo 20 vezes e para as fêmeas apenas uma, visto que o
 137 manejo reprodutivo praticado nas fazendas experimentais é de monta natural controlada.

138 As Funções Objetivo (OF) utilizadas para a definição da Seleção de Acasalamentos deste
 139 estudo podem ser descritas de uma forma geral pela equação a seguir:

140

$$141 \quad OF = \lambda_1 c'EBV + \lambda_2 c'Ac + \lambda_3 F_prog + \lambda_4 varEBV + \lambda_5 Conect$$

142

143 sendo: $c'EBV$ a média do mérito genético predito dos pais selecionados (reflete o ganho
 144 genético); $c'Ac$ a coancestria média dos animais em reprodução (reflete a endogamia em longo
 145 prazo); F_prog a endogamia média da futura progênie (reflete a endogamia em curto prazo);
 146 $varEBV$ uma função (descrita adiante) da variabilidade genética da futura progênie; $Conect$
 147 uma função (descrita adiante) do número de laços genéticos entre grupos contemporâneos
 148 devido a reprodutores em comum (conectabilidade); e λ_1 a λ_5 os ponderadores associados aos
 149 respectivos componentes. O vetor c representa a Contribuição Genética dos candidatos à
 150 reprodução (o sinal ' indica vetor transposto). EBV o vetor de soluções BLUP (valores
 151 genéticos) para o efeito genético aditivo direto e A a matriz de numeradores do coeficiente de
 152 parentesco de Wright.

153 A função da variabilidade genética da futura progênie ($var EBV$) adotada foi a média dos
 154 desvios dos valores genéticos esperados da progênie elevado ao cubo, de 50% das melhores
 155 fêmeas em reprodução. Isso objetivou favorecer acasalamentos associativos positivos para as
 156 matrizes superiores. As funções do número de Laços Genéticos Totais entre grupos
 157 contemporâneos ($Conect$ – conectabilidade) foram utilizadas com o objetivo de melhorar o
 158 grau de conectabilidade futura e, conseqüentemente, a acurácia das avaliações genéticas. As
 159 funções consideradas, tomaram por base o número de ligações genéticas entre os GCs devido a
 160 reprodutores comuns. Quatro funções de conectabilidade foram investigadas: número de grupos

161 desconectados (N_{disc}); média aritmética dos laços genético totais (A_{lgt}); média harmônica
 162 dos laços genético totais (H_{lgt}); e o número mínimo de laços genético dos grupos
 163 contemporâneos (M_{lgt}).

164 Inicialmente, cada componente da OF foi analisado individualmente em função do mérito
 165 genético predito dos reprodutores ($c'EBV$), com objetivo de identificar o ponto ótimo da
 166 situação em questão, que foi definido empiricamente, considerando as perdas genéticas
 167 aceitáveis em função da minimização ou maximização do componente, contrastando situações
 168 impostas aos respectivos ponderadores nas funções OF_1 , OF_2 , OF_3 e OF_4 (Quadro 1).
 169 Com a definição do ponto ótimo individual de cada componente das funções estudadas (OF_1 ,
 170 OF_2 , OF_3 e OF_4), definiu-se os valores dos ponderadores para a OF_5 (Quadro 1).

171

172 Quadro 1 – Esquema de ponderação e restrições para cinco Funções Objetivo

Função	Componentes				
	$c'EBV$	$c'Ac$	F_{prog}	$varEBV$	$Conect$
OF_1	1	0	0	0	λ_5
OF_2	1	0	0	λ_4	0
OF_3	1	0	λ_3	0	0
OF_4	1	λ_2	0	0	0
OF_5	1	λ_2^*	λ_3^*	λ_4^*	λ_5^*

173 OF – Função Objetivo; λ – ponderador para o componente corresponde; λ^* – ponderador otimizado; $c'EBV$ –
 174 contribuições genéticas dos animais; $c'Ac$ – coancestria média; F_{prog} – endogamia média da futura progênie;
 175 $varEBV$ – variabilidade genética da futura progênie; $Conect$ – funções de conectabilidade.

176

177 A ponderação para $c'EBV$ igual a zero foi imposta nas funções estudadas (OF_1 , OF_2 ,
 178 OF_3 e OF_4) visando estabelecer o valor se apenas o componente da respectiva Função
 179 Objetivo (conectabilidade, variabilidade da progênie, endogamia da progênie ou coancestria)
 180 fosse maximizado ou minimizado.

181 As análises da Seleção de Acasalamentos tiveram por base o programa DEforMS –
 182 *Differential Evolution for Mate Selection* (CARVALHEIRO et al., 2010). O programa foi
 183 escrito em linguagem FORTRAN, que adota o algoritmo de otimização de Evolução Diferencial
 184 foi configurado com os seguintes conjuntos de parâmetros operacionais: tamanho da *população*
 185 = duas vezes o número de candidatos a seleção; *taxa de recombinação* (CR) = 0,5 (ou $CR = 0,1$
 186 se *geração* > 2500); e *fator de mutação* (F) = 0,1 (ou $F = 1,0$ a cada 4 *gerações*). A convergência
 187 do processo evolutivo foi assumida quando o intervalo e o desvio médio absoluto da *aptidão*,
 188 considerando todos os *indivíduos* de uma *geração* do algoritmo de Evolução Diferencial, foram
 189 menores do que 1×10^{-6} , ou quando o número máximo de *gerações* atingisse 1×10^4 . Os termos

190 *geração, indivíduos, população, aptidão, mutação e recombinação* foram usados para ajudar a
191 ilustrar a Evolução Diferencial, e estes não devem ser confundidos com termos similares
192 utilizados para a criação de animais.

193 Foi usado para melhorar a velocidade e a viabilidade do programa uma abordagem
194 indireta para calcular a coancestria, o algoritmo proposto por Colleau (2002). A interface do
195 programa é simples, sendo controlada por meio de um arquivo de parâmetros. Todos os dados
196 e restrições do número de acasalamentos foram especificados no arquivo de parâmetros. Estas
197 especificações podem ser modificadas, o que confere grande flexibilidade ao programa no
198 atendimento a diversas situações. Ressalta-se que a Seleção de Acasalamentos não faz qualquer
199 predição com relação ao sexo do animal a ser gerado pelo acasalamento recomendado.

200 **Resultados e Discussão**

201

202 A análise dos dois rebanhos, divididos em lotes, indica baixo grau de conectabilidade
 203 entre os grupos de contemporâneos (GCs), sendo que o menor número de laços genéticos
 204 observado por GC, nos diferentes casos estudados, é zero e o máximo 6. Assim, dos 181 grupos
 205 de contemporâneos formados no arquivo de dados, nos quais os animais foram avaliados, 102
 206 são considerados como desconectados. Observa-se aumento no número de grupos conectados
 207 de 79 para 84 quando há otimização deste componente na Função Objetivo (*OF_1*) (Tabela 1).

208

209 Tabela 1 - Otimização dos componentes da Função Objetivo (*OF_1*) em relação aos
 210 ponderadores adotados para a conectabilidade dos rebanhos de ovinos Santa Inês

Ponderador ¹		Função Objetivo								N_Sire
λ_1	λ_5	<i>c'EBV</i>	<i>c'Ac</i>	<i>F_prog</i>	<i>varEBV</i>	<i>Conect</i>				
						N_disc	A_lgt	H_lgt	M_lgt	
1	0	1,1620	0,0283	0,0215	4,062	102	543,5	126,47	0	15
1	0,001	1,1519	0,0283	0,0196	4,1044	100	552,97	170,87	6	16
1	0,005	1,1421	0,0284	0,0151	4,0733	100	552,97	174,99	6	17
1	0,01	1,1365	0,0287	0,0204	4,1961	99	554,59	175,47	6	16
1	0,02	1,1229	0,0289	0,0171	4,0079	97	561,33	176,61	6	17
1	0,03	1,1181	0,0292	0,0168	3,9382	97	561,48	176,76	6	18
1	0,04	1,1104	0,0293	0,0183	3,8167	97	561,67	176,98	6	16
1	0,05	1,0973	0,0288	0,0162	3,8739	97	561,69	177,17	6	21
1	0,1	1,0889	0,0292	0,0189	3,8122	97	560,53	177,11	6	24
1	0,3	1,0231	0,0280	0,0183	3,9309	97	559,39	177,09	6	47
1	0,5	0,9737	0,0273	0,0192	3,3961	97	558,04	177,03	6	45
0	1	0,5672	0,0306	0,0265	1,2303	97	557,18	177,12	6	56

211 ¹ - demais ponderadores da Função Objetivo iguais a zero; λ_1 – ponderador para o mérito genético predito dos
 212 animais; λ_5 – ponderador para a conectabilidade; *c'EBV* – contribuições genéticas dos animais; *c'Ac* – coancestria
 213 média; *F_prog* – endogamia média da futura progênie; *varEBV* – variabilidade genética da futura progênie;
 214 *Conect* – funções de conectabilidade; N_sire – número de machos selecionados para reprodutores; N_disc –
 215 número de grupos de contemporâneos desconectados; A_lgt – média aritmética do número de laços genéticos
 216 totais entre os grupos de contemporâneos; H_lgt – média harmônica do número de laços genéticos totais entre os
 217 grupos de contemporâneos; M_lgt – número mínimo de laços genéticos totais entre os grupos de contemporâneos
 218 conectados.

219

220 O uso da conectabilidade permitiu a identificação de GCs desconectados (sem ligações
 221 genéticas). Isso sugere que a avaliação da qualidade da conectabilidade entre GCs poderia ser
 222 realizada antes de iniciar a avaliação, visto que os pacotes computacionais disponíveis para
 223 avaliação genética não indicam quando existem GCs desconectados ou fracamente conectados.

224 Ressalta-se que a adoção desta prática visa modificar a tendência real em relação à
225 conectabilidade e aumentar a precisão das comparações. Além disso, o aumento da
226 conectabilidade permite a decomposição mais eficiente da variação fenotípica, ou seja, a
227 separação das diferenças genéticas de diferenças ambientais entre rebanhos.

228 Observa-se, na Tabela 1, que a Seleção de Acasalamentos possibilitou melhorar o grau
229 de conectabilidade, ou seja, a otimização da Função Objetivo em relação a este componente
230 (OF_1), resultando em incrementos nos seguintes pontos: no número de machos selecionados
231 para serem acasalados (N_{sire}); na média aritmética (A_{lgt}) e harmônica do número de laços
232 genéticos (H_{lgt}); e no número mínimo de laços genético dos grupos contemporâneos (M_{lgt}).
233 Com isso, a definição da Seleção de Acasalamento com 17 machos ($N_{sire} = 17$) possibilita
234 obter bom nível de conectabilidade ($N_{disc} = 97$; $A_{lgt} = 561,33$; $H_{lgt} = 176,61$) que se
235 aproxima ao nível máximo ($\lambda_1 = 0$ e $\lambda_5 = 1$), sem comprometer expressivamente os níveis
236 médios dos demais componentes da Função Objetivo.

237 Considerando-se o aumento do peso ao ponderador do componente conectabilidade,
238 observa-se, na Tabela 1, que o ganho genético, com a Seleção de Acasalamentos, diminui se
239 outros acasalamentos já denotam a melhor conexão entre os rebanhos.

240 As médias aritméticas dos laços genéticos entre os GCs (Tabela 1) são superiores a 500
241 e isso pode ser indicativo de que parte dos GC conectados estão fortemente ligados (ROSO et
242 al., 2004). Porém, o incremento no número mínimo de laços genéticos, que passou de 0 para 6,
243 indica que alguns destes grupos podem apresentar baixa intensidade, quanto ao número de
244 laços. Com menor número de ligações genéticas, as comparação dos valores genéticos preditos
245 para os carneiros de diferente GCs é menos precisa, mesmo se a acurácia dos valores genéticos
246 preditos for elevada dentro dos grupos (KENNEDY; TRUS, 1993).

247 Ressalta-se que a média aritmética é indicada quando os dados não são viesados (sem os
248 *outliers* extremos) e quando os pontos de dados individuais não são dependentes uns dos outros
249 (quando os dados não estão inter-relacionados). Entretanto, fica evidente que isso não ocorreu
250 nesta análise. Assim, a média harmônica do número de laços genéticos (A_{lgt}) pode ser o valor
251 mais correto para esta análise. Adotando-se o critério descrito por Roso et al. (2004), como o
252 valor mínimo para considerar o grau de conectabilidade, pode-se inferir que os grupos avaliados
253 apresentam-se quase 3 vezes abaixo do valor mínimo estabelecido para serem considerados
254 fortemente conectados.

255 A dinâmica reprodutiva destes rebanhos, manejado com monta natural controlada,
256 poderia aumentar o número de laços existentes com a simples troca de animais reprodutores
257 entre rebanhos (conexões), porém, a medida que o número de animais do rebanho aumenta,

258 sem a utilização do controle dos dados, isso não seria fácil. Diante disso, ressalta-se que a
259 acurácia das comparações depende do grau de conectabilidade genética entre os grupos de
260 contemporâneos (GCs) e os resultados indicam que pode ocorrer viés no ranqueamento dos
261 melhores animais, visto que a conectabilidade entre os GCs ocorre por meio de relações
262 genéticas aditivas.

263 Estatisticamente o nível de conectabilidade não afeta a predição dos valores genéticos,
264 porém, existe a tendência de correlações maiores entre os valores genéticos verdadeiro e predito
265 quando a conectabilidade aumenta (TARRÉS et al., 2010; DUITAMA et al., 2014). Contudo,
266 quanto maior o nível de erros na seleção dos animais reprodutores, maiores poderão ser as
267 reduções no ganho genético. Diante disso, a comparação entre animais nos diferentes grupos
268 mostra-se necessária para fornecer uma classificação confiável dos animais em todos os GCs e,
269 segundo Roso et al. (2004), a precisão da comparação entre animais em diferentes GCs é maior
270 se os grupos estão bem conectados.

271 Observa-se que o uso planejado de reprodutores com elevado valor genético entre os
272 rebanhos considerados, além de promover o melhoramento genético na população como um
273 todo, pode aumentar a conectabilidade entre os rebanhos pela distribuição das progênie em
274 maior número de GCs. Outra alternativa seria o encurtamento da estação de monta e
275 conseqüentemente da estação de nascimento. Com os nascimentos mais concentrados seria
276 possível aumentar o tamanho dos grupos e/ou reduzir a variabilidade de ambiente dentro dos
277 grupos.

278 Observa-se que a conectabilidade não necessariamente beneficia grandes GCs, porque
279 pequenos GCs podem ter grande número de laços de ligações e, conseqüentemente, diminui a
280 variância do erro de predição médio. Kennedy e Trus (1993) ressaltam que a minimização da
281 variância do erro de predição não necessariamente maximizará os ganhos genéticos, pois pode
282 vir a um custo de reduzida intensidade de seleção. Portanto, para maximizar o ganho genético
283 neste rebanho, o equilíbrio entre conectabilidade e intensidade de seleção pode ser alcançado
284 com adoção da ponderação $\lambda_1 = 1$ e $\lambda_5 = 0,02$ na função objetivo.

285 Em decorrência da elevação do ponderador para a conectabilidade, observa-se que a
286 variabilidade genética da futura progênie (*varEBV*) apresenta diminuição, assim como o mérito
287 genético dos animais. Isso sugere que a definição de um ponto ótimo que se adeque aos
288 objetivos do programa de melhoramento genético do rebanho, deve considerar o fator
289 variabilidade para evitar perdas na futura progênie.

290 Com a otimização do componente variabilidade genética da futura progênie (*varEBV*),
 291 pode-se verificar o comportamento dos demais componente em função das diferentes
 292 ponderações impostas (*OF_2*) (Tabela 2).

293

294 Tabela 2 - Otimização dos componentes da Função Objetivo (*OF_2*) em relação aos
 295 ponderadores adotados para a variabilidade genética da progênie de ovinos Santa
 296 Inês

Ponderador ¹		Função Objetivo						N_sire
λ_1	λ_4	<i>c'EBV</i>	<i>c'Ac</i>	<i>F_prog</i>	<i>varEBV</i>	<i>Conect</i>		
						N_disc	A_lgt	
1	0	1,1620	0,0283	0,0215	4,0620	102	543,50	15
1	0,000002	1,1620	0,0283	0,0176	4,9463	102	543,50	15
1	0,003	1,1620	0,0283	0,0148	5,1319	102	543,50	15
1	0,05	1,1615	0,0283	0,0178	5,7092	102	543,50	16
0	1	1,0928	0,0283	0,0164	5,7098	102	543,50	45

297 ¹ - demais ponderadores da Função Objetivo iguais a zero; λ_1 – ponderador para o mérito genético predito dos
 298 animais; λ_4 – ponderador para a variabilidade genética da futura progênie; *c'EBV* – contribuições genéticas dos
 299 animais; *c'Ac* – coancestria média; *F_prog* – endogamia média da futura progênie; *varEBV* – variabilidade
 300 genética da futura progênie; *Conect* – funções de conectabilidade; N_sire – número de machos selecionados para
 301 reprodutores; N_disc – número de grupos de contemporâneos desconectados; A_lgt – média aritmética do número
 302 de laços genéticos totais entre os grupos de contemporâneos.

303

304 Na situação (maximização do ponderador), observa-se que é possível aumentar a
 305 proporção de animais com desempenho dentro de um intervalo ótimo em termos funcionais
 306 apenas com a troca de alguns reprodutores.

307 Observa que a coancestria (endogamia em longo prazo) permanece praticamente
 308 inalterada em função do incremento no ponderador da variabilidade genética da futura progênie
 309 (Tabela 2). Além disso, observa-se que há diminuição na endogamia da futura progênie. Este
 310 resultado contrapõe em parte os estudos de Quinton e Smith (1995), onde consta que a possível
 311 consequência da busca por animais extremos tente aumentar o número de acasalamentos
 312 endogâmicos e, conseqüentemente do coeficiente médio de endogamia.

313 Ressalta-se que, níveis similares ao máximo de variabilidade genética da futura progênie
 314 podem ser alcançado apenas com a maximização deste componente na Função Objetivo ($\lambda_1 =$
 315 1 e $\lambda_4 = 0,05$) sem grandes perdas em relação ao ganho genético. Observa-se, na Tabela 2, o
 316 aumento no número de machos a serem selecionados de 16 para 45, quando se eleva o
 317 ponderador para a variabilidade da progênie ao máximo e desconsidera-se os demais
 318 ponderadores da função. Com a alternativa de formar grupos de animais, tão próximos

319 geneticamente quanto possível, esta estratégia poderia induzir a produção mais concentrada de
320 animais superiores e uniformes.

321 Como a função estatística para cálculo da variância genética da futura progênie objetiva
322 favorecer acasalamentos associativos positivos das matrizes superiores, ressalta-se que após
323 uma única geração de acasalamento, o acasalamento associativo positivo aumenta a
324 probabilidade de nascimento de animais com genótipos extremos superiores, o que, exceto para
325 características com ótimo intermediário, é um resultado de grande interesse aos programas de
326 melhoramento genético, que buscam melhores oportunidades de comercialização de material
327 genético e aceleração do progresso genético (CARVALHEIRO et al., 2007).

328 Observa-se que a não otimização do componente $varEBV$ ($\lambda_1 = 1$ e $\lambda_4 = 0$), poderá
329 resultar em acasalamentos que favorece nascimentos de descendentes com menor variabilidade
330 genética. Este fato até pode ser pouco conhecido, pois, sem o auxílio de um *software* adequado,
331 esta seria uma tarefa praticamente não executável, dado o número de combinações possíveis e
332 cálculos necessários. Isso comprova o potencial desta estratégia de Seleção de Acasalamento
333 para diminuir ou aumentar a variabilidade da progênie, uma vez que, em termos práticos a
334 $varEBV$ é uma indicação que reflete a amplitude de EBV entre os animais na próxima geração
335 e isso pode ser benéfico em termos de rentabilidade para o produtor.

336 O nível de endogamia geral do rebanho pode ser considerado de magnitude elevada, em
337 torno de 9%, possivelmente por não haver controle rígido nas fazendas experimentais avaliadas.
338 Estes resultados, apesar de não serem preocupantes, demonstram que existe interesse quanto a
339 redução do desempenho dos animais e, consecutivamente, dos rendimentos, relacionado aos
340 efeitos da endogamia.

341 Com base nos resultados obtidos, fica evidente que é possível controlar a endogamia em
342 curto e longo prazo ao direcionar os acasalamentos sem comprometer o mérito predito da
343 progênie. Diante disso, a importância da análise da endogamia nesta pesquisa relaciona-se à
344 perda de variabilidade genética da progênie e a consequente diminuição das oportunidades de
345 seleção dos animais pelos produtores. Por essa razão, diferentes ponderadores para minimizar
346 os efeitos da endogamia na progênie (endogamia em curto prazo) foram avaliados e os
347 resultados são apresentados na Tabela 3.

348 Tabela 3 - Otimização dos componentes da Função Objetivo (*OF_3*) em relação aos
 349 ponderadores adotados para a endogamia da progênie de ovinos Santa Inês

Ponderador ¹		Função Objetivo						N_sire
λ_1	λ_3	<i>c'EBV</i>	<i>c'Ac</i>	<i>F_prog</i>	<i>varEBV</i>	<i>Conect</i>		
						N_disc	A_lgt	
1	0	1,1620	0,0283	0,0215	4,0620	102	543,5	15
1	-0,0002	1,1620	0,0283	0,0104	4,4197	102	534,5	15
1	-0,002	1,1620	0,0283	0,0094	4,3200	102	534,5	15
1	-0,5	1,1620	0,0283	0,0076	4,2081	102	534,5	15
1	-1	1,1620	0,0283	0,0076	4,1742	102	543,5	16
1	-20	1,0830	0,0262	0,0068	3,7314	102	534,5	39
1	-50	0,9959	0,0232	0,0065	3,5027	102	534,5	49
0	-1	0,6838	0,0217	0,0060	1,8251	102	534,5	47

350 ¹ - demais ponderadores da Função Objetivo iguais a zero; λ_1 – ponderador para o mérito genético predito dos
 351 animais; λ_3 – ponderador para endogamia da futura progênie; *c'EBV* – contribuições genéticas dos animais; *c'Ac*
 352 – coancestria média; *F_prog* – endogamia média da futura progênie; *varEBV* – variabilidade genética da futura
 353 progênie; *Conect* – funções de conectabilidade; N_sire – número de machos selecionados para reprodutores;
 354 N_disc – número de grupos de contemporâneos desconectados; A_lgt – média aritmética do número de laços
 355 genéticos totais entre os grupos de contemporâneos.

356

357 Observa-se que a taxa de endogamia média da futura progênie (*F_prog*) pode ser
 358 minimizada sem que haja prejuízos significativos ao mérito genético dos animais, apenas com
 359 a seleção de diferentes reprodutores do rebanho. Destaca-se que os demais componentes da
 360 Função Objetivo apresentam poucas modificações com a minimização deste componente
 361 individualmente (*OF_3*), exceto a variabilidade genética da futura progênie. Informa-se que, o
 362 nível mínimo de endogamia da progênie (0,0060) pode ser alcançado com o acasalamento de
 363 47 reprodutores definidos pelo programa.

364 Mesmo que o efeito depressivo de endogamia não cause reduções importantes na
 365 produção, o aumento intencional da endogamia deve ser evitado, uma vez que, os efeitos
 366 negativos no animal são globais e cumulativos e as perdas econômicas podem resultar da
 367 diminuição da produção, por meio da redução do tempo de vida produtiva, observados em
 368 características ligadas à reprodução e sobrevivência (VASCONCELOS et al., 2005). Van Wyk
 369 et al. (2009), estudaram durante 62 anos os efeitos da endogamia em ovinos e constataram
 370 efeitos de depressão endogâmica de -0,0006 kg para o peso ao nascer e -0,093 Kg para o peso
 371 ao desmame a cada 1% de endogamia.

372 A maior parte da endogamia em ovinos da raça Santa Inês, tem origem da utilização
 373 intensiva de reprodutores, pois a intensidade de seleção é particularmente elevada nessa raça.
 374 Uma das consequências disso é que um número relativamente pequeno de reprodutores, a maior

375 parte com forte relacionamento familiar, é responsável pela manutenção de quase todo o efetivo
376 da raça (REGO NETO et al., 2014). Ou seja, a utilização dos animais que apresentam melhor
377 desempenho, eleva a chance dos indivíduos das próximas gerações descenderem de um
378 pequeno número de reprodutores intensivamente utilizados e aparentados entre si. Isso pode
379 resultar em incrementos na endogamia e diminuição da variabilidade genética dos rebanhos.

380 A otimização da endogamia média da futura progênie (F_{prog}) resulta em variação na
381 distribuição dos índices genéticos esperados dos produtos ($varEBV$), possivelmente com
382 grande proporção de animais extremos em comparação. É evidente que os programas de
383 melhoramento genético não buscam a produção de animais inferiores, mas sim promover o
384 ganho genético e melhor uniformidade dos produtos, o que resulta em maiores benefícios
385 comerciais para os ovinocultores.

386 Observa-se que o nível de F_{prog} (Tabela 3), em relação à sua minimização até o $\lambda_3 = -$
387 0,5; não modificou em termos do componente $c'EBV$, resultando na seleção dos 15 melhores
388 machos (classificação pelo EBV). Isso deixa explícito que a Seleção de Acasalamentos, ou seja,
389 a definição da ovelha a que será acasalada com determinado carneiro pode proporcionar a
390 minimização da endogamia esperada da futura progênie, assim como pode proporcionar
391 variação no componente $varEBV$. Argumenta-se que o uso da Seleção de Acasalamentos pode
392 promover redução nos níveis de endogamia e conseqüentemente elevação do tamanho efetivo
393 da população.

394 Ao se considerar apenas a otimização do componente coancestria média (OF_4), observa-
395 se que é possível conectar grupos de contemporâneos não relacionados, evitar relacionamentos
396 extremos inferiores o que pode melhorar a variabilidade da futura progênie, diminuir a
397 endogamia da futura progênie sem que hajam perdas consideráveis de ganho genético (Tabela
398 4).

399 Observa-se que a coancestria ($c'Ac$) é principalmente uma função da intensidade de
400 seleção. Pois, com a minimização deste componente na Função Objetivo (OF_4), observa-se o
401 crescente aumento no número de carneiros selecionados para reprodutores (N_{sire}). Porém,
402 vale mencionar que o uso excessivo e desigual de alguns reprodutores pode contribuir para
403 aumento da endogamia, ao longo das gerações.

404 Tabela 4 – Otimização dos componentes da Função Objetivo (*OF_4*) em relação aos
 405 ponderadores adotados para a coancestria em ovinos Santa Inês

Ponderador ¹		Função Objetivo						N_sire
λ_1	λ_2	<i>c'EBV</i>	<i>c'Ac</i>	<i>F_prog</i>	<i>varEBV</i>	<i>Conect</i>		
						N_disc	A_lgt	
1	0	1,1620	0,0283	0,0215	4,0621	102	543,5	15
1	-1	1,1620	0,0283	0,0189	4,2983	102	534,5	15
1	-10	1,1510	0,0266	0,0142	4,3087	102	534,5	17
1	-20	1,1185	0,0245	0,0116	4,1448	102	534,5	21
1	-30	1,0816	0,0229	0,0115	3,7812	102	534,5	24
1	-50	1,0299	0,0216	0,0122	3,6106	102	534,5	30
1	-80	0,9259	0,0200	0,0145	3,1608	102	534,5	38
1	-90	0,9011	0,0197	0,0112	3,0861	102	534,5	40
1	-100	0,8789	0,0195	0,0157	2,9076	102	534,5	40
1	-200	0,7798	0,0188	0,0132	2,4206	102	534,5	45
1	-400	0,7163	0,0186	0,0089	2,1501	102	534,5	50
1	-500	0,7018	0,0185	0,0118	2,0556	102	534,5	52
0	-1	0,6609	0,0185	0,0125	1,7947	102	534,5	49

406 ¹ - demais ponderadores da Função Objetivo iguais a zero; λ_1 – ponderador para o mérito genético predito dos
 407 animais; λ_2 – ponderador para coancestria; *c'EBV* – contribuições genéticas dos animais; *c'Ac* – coancestria média;
 408 *F_prog* – endogamia média da futura progênie; *varEBV* – variabilidade genética da futura progênie; *Conect* –
 409 funções de conectabilidade; N_sire – número de machos selecionados para reprodutores; N_disc – número de
 410 grupos de contemporâneos desconectados; A_lgt – média aritmética do número de laços genéticos totais entre os
 411 grupos de contemporâneos.

412

413 Relata-se outro efeito favorável da utilização da técnica Seleção de Acasalamentos
 414 quando o acasalamento apresenta mínima coancestria, pois neste caso há diminuição dos níveis
 415 de endogamia da progênie e, portanto, também dos pais da próxima geração, o que pode levar
 416 a maior variação da amostragem Mendeliana. Visto que, maior variação de amostragem
 417 Mendeliana pode elevar a variância genética e os ganhos genéticos (AVENDAÑO et al., 2003;
 418 AVENDAÑO et al., 2004; AVENDAÑO et al., 2005; VILLANUEVA; AVENDAÑO, 2006).
 419 Vale mencionar que o verdadeiro valor para amostragem Mendeliana dos candidatos
 420 selecionados é desconhecido.

421 Contrastando-se os resultados das Tabelas 3 e 4, observa-se que, embora a consideração
 422 de endogamia em programas de acasalamento possa conferir benefícios econômicos para a
 423 próxima geração, as taxas de endogamia em longo prazo (coancestria) são relativamente pouco
 424 afetadas.

425 O método da Seleção de Acasalamentos faz uso do conhecimento de toda a gama de
 426 animais reais disponíveis para reprodução (machos e fêmeas) no momento da tomada de

427 decisão, bem como de outros fatores (componentes da função). Este fato fica evidente ao
428 comparar os resultados apresentados na Tabela 4 aos da Tabela 1 do Capítulo I desta Tese.
429 Observa-se que o nível mínimo de coancestria ($\lambda_1 = 0$ e $\lambda_2 = -1$), é menor em relação aos
430 observado no Capítulo anterior, visto a consideração das fêmeas na análise, indicando o
431 verdadeiro valor deste componente no rebanho. Apesar dos resultados, em termos de ganho
432 genéticos, serem semelhantes, a Seleção de Acasalamento é mais precisa no resultado final,
433 direcionando de forma mais confiável o par de acasalamento que pode ser adotado.

434 Observa-se que, embora a análise de Seleção de Acasalamentos seja uma ferramenta
435 robusta, os resultados expressos são estreitamente alinhados às "instruções de resultados" que
436 recebe. Isso significa que o criador pode ter um alto grau de controle, não especificando quais
437 animais devem ser selecionados, mas especificando anseios em termos de direcionamento de
438 alteração genética, manutenção da diversidade genética, além dos demais componentes que
439 integram a Função Objetivo.

440 Os resultados obtidos corroboraram com os de pesquisas que constataram que a Seleção de
441 acasalamento melhora a flexibilidade e a eficiência da análise genética, pois os melhores
442 animais a serem selecionados podem depender de como seriam alocados os companheiros e, o
443 melhor padrão de alocação de companheiro depende de quais animais serão selecionados.
444 Assim, observa-se que maiores ganhos genéticos poderiam ser obtidos quando a Seleção de
445 Acasalamentos é praticada, visto que a restrição da taxa de coancestria no rebanho pode ser
446 melhor observada (WEIGEL; LIN, 2002; KOENIG; SIMIANER, 2006).

447 A otimização da Seleção de Acasalamentos é a tarefa principal do programa *DEforMS*,
448 porém melhorias podem ser observadas no desenho da Seleção de Acasalamentos, mediante
449 cálculos de valores ótimos para os ponderadores (λ) das Funções Objetivo que é uma tarefa
450 complexa (HINRICHS et al., 2006; HINRICHS; MEUWISSEN, 2011). No entanto, como eles
451 podem ser manipulados para gerar os resultados desejados, definiu-se empiricamente o ponto
452 ótimo para todos os componentes das *OF* (*OF_1*, *OF_2*, *OF_3* e *OF_4*) individualmente.

453 Ressalta-se que não há regra geral para a escolha dos ponderadores. Contudo, aos serem
454 considerados os valores dos pontos ótimos em função dos ponderadores (λ) individualmente, e
455 visando a seleção dos melhores animais do rebanho, os valores definidos para λ foram: $\lambda_1 = 1$;
456 $\lambda_2 = -20$; $\lambda_3 = -0,5$; $\lambda_4 = 0,05$ e $\lambda_5 = 0,02$, pois, optou-se por manter um nível adequado de
457 variabilidade genética (*c'EBV*), refletida em ganhos genéticos, associada à minimização dos
458 efeitos da coancestria média (*c'Ac*), endogamia da progênie (*F_prog*), variabilidade genética

459 da progênie (*varEBV*) e maximização da conectabilidade de reprodutores entre os grupos de
460 contemporâneos (*Conect*).

461 A Função Objetivo otimizada com os ponderadores (*OF_5*) indicou que a seleção de 25
462 machos para acasalamento com as 290 fêmeas disponíveis (Tabela 5), proporcionará valores
463 médios de 1,0917; 0,0252; 0,0137 e 5,5286 para os componentes *c'EBV*, *c'Ac*, *F_prog*,
464 *varEBV*, respectivamente. Com relação ao componente conectabilidade os resultados foram:
465 556,70; 176,27; 6; e 98, para *A_lgt*, *H_lgt*; *M_lgt* e *N_disc*, respectivamente.

466

467 Tabela 5 – Intensidade de uso dos ovinos macho Santa Inês selecionados para acasalamento em
468 relação às Funções Objetivo (*OF*) adotadas

N	<i>OF_1</i>			<i>OF_2</i>			<i>OF_3</i>			<i>OF_4</i>			<i>OF_5</i>		
	sire	mates	r												
1	2691	20	1	2691	20	1	2691	20	1	2691	20	1	2691	20	1
2	3009	20	2	3009	20	2	3009	20	2	3009	20	2	3009	20	2
3	2688	20	3	2688	20	3	2688	20	3	2688	20	3	2688	20	3
4	3052	20	4	3052	20	4	3052	20	4	3052	20	4	3052	20	4
5	2685	20	5	2685	20	5	2685	20	5	2685	20	5	2685	20	5
6	3010	20	6	3010	20	6	3010	20	6	3010	16	6	3010	17	6
7	3041	20	7	3041	20	7	3041	20	7	3041	20	7	3041	20	7
8	2835	20	8	2835	20	8	2835	20	8	2835	10	8	2835	6	8
9	3080	20	9	3080	20	9	3080	20	9	3080	20	9	3080	20	9
10	2832	20	10	2830	20	10	2832	20	10	2832	20	10	2832	20	10
11	2830	20	11	2830	20	11	2830	20	11	2830	7	11	2830	2	11
12	2945	20	12	2945	20	12	2945	20	12	2945	11	12	2945	6	12
13	2864	4	13	2864	20	13	2864	20	13	2864	11	13	2864	9	13
14	2879	1	14	2879	20	14	2879	20	14	2879	20	14	2879	15	14
15	2687	5	15	2687	9	15	2687	10	15	2687	12	15	2687	9	15
16	2567	20	29	3062	1	21	-	-	-	2894	2	16	2841	15	19
17	2565	20	33	-	-	-	-	-	-	2841	18	19	3062	1	21
18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2748	8	30	3063	1	23
19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2754	8	34	2567	16	29
20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2643	6	38	2748	4	30
21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2761	1	70	2565	20	33
22	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2754	2	34
23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2643	5	38
24	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2928	1	41
25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2761	1	70
N_mates	-	290	-	-	290	-	-	290	-	-	290	-	-	290	-

469 *OF* – Função Objetivo; N – número de machos; sire – identificação do macho; mates – número de acasalamentos;

470 N_mates – total de acasalamentos; r – ranqueamento considerando o EBV do peso aos 84 dias.

471

472 Observa-se que um maior número de machos para acasalamentos apontados pela *OF_5*
473 (Tabela 5) produzirá resultados para a solução que pode ser considerada ideal neste rebanho,
474 uma vez que a otimização individual de cada componente não necessariamente melhorou
475 substancialmente os demais componentes da Função Objetivo.

476 No âmbito dos resultados médios dos componentes obtidos por meio da *OF_5*, observa-
477 se uma pequena diferença (0,07) do mérito genético teoricamente atingível na população se a
478 mesma fosse realizada pensando somente no valor genético dos animais.

479 Quando se considerou a Seleção de Acasalamentos, otimizado pela *OF_5*, ficou evidente
480 a eficácia da estratégia, bem como a eficiência do *software* utilizado para direcionar os
481 acasalamentos (Tabela 5). Esses resultados coincidem com os estudos de Carvalheiro et al.
482 (2007) e Vieira et al (2014), que confirmaram a eficiência da utilização do acasalamento
483 otimizado combinado aos animais com melhores desempenhos, para aumentar o progresso
484 genético dentro do rebanho. Assim, pode-se inferir que a estratégia da Seleção de
485 Acasalamentos além de poder proporcionar evolução genética expressiva para a característica
486 selecionada, permitirá ganhos em produtividade, uma vez que diminui os riscos de utilização
487 de reprodutores incompatíveis com o direcionamento de seleção esperados.

488 Ao assegurar a gestão cuidadosa das contribuições genéticas em longo prazo e conectando
489 grupos não relacionados, este método permitiu situações com possibilidades de obter ganho
490 genético na população e aumento da intensidade de seleção entre rebanhos na população
491 reprodutora.

492 Observa-se que a conectabilidade pode ser acomodada na Função Objetivo para realizar
493 Seleção de Acasalamento, assim como a variabilidade genética da futura prole e endogamia
494 (em curto e longo prazos), sem comprometer o mérito genético.

495 Uma vez que o efeito primário da seleção é aumentar a frequência gênica favorável e o
496 resultado é a mudança na média da população, o uso da Seleção de Acasalamentos sugere que
497 este tipo de seleção otimiza o progresso genético possível, além de controlar a endogamia em
498 curto e longos prazos, melhorando a conectabilidade entre os animais e uniformizando as
499 futuras progênes. Ressalta-se que esta avaliação permite a aplicação de maior intensidade de
500 seleção, o que pode resultar em progresso genético mais marcante. Cardoso et al. (2003) em
501 estudo realizado com bovinos, atribuíram ao uso de acasalamento genético otimizado o
502 aumento de 70% no número de animais com elevado mérito genético para características de
503 interesse econômico.

504 Respostas, em termos de ganho genético observados nesta pesquisa, foram semelhantes
505 às verificadas por Sonesson e Meuwissen (2000) e Kasarda et al. (2014). Além disso,

506 comprovam que com a adoção de um programa de melhoramento genético, é possível diminuir
507 a taxa de endogamia em comparação ao acasalamento aleatório por meio da aplicação de uma
508 Estratégia de Seleção de Acasalamentos específica (SONESSON; MEUWISSEN, 2001, 2002).

509 Como as contribuições genéticas ótimas de todos os animais podem ser calculadas e
510 nenhuma seleção prévia dos candidatos seria necessária antes dos cálculos, técnicas de
511 reprodução podem contribuir para aumentar a resposta à seleção por seu impacto sobre as
512 potenciais contribuições de animais individualmente, pois podem quebrar as restrições
513 biológicas com capacidade de reprodução, e, assim, permitir uma maior flexibilidade na decisão
514 sobre quais os animais utilizar como pais.

515 **Conclusões**

516

517 A Função Objetivo que considera somente a otimização da coancestria para Seleção de
518 Acasalamentos não proporcionou incrementos na conectabilidade dos rebanhos.

519 A adoção da Seleção de Acasalamentos exerce impacto sobre os valores genéticos,
520 coancestria, endogamia da futura progênie, variação na progênie e conectabilidade entre os
521 rebanhos, devendo estes componentes serem considerados na análise.

522 A Seleção de Acasalamentos pode ser utilizada para seleção de reprodutores ovinos Santa
523 Inês e oferece diferentes cenários do ganho genético a partir de restrições de interesse nos
524 componentes da Função Objetivo.

525

526 **Agradecimentos**

527

528 À Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB) e ao professor
529 Dr. Wandrick Hauss de Sousa pela concessão de uso dos dados e ao Pesquisador Dr. Roberto
530 Carvalheiro pela disponibilização dos *softwares* utilizados nas análises.

531 **Referências Bibliográficas**

532

533 AVENDAÑO, S.; VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J. A. Expected increases in genetic
534 merit from using optimized contributions in two livestock populations of beef cattle and
535 sheep. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 2964–2975, 2003.

536

537 AVENDAÑO, S.; WOOLLIAMS, J. A.; VILLANUEVA, B. Mendelian sampling terms as a
538 selective advantage in optimum breeding schemes with restrictions on the rate of inbreeding.
539 **Genetic Research**, v. 83, p. 55–64, 2004.

540

541 AVENDAÑO, S.; WOOLLIAMS, J. A.; VILLANUEVA, B. Prediction of accuracy of
542 estimated Mendelian sampling terms. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, p.
543 302-308, 2005.

544

545 CARDOSO, V., ROSO, V. M., SEVERO, J. L. P, QUEIROZ, S. A., FRIES, L. Formando
546 Lotes Uniformes de Reprodutores Múltiplos e Usando-os em Acasalamentos Dirigidos, em
547 Populações Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, p. 834-842, 2003.

548

549 CARVALHEIRO, R.; KINGHORN, B. P.; QUEIROZ, S. A: Mate Selection accounting for
550 connectedness. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK
551 PRODUCTION, 9, 2010, Leipzig. **Proceedings...**, Germany: 9WCGALP, 2010. [CD-ROM].

552

553 CARVALHEIRO, R.; NEVES, H. H. R.; QUEIROZ, S. A. et al. Combinando acasalamento
554 associativo positivo e restrição sobre a endogamia visando maior progresso genético. In:
555 REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007,
556 Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. [CD-ROM].

557

558 COLLEAU, J. J. An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients.
559 **Genetics Selection Evolution**, v. 34, p. 409-421. 2002.

560

561 DUITAMA, L. O.; FARAH, M. M.; UTSUNOMIYA, A. T. H.; ONO, R. K.; PIRES, M. P.;
562 FONSECA, R. Uso de modelos lineares mistos na avaliação genética de escores visuais:
563 estudo de simulação. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, p.
564 1139-1146. 2014.

565

566 HINRICHS, D.; MEUWISSEN, T. H. E. Analyzing the effect different approaches of
567 penalized relationship in multistage selection schemes. **Journal of Animal Science**, v. 89, p.
568 3426-3432, 2011.

569

570 HINRICHS, D.; WETTEN, M.; MEUWISSEN, T. H. E. An algorithm to compute optimal
571 genetic contributions in selection programs with large numbers of candidates. **Journal of**
572 **Animal Science**, v. 84, p. 3212–3218, 2006.

573

574 KASARDA, R.; MÉSZÁROS, G.; KADLEČÍK, O.; HAZUCHOVÁ, E.; ŠIDLOVÁ, V.;
575 PAVLÍK, I. Influence of mating systems and selection intensity on the extent of inbreeding
576 and genetic gain in the Slovak Pinzgau cattle. **Czech Journal of Animal Science**, v. 59, p.
577 219–226, 2014.

578

- 579 KENNEDY, B. W.; TRUS, D. Considerations on genetic connectedness between
580 management units under an animal model. **Journal of Animal Science**, v.71, p.2341-2352.
581 1993.
- 582
583 KINGHORN, B. P.; SHEPHERD, R. Mate selection by groups. **Dairy Science**, v. 81, p. 55–
584 63, 1998.
- 585
586 KINGHORN, B. P. An algorithm for eficiente constrained mate selection. **Genetics Selection
587 Evolution**, v. 43, p. 4-13, 2011.
- 588
589 KINGHORN, B. P. **Application of Evolutionary Algorithms to solve complex problems in
590 Quantitative Genetics and Bioinformatics**. CGIL, University of Guelph, Canada, 2008
591 (course notes). 96p.
- 592
593 KOENIG, S.; SIMIANER, H. Approaches to the management of inbreeding and relationship
594 in the german holstein dairy cattle population. **Livestock Science**, v. 103, p. 40-53, 2006.
- 595
596 MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90).
597 In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7,
598 2002, Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP, 2002. p.7.
- 599
600 QUAAS, H. L. Computing the diagonal elements and inverse of a numerator relationship
601 matrix. **Biometrics**, v. 32, p. 949-953, 1976.
- 602
603 QUINTON, M.; SMITH, C. Comparison of evaluation-selection systems for maximizing
604 genetic response at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 73, p. 2208-
605 2212, 1995.
- 606
607 REGO NETO, A. A.; SARMENTO, J. L. R.; SANTOS, N. P. S.; BIAGIOTTI, D.; SANTOS,
608 G. V.; CAMPELO, J. E. G.; SENA, L. S.; FIGUEIREDO FILHO, L. A. S. Estrutura e
609 distribuição geográfica do rebanho de ovinos Santa Inês no estado do Piauí. **Revista
610 Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, p. 272-280, 2014.
- 611
612 ROSO, V. M.; SCHENKEL, F. S.; MILLER, S. P. Degree of connectedness among groups of
613 centrally tested beef bulls. **Canadian Journal of Animal Science**. v. 84, p. 37-47, 2004.
- 614
615 SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Mating schemes for optimum contribution
616 selection with constrained rates of inbreeding. **Genetics Selection Evolution**, v. 32, p. 232-
617 248, 2000.
- 618
619 SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Minimization of rate of inbreeding for small
620 populations with overlapping generation. **Genetics Research**, v. 77, p. 285-292, 2001.
- 621
622 SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Non-random mating for selection with restricted
623 rates of inbreeding and overlapping generations. **Genetics Selection Evolution**, v. 34, p. 23-
624 39, 2002.
- 625
626 TARRÉS, J.; FINA, M.; PIEDRAFITA, J. Connectedness among herds of beef cattle bred
627 under natural servisse. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, p. 6-, 2010.
- 628

- 629 Van WYK, J. B.; FAIR, M. D.; CLOETE, S. W. P. Case study: The effect of inbreeding on
630 the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. **Livestock**
631 **Science**, v. 120, p. 218–224, 2009.
- 632
633 Van TASSELL, C. P.; Van VLECK, L. D. **A manual for use of MTGSAM**: A set of
634 FORTRAN programs to apply Gibbs Sampling to animal models for variance component
635 estimation. Lincoln: U. S. Department of Agricultural, Agricultural Reseach Service, 1995.
- 636
637 VASCONCELOS, J.; MARTINS, A.; FERREIRA, A.; PINTO, S.; CARVALHEIRA, J.
638 Níveis de endogamia e depressão de endogamia no gado bovino leiteiro em Portugal. **Revista**
639 **Portuguesa de Ciências Veterinária**, v. 100, p. 33-38, 2005.
- 640
641 VIEIRA, C. V.; ANDRADE, W. B. F.; FARIA, C. U.; SILVA, N, M.; LOBO, R. B. Análise
642 da eficiência dos acasalamentos otimizados na obtenção de progresso genético em um
643 rebanho bovino da raça Nelore. **Bioscience Journal**, v. 30, p. 816-822, 2014.
- 644
645 VILLANUEVA, B.; AVENDAÑO, S.; WOOLLIAMS, J. A. Prediction of genetic gain from
646 quadratic optimisation with constrained rates of inbreeding. **Genetics Selection Evolution**, v.
647 38, p. 127-146, 2006.
- 648
649 WEIGEL, K. A.; LIN, S. W. Controlling inbreeding by constraining the average relationship
650 between parents of young bulls entering ai progeny test programs. **Journal of Dairy Science**,
651 v. 85, p. 2376-2383, 2002.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Vislumbra-se que a ovinocultura pode crescer muito. Entretanto, os produtores precisam apostar em modelos de gestão moderna e atualização de tecnologias. Assim, as análises realizadas deixam explícitas a importância da utilização de informações contidas nos *pedigrees*, aliadas às informações fenotípicas, uma vez que estas possibilitam a realização das avaliações genéticas dos animais, o que se constitui em importante etapa na elaboração de programas de melhoramento genético para raças ovinas.

Destaca-se que, para o melhoramento genético sustentável, a manutenção da diversidade é importante, visto que não é possível prever com objetividade quais características poderão ser necessárias no futuro. Assim, quanto maior a diversidade, mais fácil e rápida será a adaptação às mudanças necessárias para o desenvolvimento dos sistemas de produção. Diante disso, é importante restringir o parentesco no rebanho de modo que exista equilíbrio entre melhoramento genético e variabilidade genética.

A análise da contribuição Genética Ótima pode fornecer importantes informações a respeito da evolução da variabilidade genética populacional, principalmente no que se diz respeito ao uso intensivo de um pequeno número de indivíduos superiores, ocasionando redução da diversidade genética. Nesse contexto, estratégias de Seleção de Acasalamentos surgem como ferramenta complementar para gerenciar e preservar a variabilidade genética.

O método da Seleção de Acasalamentos é dirigido pela especificação dos resultados desejados. Mesmo sendo uma ferramenta computacional poderosa, os resultados que ela fornece são intimamente alinhados às “instruções de resultados” que ela recebe. Isso significa que o criador pode ter um maior grau de controle, não pela especificação de quais animais deveriam ser selecionados, mas pela especificação dos resultados desejados, em termos de direção da mudança genética, limites impostos e restrições a serem satisfeitas.

A Seleção de Acasalamentos e a Contribuição Genética Ótima pode lidar com conjuntos de dados muito maiores, dessa forma, a intensidade de uso de todos os animais podem ser calculados, e, portanto, nenhuma pré-seleção (restrição) dos candidatos seria necessária antes de cálculo.

Com a enorme quantidade de ovinos Santa Inês existente no Brasil, é fácil observar o imenso potencial para utilizar os princípios da conectabilidade na Seleção de Acasalamentos se estes animais forem avaliados em programas de melhoramento genético eficientes. Além disso, a análise da Seleção de Acasalamentos e da Contribuição Genética Ótima leva ao uso progressivo de princípios científicos de forma prática que acomoda limitações reais, juntamente

com a experiência e atitudes dos produtores. Ainda, cabe mencionar que a robustez dessa técnica aliada ao uso de informações genômicas pode proporcionar informações acuradas, visto a inconsistência dos registros zootécnicos e *pedrigrees* dos rebanhos ovinos.

Como observado, é crescente a necessidade da máxima exploração do potencial dos animais, já que a melhoria do desempenho dos programas de melhoramento genético implica em retorno significativo de benefícios aos produtores. Este fato ratifica a importância de grandes investimentos em pesquisas, como também trabalhos que expõem o desenvolvimento e utilização de ferramentas de otimização na produção animal. Técnicas estas, que estão consolidadas e destinadas a uma ampla gama de atividades.