Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

Rotina computacional para otimização de sistema de acasalamento dirigido em bovinos de corte compostos

João Vitor Teodoro

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Estatística e Experimentação Agronômica

Piracicaba
2011

João Vitor Teodoro
Licenciado em Matemática

Rotina computacional para otimização de sistema de acasalamento dirigido em bovinos de corte compostos

Orientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Estatística e Experimentação Agronômica

Piracicaba
2011

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP

Teodoro, João Vitor
Rotina computacional para otimização de sistema de acasalamento dirigido em bovinos de corte compostos / João Vitor Teodoro. - - Piracicaba, 2011.
112 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2011.

1. Bovinos de corte 2. Cruzamento animal 3. Melhoramento genético animal 4. Otimização I. Título

CDD 636.2082
T314r

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Dedicatória

Dedico este trabalho...

Aos meus pais, ***João e Sônia*** *e à meu irmão* ***Jonatas****, que sempre me apoiaram independente das dificuldades e, compreenderam os motivos de minha ausência.*

À minha eterna namorada ***Jaqueline****, que, com seu companheirismo e afeto, me motivou.*

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me concedido o privilégio da vida e o dom da aprendizagem.

Ao Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, que me orientou no desenvolvimento deste trabalho e sempre me ajudou a tomar decisões e programar um caminho profissional a ser trilhado.

Aos meus pais João Maria Teodoro e Sônia Maria Alves Teodoro, por terem me educado de forma singular e priorizando meu crescimento pessoal. Foram eles meus primeiros professores e aqueles que sempre acreditaram em meu potencial.

Ao meu irmão Jonatas Henrique Teodoro, pela amizade, confiança e carinho.

À minha namorada Jaqueline Meneghini Fernandes, pelo apoio, inspirações concedidas, por sonhar e realizar os sonhos comigo.

Aos professores e demais profissionais da Escola Estadual Manoel dos Santos, que me propiciaram uma formação básica sólida e fundamental aos estudos posteriores.

Aos professores e demais profissionais do Departamento de Matemática da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", que me propiciaram um curso de graduação completo e com qualidade.

Ao meu orientador de iniciação científica Prof. Dr. José Marcos Lopes, que me inseriu no campo científico, me despertou o interesse de ensinar e de seguir carreira na área de estatística.

Aos amigos com os quais convivi durante o período da graduação em Ilha Solteira. Sempre serão lembrados por toda amizade e companheirismo.

À CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela bolsa de mestrado concedida.

Aos professores que me deram aula durante o curso de mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica, me apresentando as ferramentas e possibilidades de alto nível, com as quais pude me interar e trabalhar em minhas pesquisas: Roseli A. Leandro, Clarice G. B. Demétrio, Sílvio S. Zocchi, César G. de Lima, Sônia M. D. S. Piedade, Carlos Tadeu dos S. Dias, Edwin M. M. Ortega, Gerson B. Mourão, João L. F. Batista e Joanir P. Eler.

Aos amigos e companheiros de turma: Ana Júlia, Daniel, Gabriel, Ítalo, Kuang,

Luiz Ricardo, Maria Joseane, Natalie Verônica e Patrícia, por tudo de bom que compartilhamos.

Aos amigos com quem pude conviver durante o mestrado em Piracicaba, por todo companheirismo e amizade.

Aos intregrantes do grupo de pesquisa em melhoramento genético animal da ESALQ/USP: Ana, Aline, Fabiane, Gerson, Gilson, Grégori, Johanna, Juliana, Marcos, Mary, Mayara, Simone e Tiago, por toda ajuda, união e amizade.

Aos alunos do curso de Pós-Graduação em Estatística e Experimentação Agronômica da ESALQ/USP, com os quais compartilhei essa fase da minha vida.

Aos professores e funcionários do LCE/ESALQ/USP, em especial as secretárias pelo apoio e dedicação no transcorrer do curso.

À Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, em especial ao Laboratório de Melhoramento Animal "Dr. Gordon Dickerson" por ceder o banco de dados utilizado neste trabalho e por me receber de forma singular no primeiro semestre de 2011.

À Profa. Dra. Rachel Santos Bueno e à Elisangela Chicaroni Mattos por todo auxílio indispensável no desenvolvimento deste trabalho.

A todos que contribuiram de alguma forma para a realização deste trabalho.

Muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO 9
ABSTRACT 11
LISTA DE FIGURAS 13
LISTA DE TABELAS 15
1 INTRODUÇÃO 17
2 HIPÓTESES 19
3 OBJETIVOS 21
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 23
4.1 Bovinocultura de corte e as avaliações genéticas 23
4.2 Sistemas de acasalamento 25
4.2.1 Programas de acasalamentos 27
4.2.2 Composto Montana Tropical® 28
4.3 Parentesco e endogamia 31
4.4 Programação linear inteira 35
5 MATERIAL E MÉTODOS 39
5.1 Banco de dados 39
5.2 Análises estatísticas 39
5.3 Composição racial ótima 41
5.4 Composição racial ótima restrita 44
5.5 Combinação ótima para acasalamento 46
6 RESULTADOS E DISCUSSÃO 51
6.1 Composição racial ótima NABC 51
6.1.1 Compostos de dois grupos raciais sem padronização das características 52
6.1.2 Compostos de três grupos raciais sem padronização das características 57
6.1.3 Compostos de quatro grupos raciais sem padronização das características 66
6.1.4 Compostos de dois grupos raciais com características padronizadas 71
6.1.5 Compostos de três grupos raciais com características padronizadas 76
6.1.6 Compostos de quatro grupos raciais com características padronizadas 83
6.2 Combinação ótima para acasalamento 88

6.3 Níveis de endogamia 93
7 CONSIDERAÇÕES FINAIS 99
7.1 Conclusão 99
7.2 Pesquisas Futuras 99
REFERÊNCIAS 101
APÊNDICES 105

RESUMO

Rotina computacional para otimização de sistema de acasalamento dirigido em bovinos de corte compostos

A forma com que indivíduos de uma população composta são acasalados, influencia diretamente na produção e na variabilidade da população gerada pelos acasalamentos. Identificar quais composições raciais são mais convenientes para determinadas características e viáveis economicamente, além dos efeitos de cada raça ou grupo racial, é de fundamental importância para estabelecer os rumos da produção e uma melhor estratégia para os produtores. Buscou-se, com este trabalho, identificar os efeitos que os grupos raciais N, A, B e C fornecem sobre o mérito médio de uma população composta por todas as combinações destes quatro grupos raciais, na presença e na ausência da padronização das características do índice Montana, possibilitando assim, informar a proporção racial que fornece mérito médio ótimo. Além disso, foi desenvolvida uma metodologia que calcula, por meio das informações raciais de uma população apta ao acasalamento, a combinação ótima a ser acasalada, tornando possível, desta forma, maximizar os desempenhos e os lucros para a geração seguinte. A metodologia foi implementada computacionalmente e testada para a população Montana apta ao acasalamento em 2011, e a superioridade do método, comparado a outros sistemas de acasalamento, foi comprovada. Um programa que calcula o coeficiente de endogamia das possíveis futuras progênies geradas pelos acasalamentos de uma população, foi implementado com objetivo de contribuir na tomada de decisão como restrição em programas de acasalamento.

Palavras-chave: Compostos raciais; Cruzamento; Otimização

ABSTRACT

Computational routine to optimization of mating system directed to composite beef cattle

The way in which individuals of a composite population are mated has directly influence in the production and in the variability of the population generated by mating. Identify which racial compositions are more convenient for certain traits and economically feasible, and also the effects of each breed or racial group, has a fundamental importance to establish the direction of production and a better strategy for producers. The aim of this work was to identify the effects of racial groups called N, A, B e C to provide on the average merit of a composite population for all combinations of these four racial groups, in the presence and absence of standardization of traits of Montana index, thus enabling, to inform the racial proportion that provides great average merit. Furthermore, it was developed a methodology that calculates on the basis of racial information of a population ready to mate, the optimal combination to be mated, making possible, in this way, to maximize performance and profits for the next generation. The methodology was computationally implemented and tested in the Montana's population able to mate in 2011, and the superiority of the method compared to other breeding systems has been proven. A program that calculates the inbreeding coefficient of the possible future generations' progeny by mating of a population was implemented in order to contribute in decision making as a constraint on mating programs.

Keywords: Racial Composites; Crossing; Optimization

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Exemplar de touro Montana. Fonte: MONTANA COMPOSTO TROPICAL (2011) 30
Figura 2 - Influência do grupo N no composto NA 53
Figura 3 - Influência do grupo N no composto NB 54
Figura 4 - Influência do grupo N no composto NC 55
Figura 5 - Influência do grupo A no composto AB 55
Figura 6 - Influência do grupo A no composto AC 56
Figura 7 - Influência do grupo B no composto BC 56
Figura 8 - Influência do grupo N no composto NAB 58
Figura 9 - Influência do grupo A no composto NAB 59
Figura 10 - Influência do grupo B no composto NAB 59
Figura 11 - Influência do grupo N no composto NAC 60
Figura 12 - Influência do grupo A no composto NAC 61
Figura 13 - Influência do grupo C no composto NAC 61
Figura 14 - Influência do grupo N no composto NBC 62
Figura 15 - Influência do grupo B no composto NBC 63
Figura 16 - Influência do grupo C no composto NBC 63
Figura 17 - Influência do grupo A no composto ABC 64
Figura 18 - Influência do grupo B no composto ABC 65
Figura 19 - Influência do grupo C no composto ABC 65
Figura 20 - Influência do grupo N no composto NABC 66
Figura 21 - Influência do grupo A no composto NABC 67
Figura 22 - Influência do grupo B no composto NABC 68
Figura 23 - Influência do grupo C no composto NABC 69
Figura 24 - Influência do grupo A no composto NABC com restrição para padrão Montana 70
Figura 25 - Influência do grupo N no composto NA 72
Figura 26 - Influência do grupo N no composto NB 73
Figura 27 - Influência do grupo N no composto NC 73
Figura 28 - Influência do grupo A no composto AB 74

Figura 29 - Influência do grupo A no composto AC 75
Figura 30 - Influência do grupo B no composto BC 75
Figura 31 - Influência do grupo N no composto NAB 77
Figura 32 - Influência do grupo A no composto NAB 77
Figura 33 - Influência do grupo B no composto NAB 78
Figura 34 - Influência do grupo N no composto NAC 79
Figura 35 - Influência do grupo A no composto NAC 79
Figura 36 - Influência do grupo C no composto NAC 80
Figura 37 - Influência do grupo N no composto NBC 81
Figura 38 - Influência do grupo B no composto NBC 81
Figura 39 - Influência do grupo C no composto NBC 82
Figura 40 - Influência do grupo A no composto ABC 82
Figura 41 - Influência do grupo B no composto ABC 83
Figura 42 - Influência do grupo C no composto ABC 83
Figura 43 - Influência do grupo N no composto NABC 84
Figura 44 - Influência do grupo A no composto NABC 85
Figura 45 - Influência do grupo B no composto NABC 86
Figura 46 - Influência do grupo C no composto NABC 86
Figura 47 - Influência do grupo A no composto NABC com restrição para padrão Montana 87
Figura 48 - Arquivo “crt.dat” com composição racial dos touros para o exemplo 90
Figura 49 - Arquivo “crv.dat” com composição racial das vacas para o exemplo 90
Figura 50 - Arquivo “nsemen.dat” com número de doses de sêmen por touro para o exemplo 90
Figura 51 - Arquivo “vgot.dat” de touros rankeados para o exemplo 90
Figura 52 - Arquivo “vgov.dat” de vacas rankeadas para o exemplo 91
Figura 53 - Arquivo “crat.dat” com número de doses por composição para o exemplo . . 91
Figura 54 - Arquivo “crav.dat” com número de vacas por composição racial para o exemplo 91
Figura 55 - Exemplo de pedigree no padrão de entrada do programa CCE 95
Figura 56 - Execução do programa CCE para o pedigree Montana 96
Figura 57 - Exemplo de saída dos coeficientes de endogamia do programa CCE 96

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Restrições para composição racial Montana 30
Tabela 2 - Estimativas dos efeitos aditivos diretos e maternos e não-aditivos das heterozigoses direta e materna total, para características do índice Montana . . 52
Tabela 3 - Proporção ótima e respectivo mérito médio para cada composição racial sem padronização das características 71
Tabela 4 - Desvios padrão genéticos para as características do índice Montana 72
Tabela 5 - Proporção ótima e respectivo mérito médio para cada composição racial com características padronizadas 88
Tabela 6 - Solução ótima para acasalamento para o exemplo 92
Tabela 7 - Comparação entre índices não-aditivos esperados para diferentes sistemas de acasalamento 93

1 INTRODUÇÃO

Ocupando destaque como produtor de carne internacional, o Brasil detém o maior rebanho comercial de bovinos do mundo, se tornando principal exportador de carne bovina. Diante deste grande potencial nacional, aumentar a produtividade e a lucratividade são os fatores de maior interesse para os pecuaristas brasileiros. Assim, uma das ferramentas que, apoiada em um bom programa de avaliação genética, viabiliza o aumento rápido e eficiente de produção tornando o criador apto a enfrentar a competitividade, é a utilização dos cruzamentos.

Em um programa de avaliação genética que explora os cruzamentos, deve-se estudar e avaliar a predição dos desempenhos das gerações seguintes, para que haja sucesso nas combinações, tornando o sistema eficiente. Combinar raças distintas que oferecem contribuições próprias, é uma ótima alternativa, pois além de explorar a contribuição particular de cada raça, também apresenta média dos desempenhos das progênies superior à média das progênies de indivíduos puros, devido à heterose.

A contribuição particular de cada raça consegue compatibilizar em um indivíduo cruzado características das raças parentais, de forma que o animal cruzado tenha uma composição com ótima adaptabilidade e elevada produção. A heterose ocorre em várias características de alto interesse econômico, principalmente naquelas associadas às características reprodutivas e de adaptação ao meio ambiente, que apresentam melhores desempenhos comparados aos animais de raças puras. Porém, para otimização dos resultados dos sistemas de cruzamento, animais geneticamente superiores devem ser utilizados (FERRAZ et al., 2010).

Não há grupo genético bovino superior em todas as características de importância na produção de carne, porém, é de fundamental importância a formação de compostos raciais que atendam às necessidades do mercado, tais como boa adaptabilidade ao clima tropical, precocidades sexual e de acabamento, produção de carne macia, entre outros. Pois, como afirmam Koch et al. (1989), não há raça pura de bovinos que englobe todas essas características.

A partir da necessidade da criação de um composto brasileiro, que associasse superioridade genética através de programas de avaliação, valores significativos para heterose na combinação com genes de vacas azebuadas, adaptação ao meio ambiente tropical e subtropical, realizando cobertura a campo, longevidade reprodutiva em regime de campo e preços

acessíveis aos reprodutores melhoradores (FERRAZ; ELER, 2000), iniciou-se em 1994 o maior projeto de melhoramento de bovinos compostos desenvolvido inteiramente no Brasil, o Programa Montana.

O Composto Montana Tropical® que, pela simplicidade e eficiência de produção, pode ser utilizado em qualquer tamanho de propriedade, é formado por determinadas combinações dos tipos biológicos NABC (Zebu, Adaptado, Britânico e Continental) que compreendem várias raças. E, por atender a todas as exigências de qualidade de carcaça e de carne, tem grande potencial de destaque na produção nacional.

São necessárias formas que otimizem a tomada de decisão conjunta para uma população composta. Analisar cada acasalamento em particular, tomando-os independentes entre si, não fornece uma avaliação para a população como um todo. Através de um índice, que combine informações das características de importância econômica com suas respectivas ponderações, é possível calcular um mérito médio para a população que, considerando-se as restrições estabelecidas, deve apresentar valor máximo, gerando assim, a melhor solução para o produtor.

Assim, devem ser estudadas a capacidade combinatória e a metodologia mais adequada, de acordo com as raças envolvidas e as contribuições particulares de cada uma, nos cruzamentos. O composto Montana deve ser analizado de forma a serem calculadas as proporções que propiciem um composto ideal e as combinações para acasalamento mais adequadas em determinada população.

2 HIPÓTESES

A influência de cada grupo racial no mérito médio dos compostos é identificada, fornecendo o conjunto ótimo de proporções raciais.

O uso do programa computacional que fornece combinação para os acasalamentos permite identificar os melhores acasalamentos genéticos dirigidos e proporciona a melhoria da produtividade dos rebanhos.

3 OBJETIVOS

Analisar o comportamento do mérito médio de uma população diante de todas as possibilidades para proporções raciais. Além disso, fornecer as proporções que maximizem o mérito médio de uma população.

Desenvolver uma rotina computacional que informe os melhores acasalamentos entre os indivíduos candidatos, utilizando técnicas de programação linear inteira. Este sistema deverá incorporar programas de melhoramento genético para bovinos compostos.

Desenvolver uma rotina computacional que forneça os coeficientes de endogamia para as progênies simuladas para as combinações entre touros e matrizes em uma população. Os valores fornecidos pelo sistema deverá incorporar programas de acasalamentos como restrição, evitando a produção de indivíduos com altos coeficientes de endogamia.

4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1 Bovinocultura de corte e as avaliações genéticas

Para dar início à bovinocultura no Brasil, foi necessário, segundo Peixoto (2010), importar da Península Ibérica os indivíduos da espécie bovina, pois, não existiam no continente americano. Eles eram utilizados, inicialmente, como forma de transporte de cargas e tração, assim como para a produção de carne e leite. A reprodução era feita quase que sempre baseada no cruzamento desordenado, contribuindo ao desaparecimento de muitas raças zebuínas. E, segundo Nogueira Neto (1996), somente em 1996, com o ciclo pecuário ascendente, que o Brasil apresentou-se com destaque internacionalmente.

Segundo Brasil (2011), a agropecuária nacional contribuiu com 5,8% no Produto Interno Bruto (PIB) em 2010, com um fluxo monetário de R$180,831 bilhões, resultado que indica crescimento de 6,5% em relação ao ano de 2009. A população de bovinos em 2010 foi de 209,541 milhões e teve aumento de 2,1% comparada a de 2009. Apesar da menor proporção em relação à outros setores, apresenta importância também na geração de empregos, renda e ocupação do território nacional. Desde a década passada, conforme aumento da demanda interna e externa por carne bovina, a bovinocultura nacional tem destaque.

Ainda conforme Brasil (2011), o rebanho brasileiro apresentou crescimento em 2010, após um período de descarte de matrizes entre 2002 e 2006, mantendo a intensidade de reposição de 2009. O ano de 2010 foi marcado pelo aumento dos preços de alimentos mundial causado, entre outros fatores, pelo crescimento populacional, plantações de culturas para biocombustíveis e adversidades climáticas. No mercado interno, houve elevação do preço de carne bovina, incentivando o consumo de carne de frango e de suíno.

A posição significativa do Brasil nesta esfera deve ser mantida. Novas tecnologias quantitativas e qualitativas devem ser elaboradas, melhoradas e aplicadas para que a produção apresente, além de grande oferta, alto padrão de qualidade. O melhoramento genético é uma das áreas responsáveis por esta melhora.

De acordo com Ferraz e Eler (2010), o melhoramento animal iniciou-se desde os tempos em que o homem amansou o animal doméstico e, descobriu a possibilidade de modificar algumas aptidões nas gerações futuras. O melhoramento genético animal é a ciência

que estuda as ações da genética dos indivíduos ou do ambiente na determinação de suas características. Privilegiar o uso dos melhores reprodutores e matrizes permite contribuir ao patrimônio genético e alterar a frequência gênica da geração seguinte. Este fator, denominado seleção, é umas das ferramentas poderosas do melhoramento, porém, a forma de efetuar este processo eficientemente, é fonte de muitas pesquisas.

Para estimar o valor correto do patrimônio genético de certo indivíduo, é preciso identificar a porção genotípica de seu desempenho, ou seja, eliminar os efeitos ambientais e de interação do genótipo com o ambiente de seu fenótipo. Para tal processo são realizadas as avaliações genéticas que, baseadas nas informações do indivíduo e de seus parentes, é possível avaliar características de interesse e gerar medidas de superioridade de produção do indivíduo em relação à média da produção gerada pelos demais indivíduos, dado pelo seu valor genético ou pela DEP (Diferença Esperada de Progênie), que corresponde à contribuição do indivíduo para a progênie e é dada pela metade do valor genético.

Além disso, conforme descrito por Bourdon (2000), parâmetros genéticos como herdabilidades, coeficientes de correlação, acurácias e repetibilidades têm fundamental importância para mensuração da confiabilidade, capacidade de predição e relacionamento entre características e indivíduos. Para estimação destes parâmetros é necessário estimar os componentes de variância e covariância, a partir de métodos como a melhor predição linear não viesada (BLUP) (HENDERSON, 1975) aplicados a modelos mistos sob modelo animal.

Diante da grande população de bovinos compostos em território nacional, Elzo et al. (2004) afirmam que é frequente o uso de procedimentos de avaliação genética intra-raciais que desconsideram as composições. Desse modo, os efeitos genéticos não-aditivos são ignorados e os parâmetros genétidos generalizados à todas as raças. A utilização de procedimentos de avaliação genética multirracial permite obter maior acurácia nas estimativas genéticas, além da comparação justa e direta entre animais com composições distintas e melhoramento genético aditivo associado ao não-aditivo. Tanto benefício é compensado pela complexidade nas análises, tornando os procedimentos computacionais mais exigentes pelo requerimento de mais parâmetros genéticos e problemas de confundimento e multicolinearidade.

4.2 Sistemas de acasalamento

Diante dos diversos sistemas de acasalamento, podemos classificá-los em dois grupos, aqueles relacionados ao desempenho fenotípico ou genético e aqueles que consideram o pedigree. Dentre os que utilizam desempenho fenotípico ou genotípico, o mais simples e de menor custo é o acasalamento aleatório, que ocorre quando qualquer indivíduo da população tem as mesmas chances de se acasalar, gerando progênie. Isto geralmente não é o que ocorre ao manter machos e fêmeas juntos e deixando os acasalamentos ocorrerem sem controle, pelo fato de que alguns machos gerarão números de progênies diferentes. A grande importância na utilização do sistema aleatório é o teste de progênie (BOURDON, 2000).

O acasalamento entre semelhantes, que também considera desempenho fenotípico ou genotípico, consiste em se acasalar o melhor com o melhor e o pior com o pior animal, ou seja, o melhor reprodutor é acasalado com as melhores fêmeas, o segundo melhor reprodutor é acasalado com o segundo grupo de fêmeas melhores, e assim, até que o pior touro se acasale com o pior grupo de fêmeas (LUSH, 1943). Como resultado, serão obtidas progênies com desempenhos com grande variabilidade, gerando uma população muito mais heterogênea comparada com o acasalamento aleatório (BOURDON, 2000). Além disso, direta ou indiretamente, será aplicada a seleção.

Contrastando com o sistema de acasalamento entre semelhantes, pode-se efetuar o sistema de acasalamento entre dessemelhantes, que consiste em se acasalar o melhor com o pior animal, ou seja, o melhor reprodutor é acasalado com as piores fêmeas, o segundo melhor reprodutor é acasalado com o segundo grupo de fêmeas piores, e assim, até que o pior touro se acasale com o melhor grupo de fêmeas. Este acasalamento de compensação pode ser usado para corrigir certas características ou até mesmo ter tempo até decidir sobre uma melhor estratégia (LUSH, 1943). Assim, serão obtidas progênies com desempenhos com pequena variabilidade, gerando uma população mais homogênea comparada com o acasalamento aleatório (BOURDON, 2000).

Nos acasalamentos que consideram desempenho fenotípico e genotípico, deve-se atentar para o grau de parentesco entre os indivíduos, pois, principalmente nos acasalamentos entre semelhantes, animais aparentados tendem a ter desempenhos parecidos, e têm grande chances de serem combinados para se acasalarem. Além disso, diante dos diferentes tipos de

sistema, não há diferença na média de desempenho esperada para a população de progênies, apenas na variabilidade, pois, em geral, para indivíduos acasalados de mesma raça, os valores genéticos do pai e da mãe têm caráter aditivo no desempenho da progênie.

Dentre os acasalamentos que consideram o grau de parentesco, ou seja, uma estrutura de pedigree, estão os sistemas de acasalamento endogâmicos e o exogâmico. O acasalamento endogâmico é aquele ocorrente entre indivíduos mais aparentados que a média da população, assim, são geneticamente relacionados e, desse modo, apesar de não alterar a frequência gênica, aumenta a proporção de pares de genes homozigotos. Dessa forma, qualquer mudança na média da população gerada pelo acasalamento endogâmico, denominada por depressão pela endogamia, é atribuída à alteração das frequências genotípicas. Assim, em acasalamentos endogâmicos, ocorre diminuição dos valores das combinações gênicas e genotípicos dos indivíduos e da média dos valores fenotípicos da populção, além do aumento da variância genética (BOURDON, 2000).

Já o acasalamento exogâmico ou cruzamento é aquele entre indivíduos não aparentados, contrário ao que ocorre no acasalamento endogâmico. Por isso, pode ser considerado uma estratégia de acasalamento pois, acasalando indivíduos de raças diferentes ou linhas endogâmicas distantes é possível elevar a heterozigosidade. Assim, haverá aumento nos valores das combinações gênicas e genotípicos dos indivíduos gerados, causando aumento da média fenotípica da população cruzada. Como o cruzamento aumenta a produtividade, é possível estabelecer uma medida de superioridade em relação às raças envolvidas, a heterose ou vigor híbrido, que consiste na diferença entre a média das progênies cruzadas e a média das progênies das raças parentais, ou também, pela heterozigose, em porcentagem de combinações cromossômicas cruzadas, que são as combinações que envolvem genes de duas raças (BOURDON, 2000).

Dos vários resultados positivos que comprovam a significância da heterose estão os obtidos por Gregory et al. (1991) para características como peso ao nascer e à desmama ajustada aos 200 dias em três populações compostas. Gregory et al. (1965) relatam os resultados de um experimento planejado para avaliar os efeitos da heterose sobre as características de valor econômico em bovinos de corte, apresentando resultados das análises de efeitos de heterose para características como peso ao nascer, peso ao desmame e escore de conformação,

para compostos formados por raças mais frequentemente utilizadas para a produção de carne bovina nos Estados Unidos.

O cálculo da heterose direta esperada para certo cruzamento é dado por:

$$H_0 = \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{n} r_i r_j H_{ij} \tag{1}$$

Em que,

n é o número de raças no cruzamento;

r_i é a proporção da raça i no reprodutor;

r_j é a proporção da raça j na fêmea;

H_{ij} é a heterose para cruzamento das raças i e j.

4.2.1 Programas de acasalamentos

Conforme Gregorius (1989), várias associações entre os sistemas de acasalamento podem ser realizadas e um estudo mais complexo e detalhado pode ser realizado, assim, de acordo com a necessidade de cada produtor, do perfil de seu rebanho, das características das propriedasde e das exigências de mercado, é possível estabelecer as melhores estratégias apoiadas nos programas de melhoramento utilizados. Decisões como quais animais utilizar e como combiná-los são de grande importância em um programa de melhoramento genético. Isto vem sendo realizado de alguma forma por programas como o TOPGEN (MATTOS et al., 2000), TGRM (Total Genetic Resource Management) (KINGHORN et al., 2000) e o PAD (Programa de Acasalamentos Dirigidos) (ROSO;FRIES, 1998).

Estes programas utilizam as informações de DEPs (Diferenças Esperadas na Progênie) dos animais para simular acasalamentos, calcular índices (desmama e final) médios da futura progênie e sugerir as combinações para acasalamento que se enquadrem da melhor forma nos padrões exigidos e respeitando as restrições, otimizando os recursos genéticos existentes sob ponderações definidas com base no valor econômico ou na ênfase que se deseja dar à seleção de cada característica (CARDOSO et al., 2003). Porém, além de serem desenvolvidos e testados somente em animais de raças puras, só consideram as DEPs.

Explorando a heterose e a complementaridade das raças, é possível formar compostos raciais introduzindo várias estratégias nas várias gerações, buscando retenção de he-

terose e viabilidade genética e econômica. Formar um composto racial superior em várias características de interesse ou mesmo em um índice que pondere as características tem sido o foco de pesquisas que avaliam a produção de carcaça bovina.

A avaliação dos tipos biológicos quanto aos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos, direto e materno, podem colaborar na identificação da composição ideal na população composta para diferentes sistemas de produção. A composição racial ótima para uma característica foi determinada empiricamente por Kinghorn (1980) e Alenda e Martin (1981). As metodologias abordadas consistem em testar todas as possíveis combinações raciais e encontrar aquela que melhor se apresenta. Porém, com elevado número de raças envolvidas a utilização desta metodologia torna-se muito complexa. Uma metodologia similar e, desta vez, viável e sem grande complexidade computacional é descrita por Lin (1996), na qual a maximização do mérito total de uma população sintética é o objetivo, sendo o mérito total definido pela combinação linear de valores genotípicos ponderadas pelo valor econômico correspondente a cada característica.

4.2.2 Composto Montana Tropical®

Populações multirraciais são aquelas compostas pela reprodução cruzada de animais de raças puras e seus cruzamentos, assim, pais e mães podem ser de qualquer composição racial. Nos Estados Unidos, durante a criação das populações de bovinos Britânicos e Continentais, e também, por meio do uso de múltiplos acasalamentos alternativos para formar raças Bos taurus $\times$ Bos indicus, foram obtidas, como subproduto, populações multirraciais. No Brasil, processos similares têm contribuído para a geração de diversas populações multirraciais, porém, apresenta maior proporção Bos indicus. Dentre a população nacional de bovinos, grande parte é composta de raças zebu ou cruzamentos de zebu, assim, existe um grande número de subpopulações, com composição racial Bos indicus $\times$ Bos indicus e Bos indicus $\times$ Bos taurus, que se enquadram na descrição de população multirracial (ELZO et al., 2004).

Dentre os diversos sistemas de cruzamento, utiliza-se o cruzamento rotacionado, que consiste no acasalamento sucessivo de várias gerações de fêmeas com machos de raças distintas, em um sistema rotativo, considerando a composição racial dos indivíduos acasalados, tão diferentes quanto possível (BOURDON, 2000). Uma das opções para os problemas dos

cruzamentos rotacionados é a formação de compostos. Além disso, um dos grandes fatores limitantes dos programas de cruzamentos na pecuária de corte do Brasil é a falta de adaptação dos touros de origem européia ao regime de pasto (FERRAZ;ELER, 2000). Assim, a utilização de compostos avaliados genéticamente em programas conduzidos adequadamente, que se reproduzam a campo, podem se constituir em uma ferramenta de grande alcance, para o aumento da produtividade dos rebanhos brasileiros.

Diante à necessidade da criação de um sistema de cruzamentos de fácil implantação e controle, que alavancasse um novo conceito na pecuária brasileira, foi iniciado em 1994, pela maior empresa de comercialização de touros dos Estados Unidos na época, o projeto de melhoramento genético do Montana Composto Tropical®. O ideal do projeto era obter touros com comprovação, por avaliações, de superioridade genética, obter, por meio da combinação dos genes das vacas azebuadas, valores expressivos de heteroze na descendência. Além da boa adaptabilidade ao meio tropical e subtropical, realizando cobertura a campo e apresentando longevidade reprodutiva. E, para facilitar o acesso desde pequenos produtores, ter preços acessíveis. Atualmente o Montana atende às exigências de qualidade garantindo suporte na pecuária nacional (FERRAZ, et al., 2010).

Por envolver um grande número de raças, elas foram agrupadas em tipos biológicos segundo critérios de semelhança que geraram os grupos N, A, B e C descritos por Ferraz et al. (2010) pelos grupos:

N - Animais Bos indicus, zebuínos, como Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Tabapuã, além de zebuínos de origem africana como o Boran;

A - Bovinos de origem não zebuína adaptados aos trópicos, por meio de seleção. Inclui as raças Afrikander, Belmont Red, Bonsmara, Caracu, Romo-Sinuano, Senepol, Tuli, entre outros;

B - Taurinos de origem britânica como Aberdeen Angus, Devon, Hereford, Red Angus, Red Polled, South Devon, entre outros;

C - Taurinas da Europa continental como Charolês, Gelbvieh, Limousin, Pardo-Suíço, Simental, Marchigiana, Piemontês, entre outros.

Esses grupos raciais compõem o Montana quando respeitam a produção dentro do programa e franqueados, quando o animal apresenta cor da pelagem variando entre creme e cereja (Figura 1), descartando aqueles de cor branca, preta e com listras típicas de pelagem araçá. Manchas brancas são aceitas em pequenas quantidades em áreas sombreadas ou na cabeça. O umbigo dos machos não deve ultrapassar a linha imaginária entre as articulações dos membros anterios e posterios. Além dos limites raciais apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Restrições para composição racial Montana

Ítem	Mínimo	Máximo
Número de grupos raciais	3	Sem limite
Grupo N	0	6/16
Grupo A	2/16	14/16
Grupo N + Grupo A	4/16	16/16
Grupo B	0	12/16
Grupo C	0	12/16
Grupo B + Grupo C	0	12/16

Fonte: Ferraz et al. (2010).

Figura 1 - Exemplar de touro Montana. Fonte: MONTANA COMPOSTO TROPICAL (2011)

Assim, ao sobreano, os animais considerados Montana são classificados pelo índice (2) do programa apresentado por CFM (2011) e, de acordo com a inclusão nos limites

fenotípicos e os níveis de pressão de seleção admitidos pelo MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento), candidatam-se ao CEIP (Certificado Especial de Identificação e Produção), que é concedido aos 20-30% melhores.

$$I_{Montana} = -PN + 3PD + 4GP + MUSC + PE \tag{2}$$

Em que,

$I_{Montana}$ é o índice Montana de seleção;

PN é a DEP para peso ao nascer;

PD é a DEP para peso ao desmame;

GP é a DEP para ganho de peso de desmame aos 14 meses de idade;

$MUSC$ é a DEP para escore visual de musculosidade aos 14 meses;

PE é a DEP para perímetro escrotal medido aos 14 meses.

Pode ser agregada ainda, a padronização das características inseridas no índice, por apresentarem unidades de medida e magnitudes distintas. Assim, o valor para cada característica computado é dividido pelo desvio padrão genético correspondente.

4.3 Parentesco e endogamia

Sempre observou-se o fato de que os filhos tendem a assemelhar-se aos pais, além disso, o fenômeno também está presente nos demais níveis de parentesco. Porém, em geral, o grau de semelhança tende a diminuir conforme há afastamento no grau de parentesco entre os indivíduos. Este fenômeno foi estudado inicialmente no final do século XIX por Sir Francis Galton e colaboradores que, desenvolveram para este fim alguns métodos estatísticos como a correlação. Tempo depois, com o redescobrimento do mendelismo, pensou-se que o ponto de vista biométrico era antagônico aos estudos da transmissão dos genes individuais e só posteriormente, por meio das consequências estatísticas da natureza mendeliana da herança, que os dois ramos do conhecimento foram conciliados (LUSH, 1943).

Conforme a grande ascendência dos programas de melhoramento genético apoiados na utilização de técnicas como inseminação artificial, transferência de embriões e fertilização *in vitro*, que facilitam combinar animais de interesse para acasalamento, é possível associar o desempenho dos animais aos desempenhos de seus parentes, assim, animais que se destacam

em uma avaliação genética têm grandes chances de serem aparentados, e essa possibilidade é ainda maior se a quantidade de indivíduos na população for pequena.

Dentro de uma população, todos os animais estão relacionados em algum grau, assim, ocorre o acasalamento de indivíduos mais estreitamente relacionados do que a média da população, o que é denominado endogamia, que também pode ser entendida como o acasalamento entre parentes. A endogamia traz várias consequências, dentre elas, o aumento na homozigoze, ou seja, o aumento na frequência de genótipos homozigotos. Desse modo, há aumento na expressão de alelos recessivos deletérios com efeitos importantes, causando defeitos genéticos, além da depressão endogâmica, caracterizada pela diminuição em alguns desempenhos mais visivelmente em características como fertilidade e capacidade de sobrevivência (BOURDON, 2000).

Como forma de mensurar o nível de endogamia, Bourdon (2000) apresenta a definição de coeficiente de endogamia (F_x) de um indivíduo, como sendo a probabilidade de que dois alelos em um locus sejam idênticos por descendência. O cálculo do coeficiente de endogamia de um indivíduo X é dado por:

$$F_x = \sum_{AC=1}^{k} \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_{AC}) \tag{3}$$

Em que,

AC é um ancestral comum do pai e da mãe de X;

k é o número de ancestrais comuns no pedigree de X;

n_1 é o número de gerações que separa o ancestral comum a partir do pai de X;

n_2 é o número de gerações que separa o ancestral comum a partir da mãe de X;

F_{AC} é o coeficiente de endogamia do ancestral comum.

O nível de endogamia da progênie é determinado pela proximidade do relacionamento entre os pais no pedigree. A medida pelo coeficiente de relacionamento de Wright (R_{XY}) é definida de forma semelhante ao coeficiente de endogamia, e é a proporção provável de genes de um indivíduo X que são idênticos por descendência aos genes de um segundo indivíduo Y. Também pode ser definida como a correlação entre os valores genéticos de dois indivíduos X e Y.

Em muitos casos, o coeficiente de endogamia de um indivíduo é exatamente a

metade do coeficiente de relacionamento de Wright entre seus pais. Porém, se pelo menos um dos pais é endogâmico, o coeficiente de endogamia da progênie pode ser um pouco superior a metade do coeficiente de parentesco de Wright dos pais. O coeficiente de relacionamento de Wright entre os indivíduos X e Y é calculado por:

$$R_{XY} = \frac{\sum_{AC=1}^{k} \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2} (1 + F_{AC})}{\sqrt{1 + F_X}\sqrt{1 + F_Y}} \tag{4}$$

Em que,

AC é um ancestral comum de X e Y;

k é o número de ancestrais comuns no pedigree de X e Y;

n_1 é o número de gerações que separa o ancestral comum de X;

n_2 é o número de gerações que separa o ancestral comum de Y;

F_{AC} é o coeficiente de endogamia do ancestral comum;

F_X é o coeficiente de endogamia de X;

F_Y é o coeficiente de endogamia de Y.

Neste contexto, Falconer (1996) apresenta também a definição de coeficiente de parentesco de Malecot (f_{PQ}) como a probabilidade de gametas, tomados um de um progenitor P e o outro de outro progenitor Q, conterem alelos que são idênticos por origem. Assim, valor do coeficiente de parentesco de Malecot para os pais é idêntico ao coeficiente de endogamia da progênie. Portanto, pode ser obtido:

$$F_X = f_{PQ} = \frac{1}{4}(f_{AC} + f_{AD} + f_{BC} + f_{BD}) \tag{5}$$

Em que,

P e Q são pais de X;

A e B são pais de P;

C e D são pais de Q.

Em casos em que grandes pedigrees são considerados em uma análise genética que exige o cálculo dos coeficientes de endogamia ou de parentesco, é necessário utilizar uma metodologia computacional eficiente que efetue as tarefas de forma organizada e sintetizada. Bourdon (2000) descreve um método tabular que satisfaz essas condições, que apresenta o relacionamento do numerador do coeficiente de Wright, seu cálculo é simples e segue as regras:

Regra 1 - A relação entre o numerador do coeficiente de Wright entre os indivíduos X e Y é igual a média das relações entre numerador do coeficiente de Wright entre X e os pais de Y (ou entre Y e os pais de X). Matematicamente, se S e D são os pais de Y e denota-se por r_{XY} o numerador do coeficiente de Wright entre X e Y, então, $r_{XY} = \frac{r_{XS}+r_{XD}}{2}$.

Regra 2 - A relação numerador entre um indivíduo e si mesmo é seu coeficiente de endogamia mais 1. Matematicamente, $r_{XX} = 1 + F_X$.

Regra 3 - O coeficiente de endogamia de um indivíduo é igual à metade do relacionamento entre o numerador do coeficiente de Wright entre seus pais. Matematicamente, $F_X = \frac{r_{SD}}{2}$, em que, S e D são os pais de X.

Regra 4 - O coeficiente de Wright de relacionamento entre os indivíduos X e Y é igual à relação numerador dividida por $\sqrt{1+F_X}\sqrt{1+F_Y}$. Matematicamente, $R_{XY} = \frac{r_{XY}}{\sqrt{1+F_X}\sqrt{1+F_Y}}$.

Para desenvolvimento do método tabular, os passos devem ser seguidos:

Passo 1 - Ordenar os animais, tal que, os pais sempre se apresentem antes de suas progênies;

Passo 2 - Criar uma tabela listando os animais (ordenados) na parte superior e no lado esquerdo;

Passo 3 - Escrever os pais de cada animal, acima dele, na parte superior da tabela. Se um pai é desconhecido, escrever (_);

Passo 4 - Da esquerda para a direita, preencher a primeira linha de relacionamentos. O primeiro elemento é o elemento diagonal $(1+F_x)$ para o primeiro animal. Este indivíduo é um membro da população base (os pais são desconhecidos), assim, seu coeficiente de endogamia é presumivelmente zero e seu elemento diagonal é, portanto, 1. Da mesma forma, as relações entre os membros da população base são presumivelmente zero. (Se a informação for conhecida, pode ser preenchida). Ao não se tratar da população base, usar a regra 1 para calcular as relações.

Passo 5 - Copiar os valores da primeira linha para a primeira coluna da tabela;

Passo 6 - Preencher a próxima linha de relacionamentos. Usar a regra 1 para elementos fora da diagonal e regras 2 e 3 para elementos da diagonal;

Passo 7 - Copiar os valores desta linha na coluna correspondente;

Passo 8 - Repetir os passos 6 e 7 até completar a tabela;

Passo 9 - Para determinar o coeficiente de endogamia de um indivíduo a partir da tabela completa, encontrar o elemento da diagonal do indivíduo e subtrair 1.

Passo 10 - Para determinar o coeficiente de relacionamento de Wrights entre os indivíduos X e Y da tabela completa, encontrar o elemento fora da diagonal correspondente e dividir por $\sqrt{1+F_X}\sqrt{1+F_Y}$.

De certa forma, enquanto a endogamia se restringe a um nível aceitável, é bastante usada por criadores como forma de assegurar uniformidade racial e fixação de certas características de interesse comercial. Não são poucos os autores como Mi (1965), que comprovam a deterioração nos desempenhos de rebanhos com níveis de endogamia maiores que o aceitável.

Na bovinocultura de corte, conforme afirmam Kennedy et al. (1988) e Shimbo et al. (2000), o coeficiente de endogamia do indivíduo e da mãe podem ser utilizados como covariáveis em modelos que contenham efeitos genéticos e ambientais, além de colaborar na comparação entre linhagens endogâmicas e não-endogâmicas.

No Brasil, várias raças bovinas vêm sendo avaliadas conforme os efeitos endogâmicos, dentre as quais Alencar et al. (1981), Dias et al. (1994), Queiroz (1992), Marques et al. (1998) e Shimbo et al. (2000) avaliaram respectivamente os efeitos da endogamia em animais Canchim, Caracu, Gir, Simental e Nelore. Já para bovinos Montana, o nível máximo de 0,03 deve ser respeitado.

4.4 Programação linear inteira

A alocagem de recursos escassos e até mesmo a combinação de grandes volumes de dados que influenciam na tomada de decisão ótima, atingem diretamente o sistema organizacional e estratégico de empresas, a resolução de problemas da ciência, entre outros. Alguns

desses casos podem ser modelados em linguagem matemática e, por meio de metodologias de otimização, soluções mais inteligentes e convenientes podem ser obtidas.

Durante a Segunda Guerra Mundial, conforme afirmam Hillier e Lieberman (1986), houveram muitos esforços na urgente tentativa de alocar, de maneira eficaz, os recursos escassos que mantinham as operações militares. Diante disso, a gerência militar inglesa seguida pela americana, incumbiram um grupo de cientistas a resolverem os problemas táticos, utilizando abordagem científica, obtendo, assim, sucesso nas batalhas. Surgindo o primeiro grupo de pesquisadores em Pesquisa Operacional, que é a área que trata de como conduzir e coordenar operações e atividades em uma organização.

Tão grande foi o sucesso daquele grupo de pesquisadores, que aplicações posteriores em outras áreas trouxeram e ainda trazem ótimos resultados. O avanço computacional inpulsionou ainda mais a viabilidade do uso desses processos. Maximizar ou minimizar um conjunto de fatores de um sistema, cujas limitações se influenciam formando restrições, incorporam a matematização da descrição do problema real.

Dentre as sub-áreas pertencentes à pesquisa operacional, a programação linear é aquela que trata de modelos matemáticos com funções lineares aplicados à programação em computadores, pelo uso de algorítmos. Bazaraa et al. (2005) definem Problema de Programação Linear (PPL) por um problema de maximização ou minimização de uma função linear na presença de restrições lineares de desigualdade e/ou desigualdades. Matematicamente a formulação é dada por:

$$\text{Maximize } c_1x_1 + c_2x_2 + \ldots + c_nx_n \tag{6}$$

$$\begin{aligned} \text{Sujeto à} \quad & a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \ldots + a_{1n}x_n \geq b_1 \\ & a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \ldots + a_{2n}x_n \geq b_2 \\ & \vdots \\ & a_{m1}x_1 + a_{m2}x_2 + \ldots + a_{mn}x_n \geq b_m \\ & x_1, x_2, \ldots, x_n \geq 0 \end{aligned} \tag{7}$$

Em que,

$c_1x_1 + c_2x_2 + \ldots + c_nx_n$ é a função objetivo a ser maximizada (ou minimizada);

$c_1, c_2, \ldots, c_n$ são os coeficientes de custo;

$x_1, x_2, \ldots, x_n$ são as variáveis de decisão a serem determinadas;

$\sum_{j=1}^{n} a_{ij}x_j \geq b_i$ é a i-ésima restrição;

a_{ij}, para $i = 1, \ldots, m$ e $j = 1, \ldots, n$ são denominados coeficientes tecnológicos.

As desigualdades podem ser transformadas em igualdades, pois dada a desigualdade $\sum_{j=1}^{n} a_{ij}x_j \geq b_i$, subtraindo uma variável de folga não-negativa x_{n+1}, é possível obter $\sum_{j=1}^{n} a_{ij}x_j - x_{n+1} = b_i$. Similarmente $\sum_{j=1}^{n} a_{ij}x_j \leq b_i$ pode ser transformado em igualdade. Além disso, o processo inverso, ou seja, a transformação de igualdades em desigualdades, pode ser realizada.

Caso uma variável x_j seja negativa, ela pode ser denotada por $x_j = x'_j - x''_j$, para $x'_j \geq 0$ e $x''_j \geq 0$. E as novas variáveis são consideradas na otimização. Além disso, para transformar um problema de minimização em um problema de maximização, basta considerar a relação Maximize $\sum_{j=1}^{n} c_j x_j$ = Minimize $- \sum_{j=1}^{n} c_j x_j$. Qualquer PPL pode ser escrito da forma apresentada por (6) e (7).

Para denotar (6) e (7) matricialmente, basta considerar:

$$\text{Maximize } \boldsymbol{c'x} \tag{8}$$

$$\begin{aligned} \text{Sujeto à} \quad \boldsymbol{Ax} &= \boldsymbol{b} \\ \boldsymbol{x} &\geq 0 \end{aligned} \tag{9}$$

Em que, $\boldsymbol{c} = \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \\ \vdots \\ c_n \end{bmatrix}$, $\boldsymbol{x} = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix}$, $\boldsymbol{b} = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_n \end{bmatrix}$ e $\boldsymbol{A} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \ldots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \ldots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{m1} & a_{m2} & \ldots & a_{mn} \end{bmatrix}$.

Dentre os vários procedimentos de resolução de um problema de programação linear, um dos mais utilizados é o Simplex. Ele é baseado em um processo iterativo que parte de uma solução básica viável inicial e move-se à uma solução ótima, parando quando não houverem soluções melhores (TAHA, 1997).

Porém, em muitos casos, como em contagens, os problemas exigem que as variáveis de decisão sejam inteiras. Assim, uma restrição adicional é inserida no problema de programação linear informando esta condição, dificultando a resolução matemática. É comum encontrar cálculos que abordam a resolução do problema de programação linear utilizando o

método Simplex e, depois efetua a aproximação das variáveis para torná-las inteiras. Embora muitas vezes isso seja adequado, essa abordagem é falha (HILLIER; LIEBERMAN, 1986).

Com o advento da técnica Branch-and-Bound (LAND; DOIG, 1960) e suas variações, tornou-se possível resolver os problemas de programação linear inteira com mais precisão. A técnica é baseada na subdivisão do conjunto de todas as soluções viáveis em vários subconjuntos, dos quais, aqueles que não contribuam positivamente, dados seus limites inferiores e superiores, são excluídos. Aqueles restantes são, novamente subdivididos e o processo se repete até que seja encontrada a solução ótima.

5 MATERIAL E MÉTODOS

5.1 Banco de dados

Os dados para o estudo foram obtidos do banco de dados de bovinos compostos, gerenciado pelo Grupo de Melhoramento Animal da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, referentes aos animais nascidos entre os anos de 1994 e 2010 em fazendas situadas nos Estados das regiões Sudeste e Centro Oeste do Brasil.

As informações existentes no banco de dados são a identificação dos animais, rebanho, data de nascimento, pais e grupos de manejo ao longo da vida produtiva dos animais.

Além das características divididas em dois grupos:

- Características categóricas (avaliadas em escala ordinária e subjetiva que varia de 1 a 6):

  Escores de conformação

  Precocidade

  Musculosidade

- Características contínuas referentes aos pesos:

  Ao nascimento (PN)

  A desmama ajustado para 205 dias (P205)

  Ao sobreano ajustado para 420 dias (P420)

O banco de dados atual inclui cerca de 300.000 animais nascidos nos anos de 1994 a 2010 com matriz de parentesco com cerca de 500.000 animais.

5.2 Análises estatísticas

A partir do banco de dados Montana safra 2009, com 191 touros e 12694 vacas aptos ao acasalamento em 2011, com matriz de parentesco com 39155 animais, foram identificados seus valores genéticos e composições raciais.

Conforme CFM (2011), as análises foram realizadas de acordo com a metodologia de modelos mistos para modelo animal bi-caráter completo, para cada característica, considerando peso à desmama como característica relacional. E os parâmetros genéticos que pos-

sibilitam predizer as DEPs foram calculados por meio do procedimento MTDFREML (BOLDMAN; VAN VLECK, 1995).

Estimativas de efeitos aditivos e não aditivos que quantificam a contribuição genética aditiva direta e materna, e não-aditiva, expressa pelas heterozigoses direta e materna, dos tipos biológicos NABC foram obtidas para a população, como desvio do grupo N, para as características de interesse.

A estimação dos efeitos não aditivo de heterose e aditivo diretos e maternos da raça, é realizada conforme descrito em Mourão (2005), que utiliza o modelo RM que considera como efeitos fixos grupo de contemporâneos, classes de idade da mãe ao parto e covariáveis associadas aos efeitos genéticos aditivos diretos, maternos e não-aditivos das heterozigoses. Com modelo matemático dado por:

$$Y_{ijk} = \mu + GC_i + CIMP_j + a_A^d(A_{ijk}^d - \overline{A}^d) + a_B^d(B_{ijk}^d - \overline{B}^d) + a_C^d(C_{ijk}^d - \overline{C}^d) + a_A^m(A_{ijk}^m - \overline{A}^m) + a_B^m(B_{ijk}^m - \overline{B}^m) + a_C^m(C_{ijk}^m - \overline{C}^m) + h_{N\times A}^d(N \times A_{ijk}^h - \overline{N \times A^h}) + h_{N\times B}^d(N \times B_{ijk}^h - \overline{N \times B^h}) + h_{N\times C}^d(N \times C_{ijk}^h - \overline{N \times C^h}) + h_{A\times B}^d(A \times B_{ijk}^h - \overline{A \times B^h}) + h_{A\times C}^d(A \times C_{ijk}^h - \overline{A \times C^h}) + h_{B\times C}^d(B \times C_{ijk}^h - \overline{B \times C^h}) + h_T^m(MT_{ijk}^h - \overline{MT^h}) + e_{ijk}$$

Em que,

Y_{ijk} é o valor fenotípico do indivíduo k, ajustado para a idade de mensuração;

μ é uma constante inerente a cada característica;

GC_i é o efeito fixo do grupo de contemporâneos i;

$CIMP_j$ é o efeito fixo da classe de idade da mãe ao parto j;

a_A^d, a_B^d, a_C^d são os coeficientes de regressão dos efeitos genéticos aditivos diretos associados às composições raciais individuais (A^d, B^d, C^d), dados como desvios do grupo racial N;

a_A^m, a_B^m, a_C^m são os coeficientes de regressão dos efeitos genéticos aditivos maternos associados às composições raciais maternas (A^m, B^m, C^m), dados como desvios do grupo racial N;

$h_{N\times A}^d, h_{N\times B}^d, h_{N\times C}^d, h_{A\times B}^d, h_{A\times C}^d, h_{B\times C}^d$ são os coeficientes de regressão dos efeitos das heterozigoses diretas $(N \times A^h, N \times B^h, N \times C^h, A \times B^h, A \times C^h; B \times C^h)$;

h_T^m é o coeficiente de regressão do efeito da heterozigose materna total (MT^h);

e_{ijk} é o efeito residual.

Os efeitos de heterose direta e materna foram obtidos a partir das heterozigoses diretas, calculadas segundo a fórmula, $h_{ij} = \sum_{i \neq j} r_i r_j$, sendo r a porcentagem de contribuição do tipo biológico baseado no sistema NABC para pai i e mãe j, respectivamente.

Foram consideradas as seguintes heterozigoses diretas: N×A = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico N e A existente na composição racial do animal; N×B = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico N e B existente na composição racial do animal; N×C = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico N e C existente na composição racial do animal; A×B = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico A e B existente na composição racial do animal; A×C = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico A e C existente na composição racial do animal; B×C = porcentagem do cruzamento de raças do tipo biológico B e C existente na composição racial do animal. A heterozigose materna total (MT) foi expressa como a soma das heterozigoses parciais, como obtida acima, porém sendo calculado um valor total para a mãe do animal.

O processo de edição, análises de consistência, preparação do banco de dados, necessários para as diferentes análises foram efetuados utilizando-se o software Visual Fox-Pro, comandos do Sistema Operacional Linux e o sistema estatístico SAS (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM, 1999).

5.3 Composição racial ótima

É de grande interesse a determinação da composição racial ideal em uma população sintética. Lin (2006) descreve uma metodologia que maximiza o mérito de uma população baseado no valor genotípico agregado das progênies, por meio da combinação linear de valores genotípicos pelas ponderações.

Suponha que existam b raças e t características a serem consideradas na composição racial ótima para alcançar um mérito máximo numa população composta. Assume-se que a proporção de cada raça i no composto é p_i quando a população composta atinge o equilíbrio genético. Portanto,

$$\sum_{i=1}^{b} p_i = 1 \tag{10}$$

No equilíbrio, o mérito médio μ do composto é:

$$\mu = \sum_{i=1}^{b} \sum_{j=1}^{b} p_i p_j t_{ij} \tag{11}$$

em que, p_i é a proporção da i-ésima raça e t_{ij} é o mérito médio da combinação das i-ésima e j-ésima raças.

Em notação matricial:

$$\mu = \boldsymbol{p}'\boldsymbol{T}\boldsymbol{p} \tag{12}$$

em que, $\boldsymbol{p}$ é um vetor $b \times 1$ da proporção das raças e $\boldsymbol{X} = \begin{bmatrix} t_{11} & t_{12} & \cdots & t_{1b} \\ t_{21} & t_{22} & \cdots & t_{2b} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ t_{b1} & t_{b2} & \cdots & t_{bb} \end{bmatrix}$.

O multiplicador de Lagrange é usado para maximizar o mérito médio da população composta com a restrição (10).

Então, $\mu = \boldsymbol{p}'\boldsymbol{T}\boldsymbol{p} + \lambda(\boldsymbol{p}'\boldsymbol{u} - 1)$, em que, λ é o multiplicador de Lagrange e $\mathbf{u}$ é um vetor de uns de dimensão $b \times 1$.

$$\frac{\partial \mu}{\partial \boldsymbol{p}} = 2\boldsymbol{T}\boldsymbol{p} + \lambda \boldsymbol{u} = 0 \tag{13}$$

A equação (13) é resolvida para obtenção da proporção racial ótima:

$$\boldsymbol{p} = \frac{1}{2}\boldsymbol{T}^{-1}(-\lambda \boldsymbol{u}) \tag{14}$$

Por definição, a soma das proporções raciais é 1, logo $\boldsymbol{u}'\boldsymbol{p} = 1$. Multiplicando ambos os lados da equação (14) por $\boldsymbol{u}'$:

$$\boldsymbol{u}'\boldsymbol{p} = \frac{1}{2}\boldsymbol{u}'\boldsymbol{T}^{-1}(-\lambda \boldsymbol{u}) \tag{15}$$

Reorganizando a equação (15):

$$\lambda = -2(\boldsymbol{u}'\boldsymbol{T}^{-1}\boldsymbol{u})^{-1} \tag{16}$$

Pela substituição da equação (16) em (14), a composição racial ótima para maximizar o mérito médio é obtida por:

$$\boldsymbol{p} = (\boldsymbol{u}'\boldsymbol{T}^{-1}\boldsymbol{u})^{-1}\boldsymbol{T}^{-1}\boldsymbol{u} \tag{17}$$

O principal na resolução da equação (17) é a estimação da matriz $\boldsymbol{T}$. O mérito médio para a combinação das i-ésima e j-ésima raças é:

$$t_{ij} = \boldsymbol{g}'\boldsymbol{v} \tag{18}$$

em que, $\boldsymbol{g}$ é o vetor $t \times 1$ de valores genéticos para as características, e $\boldsymbol{v}$ é o vetor $t \times 1$ de ponderações. Os valores genéticos para as características são assumidos serem constituídos de efeitos aditivos, maternos e de heterose direta. Portanto,

$$\boldsymbol{g} = \boldsymbol{a}_i + \boldsymbol{a}_j + \boldsymbol{m}_j + \boldsymbol{h}_{ij} \tag{19}$$

em que, $\boldsymbol{a}_i$ e $\boldsymbol{a}_j$ são vetores de efeitos genéticos aditivos da i-ésima raça dos reprodutores e da j-ésima raça das mães, respectivamente, $\boldsymbol{m}$ é o vetor de efeitos maternos para a j-ésima raça das mães e $\boldsymbol{h}_{ij}$ o vetor de efeitos diretos de heterose para a combinação das raças i e j. Quando $i = j$, o vetor $\boldsymbol{h}_{ij}$ é nulo. Substituindo a equação (19) em (18):

$$t_{ij} = (\boldsymbol{a}_i + \boldsymbol{a}_j + \boldsymbol{m}_j + \boldsymbol{h}_{ij})\boldsymbol{v}' \tag{20}$$

Substituindo t_{ij} na matriz $\boldsymbol{T}$ e rearranjando, obtemos:

$$\boldsymbol{T} = \frac{1}{2}(\boldsymbol{A}\boldsymbol{v}\boldsymbol{u}' + \boldsymbol{u}\boldsymbol{v}'\boldsymbol{A}' + \boldsymbol{M}\boldsymbol{v}\boldsymbol{u}' + \boldsymbol{u}\boldsymbol{v}'\boldsymbol{M}') + \boldsymbol{H} \tag{21}$$

em que, $\boldsymbol{A}$ é uma matriz $b \times t$ de efeitos genéticos aditivos, $\boldsymbol{M}$ é a matriz $b \times t$ de efeitos maternos, $\boldsymbol{v}$ é o vetor $t \times 1$ de ponderações, $\boldsymbol{u}$ é o vetor $b \times 1$ de uns e $\boldsymbol{H} = \sum_{i=1}^{t} \boldsymbol{v}_i \boldsymbol{H}_i$, tal que $\boldsymbol{H}_i$ é a matriz de efeitos de heterose direta para a i-ésima característica definida como:

$$\boldsymbol{H}_i = \begin{bmatrix} 0 & h_{12} & h_{13} & \cdots & h_{1t} \\ h_{21} & 0 & h_{23} & \cdots & h_{2t} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ h_{t1} & h_{t2} & h_{t3} & \cdots & 0 \end{bmatrix} \tag{22}$$

A equação (21) mostra que a composição racial ótima é uma função dos efeitos genéticos e ponderações.

Além dos efeitos genéticos aditivo, materno e de heterose direta, tal como descrito acima, pode-se considerar tanto os efeitos de heterose paterna e materna na determinação da

composição racial ótima. Isto pode ser conseguido adicionando as duas matrizes $\boldsymbol{S}$ e $\boldsymbol{Q}$, descritas a seguir, no lado direito de equação (21):

$$\boldsymbol{S} = \sum_{i=1}^{t} \boldsymbol{v}_i \boldsymbol{S}_i \tag{23}$$

em que, $\boldsymbol{S}_i$ é a matriz de heterose paterna para a i-ésima característica. E

$$\boldsymbol{Q} = \sum_{i=1}^{t} \boldsymbol{v}_i \boldsymbol{Q}_i \tag{24}$$

em que, $\boldsymbol{Q}_i$ é a matriz de heterose materna para a i-ésima característica. As matrizes $\boldsymbol{S}_i$ e $\boldsymbol{Q}_i$ têm a mesma forma que a matriz de heterose direta descrita em (22).

Se a proporção ótima é negativa para uma determinada raça, então a raça deve ser eliminada do composto e a otimização ocorrer sem considerá-la. Provavelmente, obter proporção de raça negativa significa que a raça tem um desempenho ruim para vários componentes do mérito médio.

5.4 Composição racial ótima restrita

Conforme Hayes et al. (2000), as equações desenvolvidas por Lin (1996) podem ser modificadas para restringir uma raça específica (ou uma combinação de raças) no composto para uma proporção desejada. Dois multiplicadores de Lagrange são necessários, um α restringe a soma das proporções das raças e um β restringe a proporção de uma raça específica (ou combinação de raças) em c.

Dessa forma, deve-se otimizar o mérito médio:

$$m = \boldsymbol{p}'\boldsymbol{T}\boldsymbol{p} + \alpha(\boldsymbol{p}'\boldsymbol{u} - 1) + \beta(\boldsymbol{p}'\boldsymbol{v} - c) \tag{25}$$

em que, $\boldsymbol{u}$ é um vetor unitário $b \times 1$ e $\boldsymbol{v}$ é um vetor $b \times 1$ contendo 1 para as raças restritas, e 0 para as outras. A equação (25) é diferenciada e igualada a zero para máximo mérito:

$$\frac{\partial m}{\partial \boldsymbol{p}} = 2\boldsymbol{T}\boldsymbol{p} + \alpha\boldsymbol{u} + \beta\boldsymbol{v} = 0 \tag{26}$$

A equação (26) é resolvida para obtenção da proporção racial ótima:

$$\boldsymbol{p} = -\frac{1}{2}\boldsymbol{T}^{-1}(\alpha\boldsymbol{u} + \beta\boldsymbol{v}) \tag{27}$$

Por simplificação, os escalares são definidos:

$$x = \boldsymbol{u}'\boldsymbol{T}^{-1}\boldsymbol{u} \tag{28}$$

$$y = \boldsymbol{v}'\boldsymbol{T}^{-1}\boldsymbol{v} \tag{29}$$

$$w = \boldsymbol{u}'\boldsymbol{T}^{-1}\boldsymbol{v} = \boldsymbol{v}'\boldsymbol{T}^{-1}\boldsymbol{u} \tag{30}$$

Por definição, a soma das proporções raciais é 1, logo $\boldsymbol{u}'\boldsymbol{p} = 1$. Multiplicando ambos os lados da equação (27) por $\boldsymbol{u}'$ e reorganizando temos:

$$\alpha = -x^{-1}(2 + \beta w) \tag{31}$$

Além disso, por definição, $\boldsymbol{v}'\boldsymbol{p} = c$. Multiplicando ambos os lados da equação (27) por $\boldsymbol{v}'$ e reorganizando temos:

$$\alpha = -w^{-1}(2c + \beta y) \tag{32}$$

Igualando as equações (31) e (32) e resolvendo para β:

$$\beta = 2(w - cx)(xy - w^2)^{-1} \tag{33}$$

Substituindo a equação (33) na equação (31):

$$\alpha = 2(cw - y)(xy - w^2)^{-1} \tag{34}$$

As equações (33) e (34) podem ser substituídas na equação (27), que é resolvida para dar a composição racial ideal para o mérito médio com a proporção de uma raça especifica ou combinação racial restrita a c. Assim:

$$\boldsymbol{p} = \boldsymbol{T}^{-1}[(cw - y)\boldsymbol{u} + (w - cx)\boldsymbol{v}][w^2 - xy]^{-1} \tag{35}$$

Se a equação (35) apresentar proporções raciais negativas na otimização, então, essas devem ser excluídas da otimização e o cálculo deve ser refeito.

5.5 Combinação ótima para acasalamento

Dada uma população de bovinos compostos avaliada genéticamente, é possível calcular a combinação entra vacas e doses dos touros que ofereça progênies com mérito médio máximo.

Seja a população com b raças ou grupos raciais e t características avaliadas, apta ao acasalamento e formada por nv vacas e nt touros, em que, cada touro τ dispõe de nd_τ doses de sêmen. Assim, há um total de $nd = \sum_{\tau=1}^{nt} nd_\tau$ doses disponíveis para inseminação.

Por meio de um índice I que pondera as DEPs de cada característica k pelos pesos $c_k, k = 1, \ldots, t$, é possível ordenar os animais, do melhor para o pior, com base no seu potencial genético:

$$I = \sum_{k=1}^{t} c_k DEP_k \tag{36}$$

Assim, após determinar um número r de acasalamentos a serem realizados, é possível selecionar as r melhores doses de sêmen a serem atribuídas às r melhores vacas, também selecionadas. A limitação $r \leq \min\{nv, nd\}$ deve ser respeitada, conforme a disponibilidade dos animais.

O sistema de combinação entre as r vacas e as r doses de sêmen gera um índice médio para a população baseado na média do índice esperado para a progênie de cada combinação. Cada progênie com pai dono da dose l e mãe s, tem seu índice estimado por:

$$I_{ls} = \sum_{k=1}^{t} c_k (a_{lk} + a_{sk} + m_{sk} + h_{lsk}) \tag{37}$$

Em que,

c_k é a ponderação para a característica k;

a_{lk} é o efeito aditivo do pai dono da dose l para a característica k;

a_{sk} é o efeito aditivo da mãe s para a característica k;

m_{sk} é o efeito materno da mãe s para a característica k;

h_{lsk} é o efeito de heterose direta para a combinação da raça do pai dono da dose l com a raça da mãe s para a característica k.

Dessa forma, o índice médio para as r progênies em uma população acasalada é

dada por:

$$\mu = \frac{1}{r}\sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls} I_{ls} \tag{38}$$

Tal que,

$$d_{ls} = \begin{cases} 1 & \text{, se a vaca } s \text{ recebe a dose de sêmen } l; \\ 0 & \text{, se a vaca } s \text{ não recebe a dose de sêmen } l. \end{cases} \tag{39}$$

Para que cada vaca seja atribuída à uma só dose de sêmen:

$$\sum_{l=1}^{r} d_{l1} = 1, \sum_{l=1}^{r} d_{l2} = 1, \ldots, \sum_{l=1}^{r} d_{lr} = 1 \tag{40}$$

E, para que cada dose seja atribuída à uma só vaca:

$$\sum_{s=1}^{r} d_{1s} = 1, \sum_{s=1}^{r} d_{2s} = 1, \ldots, \sum_{s=1}^{r} d_{rs} = 1 \tag{41}$$

Assim, de (40) e (41), tem-se:

$$\sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls} = r \tag{42}$$

Substituindo a expressão (37) em (38), tem-se:

$$\mu = \frac{1}{r}\sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls} \sum_{k=1}^{t} c_k (a_{lk} + a_{sk} + m_{sk} + h_{lsk}) \tag{43}$$

Que pode ser denotado por:

$$\mu = \frac{1}{r}\sum_{k=1}^{t} c_k \sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls} (a_{lk} + a_{sk} + m_{sk} + h_{lsk}) \tag{44}$$

E decomposto em:

$$\mu = \frac{1}{r}\sum_{k=1}^{t} c_k \left[\sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls} a_{lk} + \sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls}(a_{sk} + m_{sk}) + \sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls} h_{lsk} \right] \tag{45}$$

$$\mu = \frac{1}{r}\sum_{k=1}^{t} c_k \left[\sum_{l=1}^{r} a_{lk} \sum_{s=1}^{r} d_{ls} + \sum_{s=1}^{r}(a_{sk} + m_{sk}) \sum_{l=1}^{r} d_{ls} + \sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls} h_{lsk} \right] \tag{46}$$

Substituindo (40) e (41) em (46), tem-se:

$$\mu = \frac{1}{r}\sum_{k=1}^{t} c_k \left[\sum_{l=1}^{r} a_{lk} + \sum_{s=1}^{r}(a_{sk} + m_{sk}) + \sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls}h_{lsk}\right] \tag{47}$$

Verifica-se, a partir da equação (47), que, independente da combinação entre vaca e dose de sêmen, as informações dos efeitos aditivos dos pais e de efeitos maternos não alteram o valor do índice médio μ. Portanto, se a população não for composta, ou seja, se for formada por indivíduos de mesma raça, a equação (47), por conta da ausência dos efeitos de heterose, é:

$$\mu = \frac{1}{r}\sum_{k=1}^{t} c_k \left[\sum_{l=1}^{r} a_{lk} + \sum_{s=1}^{r}(a_{sk} + m_{sk})\right] \tag{48}$$

O que comprova que, em uma população de indivíduos de mesma raça, o mérito médio será sempre o mesmo, independente da combinação para acasalamento, havendo influência apenas na variabilidade da população resultante. Assim, calcular:

$$\max \mu = \frac{1}{r}\sum_{k=1}^{t} c_k \left[\sum_{l=1}^{r} a_{lk} + \sum_{s=1}^{r}(a_{sk} + m_{sk}) + \sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls}h_{lsk}\right] \tag{49}$$

Sujeito às retrições (40) e (41).

Fornece solução, para os valores dos d_{ls}'s, equivalente àquela calculada por:

$$\max \mu' = \sum_{k=1}^{t} c_k \sum_{l=1}^{r}\sum_{s=1}^{r} d_{ls}h_{lsk} \tag{50}$$

Sujeito às restrições (40) e (41).

Considerando o fato de que vários animais aptos ao acasalamento têm a mesma composição racial, apresentando valores para efeitos de heterose direta iguais, podemos simplificar a função objetivo (50), agrupando os indivíduos de mesma composição. Assim, calcular (50), sujeito à (40) e (41), equivale a calcular:

$$\max \mu' = \sum_{k=1}^{t} c_k \sum_{i=1}^{m}\sum_{j=1}^{n} q_{ij}h_{ijk} \tag{51}$$

Sujeito a,

$$\sum_{i=1}^{m} q_{i1} = QV_1, \ldots, \sum_{i=1}^{m} q_{in} = QV_n \tag{52}$$

$$\sum_{j=1}^{n} q_{1j} = QT_1, \ldots, \sum_{j=1}^{n} q_{mj} = QT_m \tag{53}$$

$$q_{ij} \in \mathbb{Z}_+ \tag{54}$$

Em que,

m é o número de diferentes composições raciais existentes na população dos touros selecionados para acasalamento, portanto $m \leq r$;

n é o número de diferentes composições raciais existentes na população das vacas selecionadas para acasalamento, portanto $n \leq r$;

q_{ij} é quantas vezes os touros de composição racial i se acasalam com vacas de composição racial j;

h_{ijk} é o efeito de heterose direta para a combinação da composição racial i dos touros com a composição racial j das vacas para acasalamento para a característica k;

QV_j é número de vacas com composição racial j;

QT_i é número de doses de sêmen provenientes de touros com composição racial i.

Matricialmente, (51) é dado por:

$$\max \mu' = \left(\sum_{k=1}^{t} c_k \boldsymbol{h}_k \right)' \boldsymbol{q} \tag{55}$$

Em que,

$$\boldsymbol{h}_k = [h_{11k}, h_{12k}, \ldots, h_{1nk}, h_{21k}, h_{22k}, \ldots, h_{2nk}, \ldots, h_{m1k}, h_{m2k}, \ldots, h_{mnk}]' \tag{56}$$

$$\boldsymbol{q} = [q_{11}, q_{12}, \ldots, q_{1n}, q_{21}, q_{22}, \ldots, q_{2n}, \ldots, q_{m1}, q_{m2}, \ldots, q_{mn}]' \tag{57}$$

Assim, a solução $\boldsymbol{q}$ que maximiza o mérito médio μ' e, consequentemente μ, é calculada por meio dos métodos de programação linear inteira aplicados à (55) sob as restrições (52), (53) e (54).

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A seguir, são apresentados e discutidos os resultados obtidos por meio das metodologias descritas, aplicadas ao conjunto de dados em questão.

6.1 Composição racial ótima NABC

A maximização do mérito médio de uma população sintética, pode ser determinada de acordo com a proporção de cada raça ou grupo racial no composto. Além disso, um índice que pondera cada característica avaliada deve ser considerado, otimizando, assim, o mérito médio baseado nessa ponderação, que pode ser econômica. Para a análise em questão, será utilizado o índice do programa Montana, apresentado em (2), em que, os resultados obtidos são casos particulares deste. Assim, as análises devem ser refeitas para outras ponderações ou características.

O critério de maximização descrita por Lin (1996) apresenta uma solução ótima pontual, cujas soluções podem ser incabíveis ao gerar proporções negativas ou maiores que um. Sua sugestão é retirar a raça ou grupo racial da análise e refazê-la. Porém, utilizando a metodologia extendida de Lin (1996) desenvolvida por Hayes et al. (2000), é possível restringir determinada proporção racial e calcular uma solução ótima para cada restrição, permitindo assim, gerar uma curva de mérito médio ótimo em função da variação da proporção de cada grupo racial. Hayes et al. (2000) também indicam a exclusão da análise dos grupos raciais com proporções negativas.

Ao executar uma implementação no software R do procedimento de Lin (1996) para os dados apresentados na Tabela 2, obtém-se solução ótima para as proporções dos grupos raciais N, A, B e C dadas, respectivamente, por -0.32120074, 1.11519307, 0.12220814 e 0.08379953. Esta solução apresenta valores negativos e maiores que um, assim, é inconsistente. Ao invés de seguir a recomendação feita por Lin (1996) e Hayes et al. (2000), excluindo o grupo racial N do composto, uma análise mais detalhada para cada combinação dos grupos raciais foi realizada avaliando o efeito da variação de cada grupo no composto.

Tabela 2 - Estimativas dos efeitos aditivos diretos e maternos e não-aditivos das heterozigoses direta e materna total, para características do índice Montana

Efeito genético[1]	Característica[2]				
	PN	PD	GP	MUSC	PE
A_M	$1,426642$	$-34,08375$	$-2,42120$	$-0,2678333$	$1,059511$
B_M	$3,110418$	$-8,48969$	$-7,75565$	$-0,2838099$	$0,178431$
C_M	$2,643081$	$-4,50846$	$-9,31869$	$-0,0562031$	$0,995719$
A	$-0,120235$	$12,95950$	$20,49691$	$0,2892115$	$1,458483$
B	$-2,265945$	$6,81577$	$8,89706$	$0,0125792$	$4,274867$
C	$0,154699$	$-2,03193$	$12,09751$	$-0,2114950$	$2,200433$
$N \times A$	$0,677937$	$4,33951$	$-4,23491$	$-0,0401939$	$0,725884$
$N \times B$	$1,208936$	$11,03593$	$14,69064$	$0,2420159$	$0,167939$
$N \times C$	$0,224371$	$12,79886$	$10,15683$	$0,3579325$	$0,611238$
$A \times B$	$0,299705$	$10,54510$	$0,54228$	$0,2588588$	$0,532669$
$A \times C$	$-0,108314$	$11,24975$	$0,01332$	$0,3134837$	$0,624468$
$B \times C$	$-0,098718$	$9,25748$	$1,58388$	$0,3161521$	$1,451298$
Materna total	$0,400069$	$8,40259$	$-2,82182$	$-0,0123618$	$0,103842$

[1] A_M, B_M e C_M são os efeitos aditivos maternos para, respectivamentos os grupos A, B e C.

[2] PN é peso ao nascer dado em kg; PD é peso ao desmame dado em kg; GP é ganho de peso de desmame aos 14 meses de idade dado em kg; MUSC é escore visual de musculosidade aos 14 meses; PE é perímetro escrotal medido aos 14 meses dado em cm.

6.1.1 Compostos de dois grupos raciais sem padronização das características

Para analisar o comportamento do mérito médio de uma população sintética formada por dois grupos raciais, de acordo com a variação da proporção de cada um, não é necessário calcular uma proporção ótima, pois, se para cada par de compostos houver a pré-determinação que condiciona um composto a uma proporção c, segundo o critério de Hayes et al. (2000), consequentemente a proporção do segundo grupo racial será $1 - c$. Variando

este valor de 0 a 1 para a função (25), uma curva que descreve os méritos médios para cada combinação de proporções é gerada.

Na disponibilidade de dados dos grupos raciais N, A, B e C, serão realizadas análises para todas as combinações destas, tomadas duas a duas.

Ao efetuar, para o composto NA, a variação de proporções em função do crescimento da proporção de N descrita na Figura 2(a), é possível apresentar o gráfico descrito na Figura 2(b) de méritos médios. A Figura 2(b) mostra que, para o composto NA, o crescimento da proporção do grupo N causa queda no mérito médio, assim, a proporção que determina maior mérito médio é 1 para o grupo A e 0 para o grupo N, em que, o mérito médio é 10,16126. Tomando a proporção do grupo N igual a 0, é possível observar o mérito médio 10,16126 para o grupo A e, para proporção 1 do grupo N, observa-se o mérito médio para o grupo N dado por 0, pois os valores foram calculados como seus desvios.

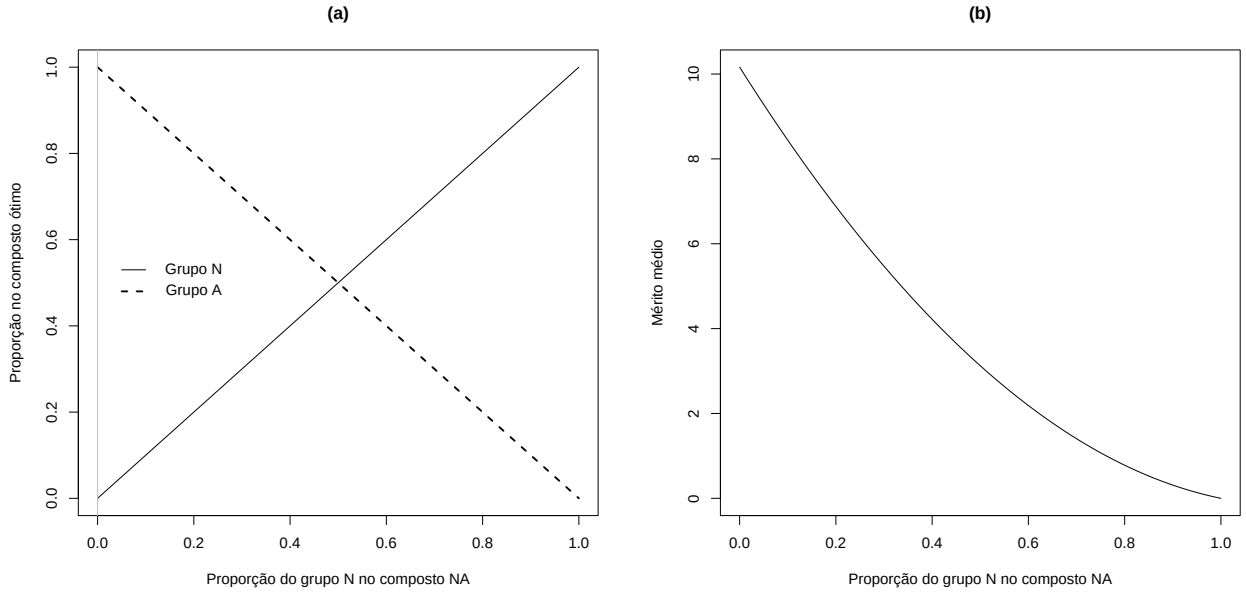

Figura 2 - Influência do grupo N no composto NA

Avaliando o efeito da variação da proporção do grupo N no composto NB, apresentado na Figura 3(a), é possível estabelecer os valores para mérito médio plotados no gráfico apresentado na Figura 3(b), que apresenta uma curva com concavidade para baixo quase simétrica, ou seja, os efeitos dos grupos N e B no composto NB são bem próximos e, de acordo com a proximidade das proporções, o mérito médio tende a ser maior, apresentando proporção

ótima 0,4921 para o grupo N e 0,5079 para o grupo B que determinam um mérito médio 46,98782.

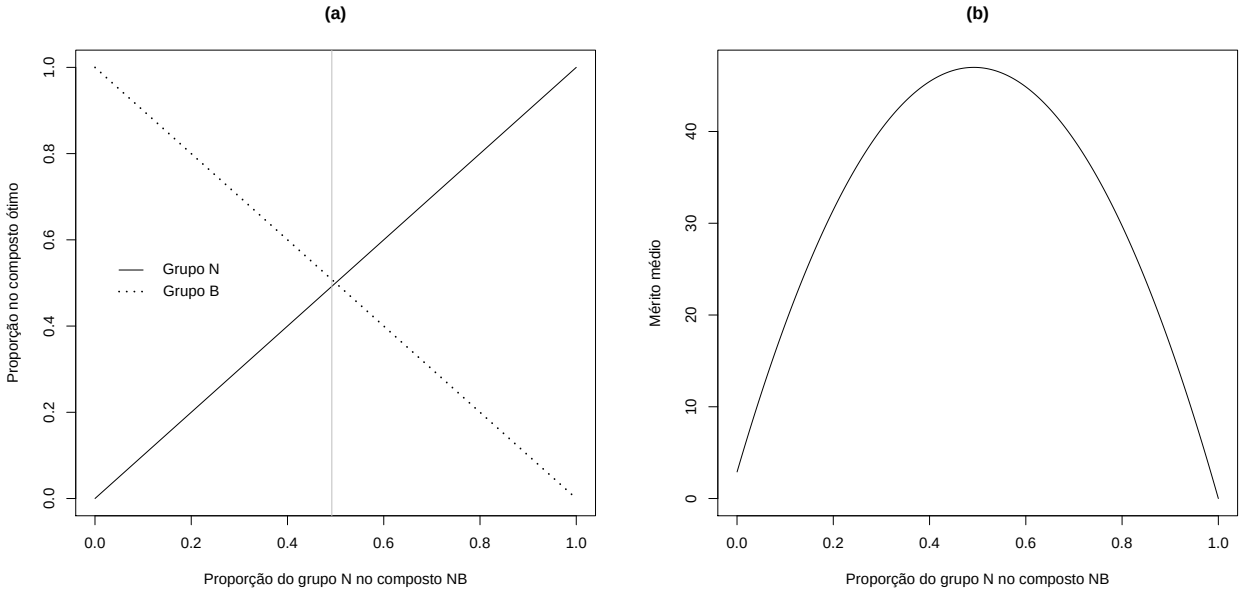

Figura 3 - Influência do grupo N no composto NB

O composto NC apresenta mérito médio crescente de acordo com o aumento da proporção do grupo N até que este colabore com proporção 0,5262, ponto em que, com proporção de 0,4732 do grupo C, apresenta maior mérito médio dado por 35,80666, fatos descritos na Figura 4. Porém, a partir daí, conforme a proporção do grupo N aumenta, há diminuição no mérito médio da população.

Para uma população sintética AB, o grupo A influencia diretamente no crescimento do mérito médio conforme o aumento da sua proporção no intervalo de 0 a 0,5530, para o intervalo complementar, o aumento do grupo A implica na redução do valor do mérito médio, conforme a Figura 5. Desse modo, as proporções para os grupos A e B, que otimizam o mérito médio do composto no valor 23,86363, são respectivamente 0,5530 e 0,4470.

Conforme os gráficos da Figura 6, na composição que envolve os grupos A e C, o crescimento da proporção do grupo A e, portanto, a diminuição do grupo C, colabora ao aumento do mérito médio desde a proporção 0 para o grupo A e proporção 1 para o grupo C, até proporção 0,6330 para o grupo A e 0,3670 para C, que otimizam o mérito médio dado por 19,55103. A partir daí, aumentando a participação do grupo A e diminuindo a do grupo C, há

decréscimo no mérito médio.

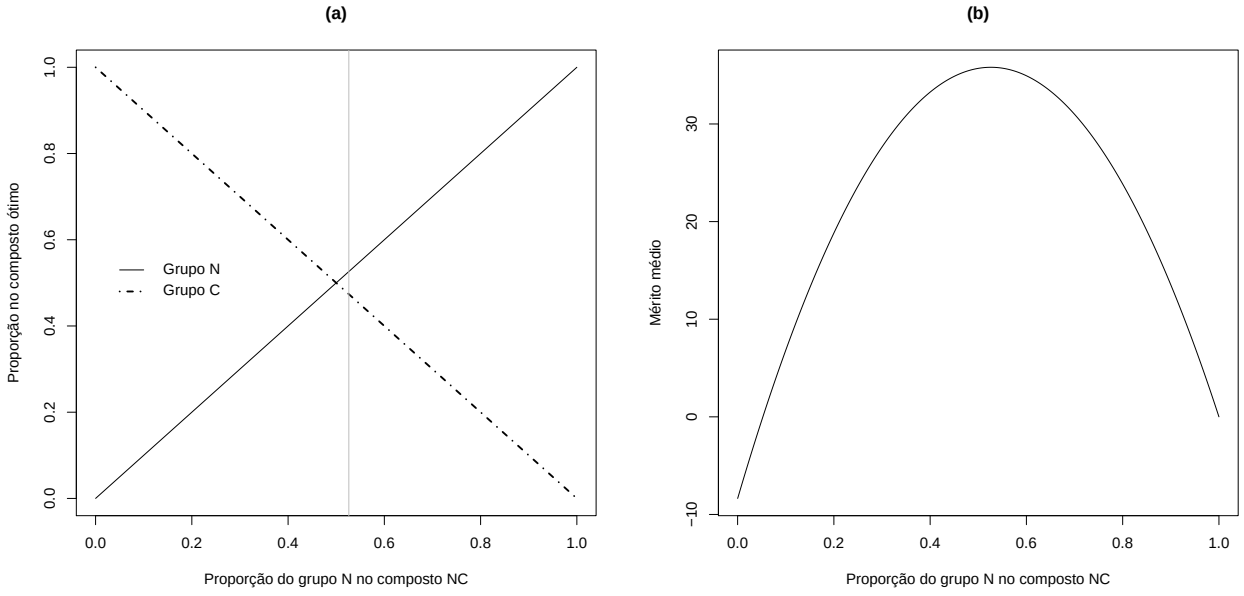

Figura 4 - Influência do grupo N no composto NC

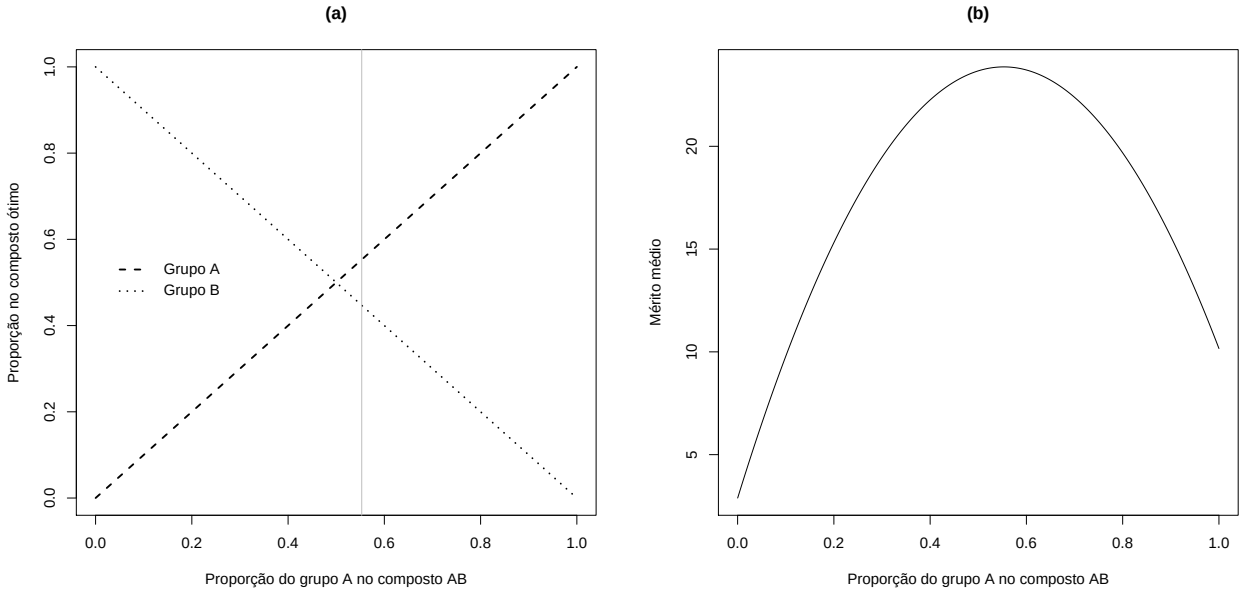

Figura 5 - Influência do grupo A no composto AB

O composto BC apresenta mérito médio ótimo 15,68049 para proporções dos grupos B e C dadas, respectivamente por 0,5782 e 0,4218. Diminuindo ou aumentando a proporção do grupo B, a partir de sua proporção ótima, o mérito médio torna-se decrescente.

Restringindo a proporção 0 para o grupo B, é possível calcular o mérito médio -8,37522 do grupo C e, para proporção 1 do grupo B o valor de seu mérito médio é 2,88147.

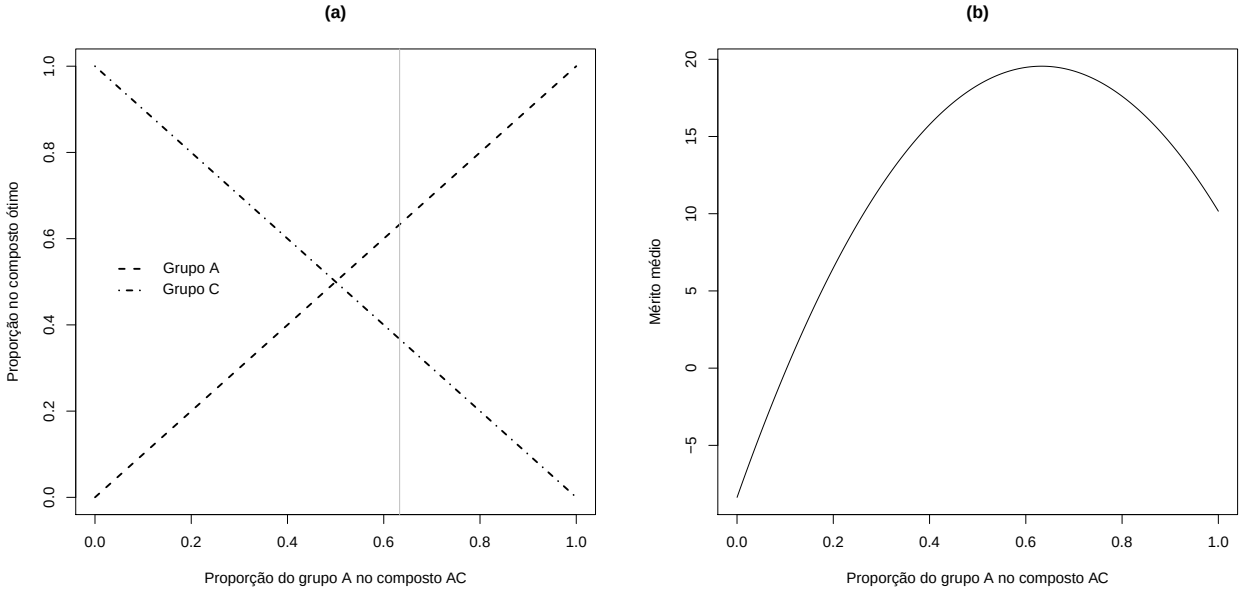

Figura 6 - Influência do grupo A no composto AC

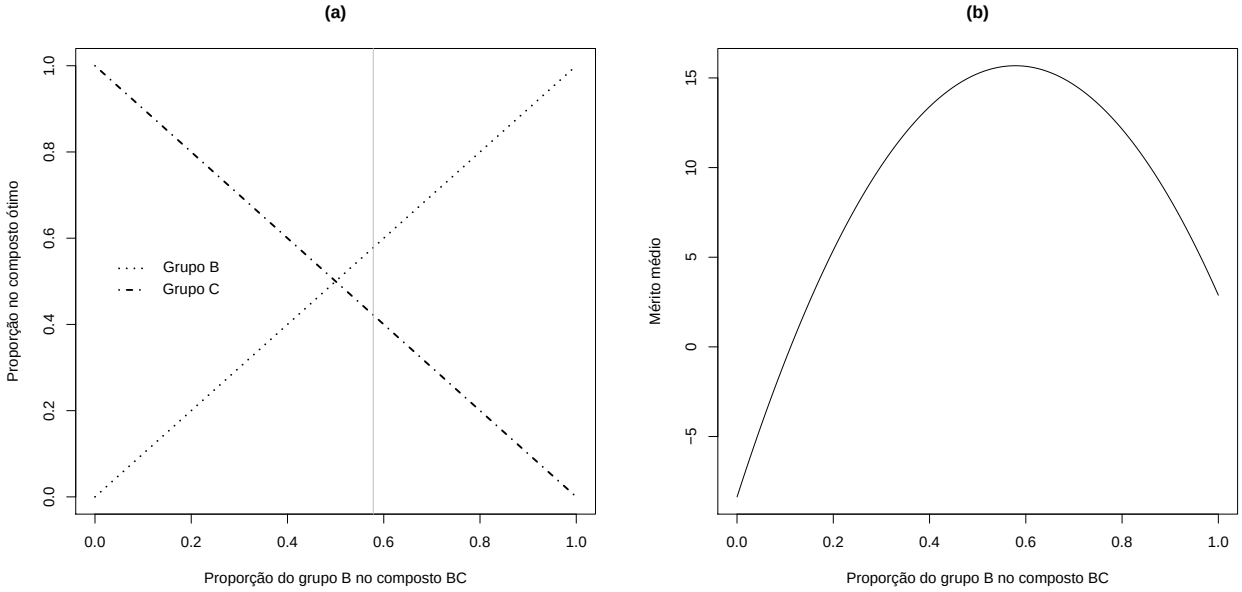

Figura 7 - Influência do grupo B no composto BC

Para populações compostas por dois grupos raciais, NB e NC apresentam méritos médios ótimos para proporções perto de metade de cada grupo, AB e BC necessitam de uma

pequena contribuição maior que metade do composto, respectivamente dos grupos A e B, fato que é mais intensificado no composto AC pela maior parcela do grupo A. Já o cruzamento NA não é recomendado, pois, a participação do grupo racial N só prejudica o desempenho do mérito médio deste composto, que indica a presença plena do grupo A.

6.1.2 Compostos de três grupos raciais sem padronização das características

Para avaliar o comportamento dos méritos médios das populações compostas por três ou mais grupos raciais, é necessário utilizar a expressão (35) que, a partir da restrição de um dos grupos raciais a um valor c, é possível gerar proporções para os demais grupos que maximizem o mérito médio, calculado posteriormente por (25). Em casos em que existam soluções para proporções incabíveis para todos ou parte dos valores atribuídos à proporção restrita à c, serão utilizados os resultados obtidos para dois compostos na tomada de decisão para proporções e respectiva construção da curva de mérito médio ótimo.

Para analisar o composto racial NAB, é necessário gerar soluções para a restrição de cada grupo. Dessa forma, restringindo-se os valores das proporções do grupo N, e variando seus valores de 0 até 1, é possível obter proporções ótimas para A e B em função da proporção de N na população sintética. Assim como, é feito restringindo os valores das proporções dos grupos A e B.

A Figura 8(a) apresenta as proporções ótimas para os grupos A e B, no composto NAB, quando a proporção de N varia de 0 a 1, e a Figura 8(b) apresenta os méritos médios ótimos correspondentes. Para proporção do grupo N variando de 0 a 0,2934, são considerados os grupos N, A e B no composto, porém, conforme grande redução da proporção do grupo A em função do aumento da proporção do grupo N, a partir da proporção 0,2935 para o grupo N, o grupo A é retirado do composto e as análises seguem de acordo com os resultados obtidos para o composto NB, assim, o valor de mérito médio máximo é igual àquele do composto NB, 46,98782. O ponto em que A é retirado do composto é ponto de inflexão para o gráfico de mérito médio, mudando da concavidade para cima para concavidade para baixo, e o ponto em que a proporção de N é 0 na Figura 8(a) representa a proporção ótima para o composto AB e o máximo para o mérito médio na Figura 8(b).

A proporção ótima no composto NAB sujeito à restrição da proporção do grupo

A, é descrita na Figura 9(a) que gera méritos médios ótimos apresentados na Figura 9(b). Para a proporção do grupo A restrita a 0, a Figura 9(a) apresenta proporção ótima para a composição NB, que também é ótima para a composição NAB, com respectivo mérito apresentado na Figura 9(b). Conforme há aumento na proporção do grupo A, há diminuição no mérito médio ótimo, além disso, a partir da proporção 0,6934 do grupo A, o grupo N é excluído do composto, modificando a concavidade da curva de méritos médios para baixo.

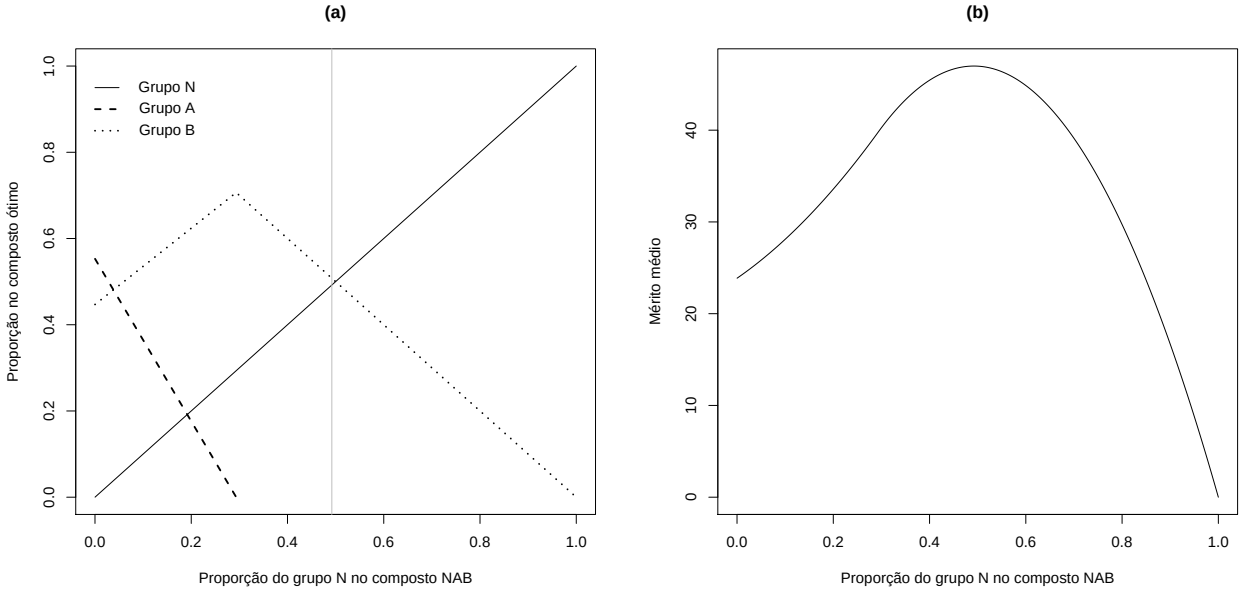

Figura 8 - Influência do grupo N no composto NAB

O composto NAB sujeito à restrição da proporção do grupo B não admite solução cabível, assim, é realizada uma análise conjunta para os compostos NB e AB com a restrição em B e, a decisão ótima é baseada na melhor obtida para cada proporção do grupo B entre os compostos NB e AB. Assim, da proporção 0 a 0,0895 para grupo B, é considerada a análise do composto AB e, a partir daí é viável utilizar a composição NB, ocorrendo assim mudança brusca da utilização do grupo A para o B vista na Figura 10(a), e uma junção das curvas para mérito médio conforme a Figura 10(b).

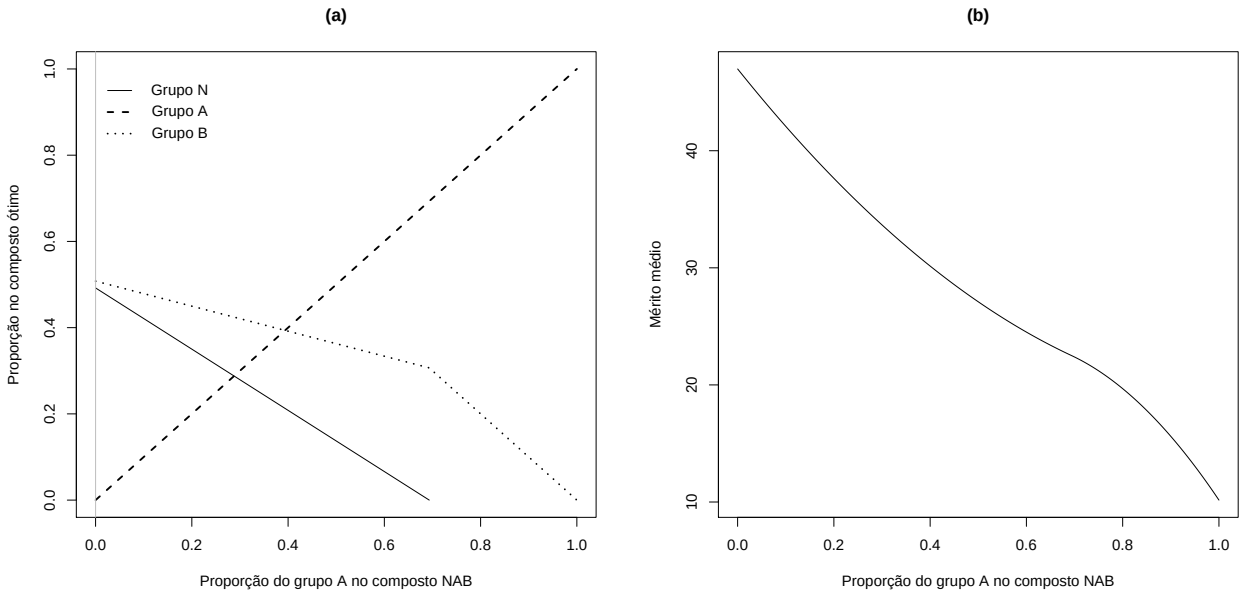

Figura 9 - Influência do grupo A no composto NAB

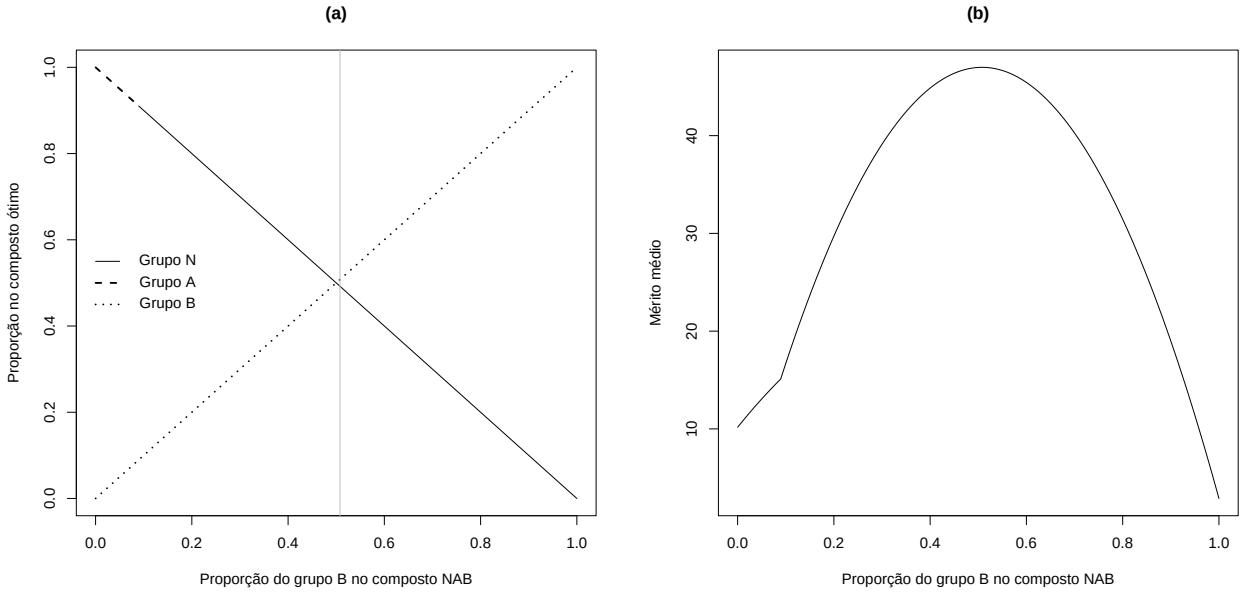

Figura 10 - Influência do grupo B no composto NAB

O aumento da proporção do grupo A só prejudica o mérito médio ótimo do composto NAB, deste modo este grupo é excluído, tornando a proporção ótima idêntica àquela calculada para o composto NB, ou seja, 0,4921 para proporção do grupo N e 0,5079 para proporção do grupo B, fornecendo mérito médio ótimo 46,98782.

Ao analizar o composto NAC, primeiramente, restringe-se a proporção do grupo N e calcula-se as proporções ótimas dos grupos restantes, conforme a Figura 11. Novamente, o grupo A colabora somente em parte das composições em função da proporção do grupo N, assim, participa do composto para proporção de N variando de 0 a 0,3722, apenas neste intervalo a curva de mérito médio apresenta concavidade para cima. No intervalo complementar a este, a análise é feita conforme a variação do grupo N no composto NC, fornecendo valores ótimos idênticos a este.

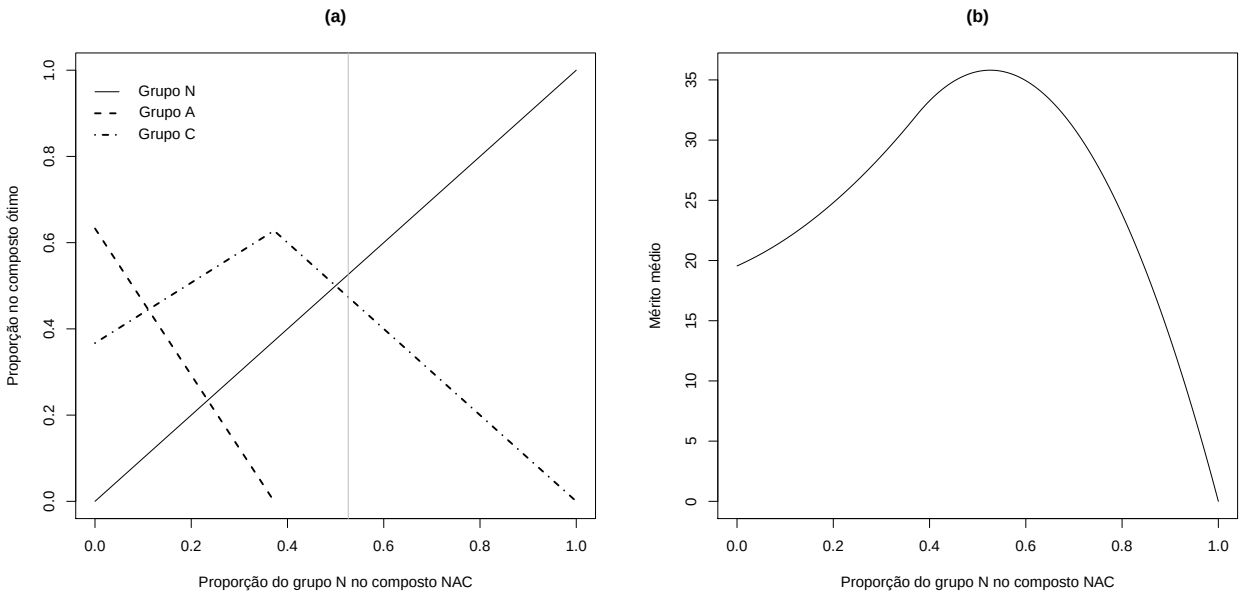

Figura 11 - Influência do grupo N no composto NAC

Obter a composição ideal para um grupo de animais sintéticos NAC em função da restrição da proporção do grupo A indica, conforme a Figura 12, que o aumento da proporção do grupo A causa redução no valor do mérito médio ótimo. Desse modo, é considerada a proporção ótima do composto NC. Para a restrição da proporção do grupo A acima de 0,7084, o grupo N é excluído, mudando a concavidade da curva de mérito médio ótimo para baixo.

Tomando as proporções ótimas do composto NAC em função da restrição de C, é possível verificar a impossibilidade da análise pela presença de proporções inadequadas, assim, a análise é realizada conjuntamente para os compostos NC e AC restringindo as proporções de C. De acordo com o valor máximo para o mérito médio dos grupos estudados, é possível selecionar o máximo entre eles e atribuir o composto conveniente a cada proporção de C

como apresentado na Figura 13. Assim, para proporção de C entre 0 e 0,1131 é utilizada a combinação AC e, para as demais proporções considera-se o composto NC, que apresenta a proporção ótima para NAC.

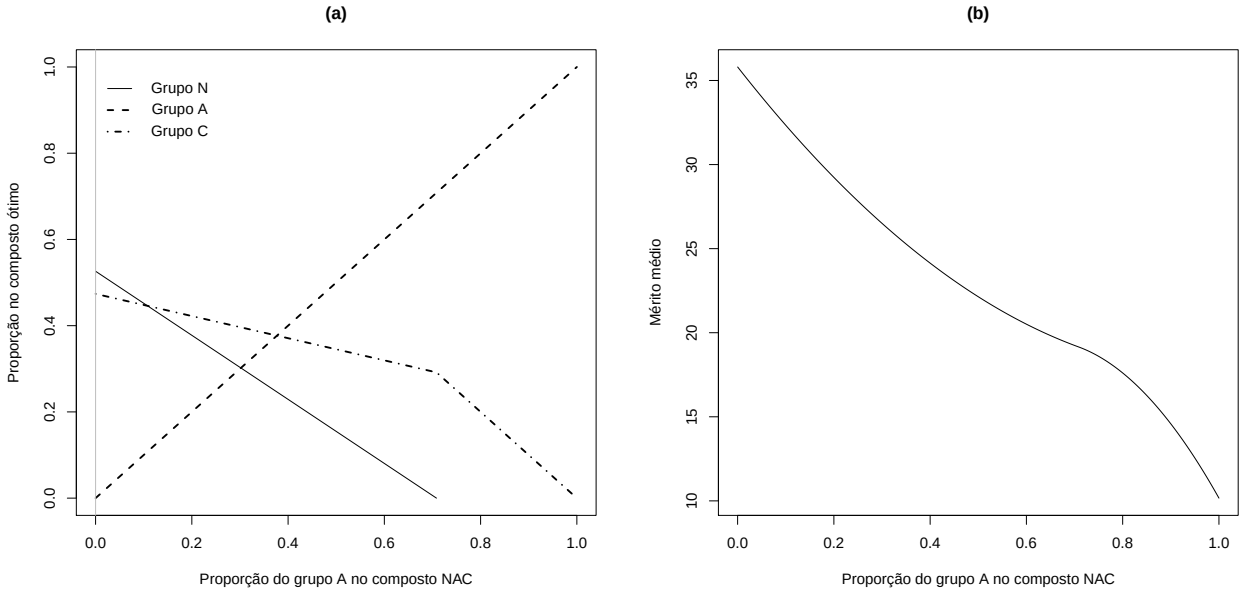

Figura 12 - Influência do grupo A no composto NAC

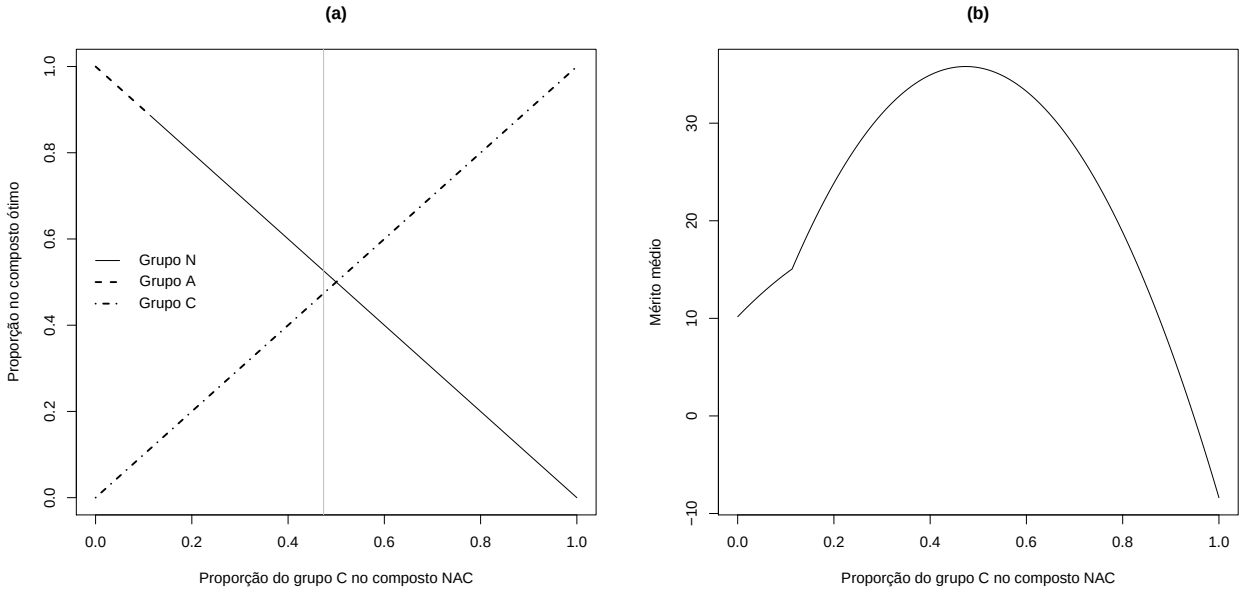

Figura 13 - Influência do grupo C no composto NAC

O composto NAC apresenta solução ótima igual à obtida para NC, ou seja,

proporção 0,5262 e 0,4738 para, respectivamente os grupos N e C. Similarmente ao que ocorre para o NAB, a utilização do grupo A não é uma boa alternativa também ao NAC.

Retirando o grupo A e, restringindo os grupos N, B e C, avaliemos o composto NBC. Ao restringir a proporção do grupo racial N para calcular o conjunto de proporções ótimas para os grupos B e C, é possível verificar, por meio da Figura 14, o crescente mérito médio até que a proporções do grupo N tenha valor 0,4613, ponto em que, com proporções otimizadas para B e C dadas respectivamente por 0,4200 e 0,1187 tem-se mérito médio ótimo 47,82810. Mesmo participando do composto ótimo, a participação do grupo C neste composto só é viável até a proporção 0,6418 de N.

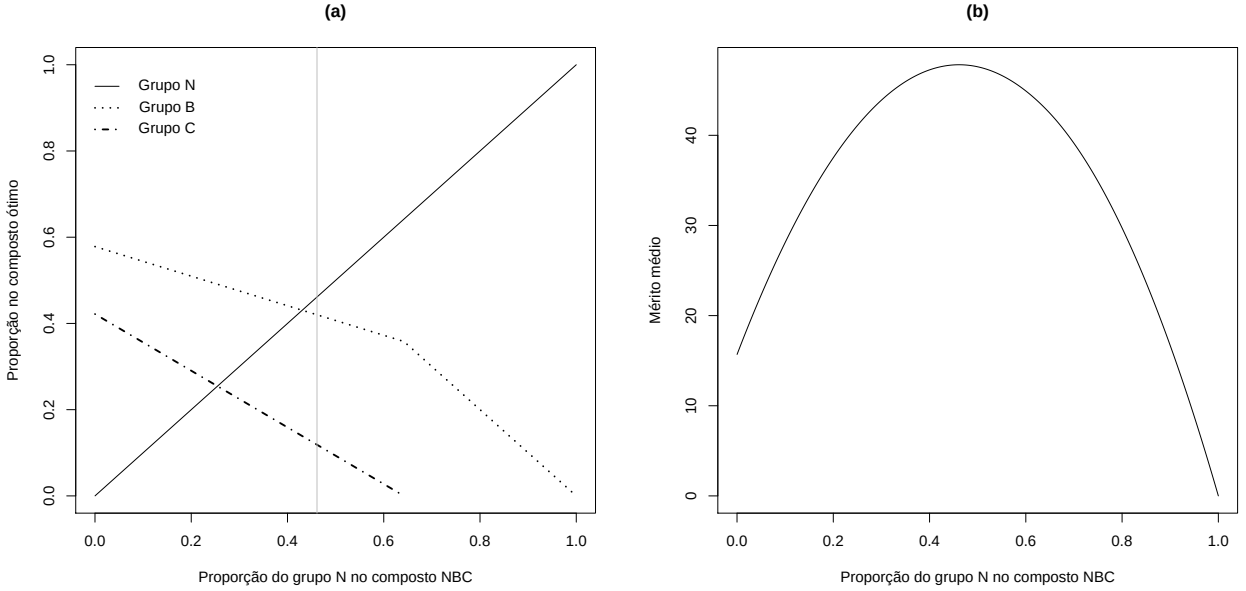

Figura 14 - Influência do grupo N no composto NBC

Restringindo as proporções do grupo B na composição NBC, é possível observar, pela Figura 15, que o grupo C contribui apenas até a restrição de 0,5606 para proporção de N, apesar do grupo C contribuir com 0,1187 na proporção ótima que também conta com 0,4200 do grupo N e 0,4613 do grupo B para gerar mérito médio ótimo 47,82810.

Para o composto NBC, tomadas proporções restritas do grupo C, se verifica pela Figura 16, superioridade no mérito médio ótimo para proporções pequenas de C, em que, a opção ótima de proporções já foram calculadas ao restringir N e B.

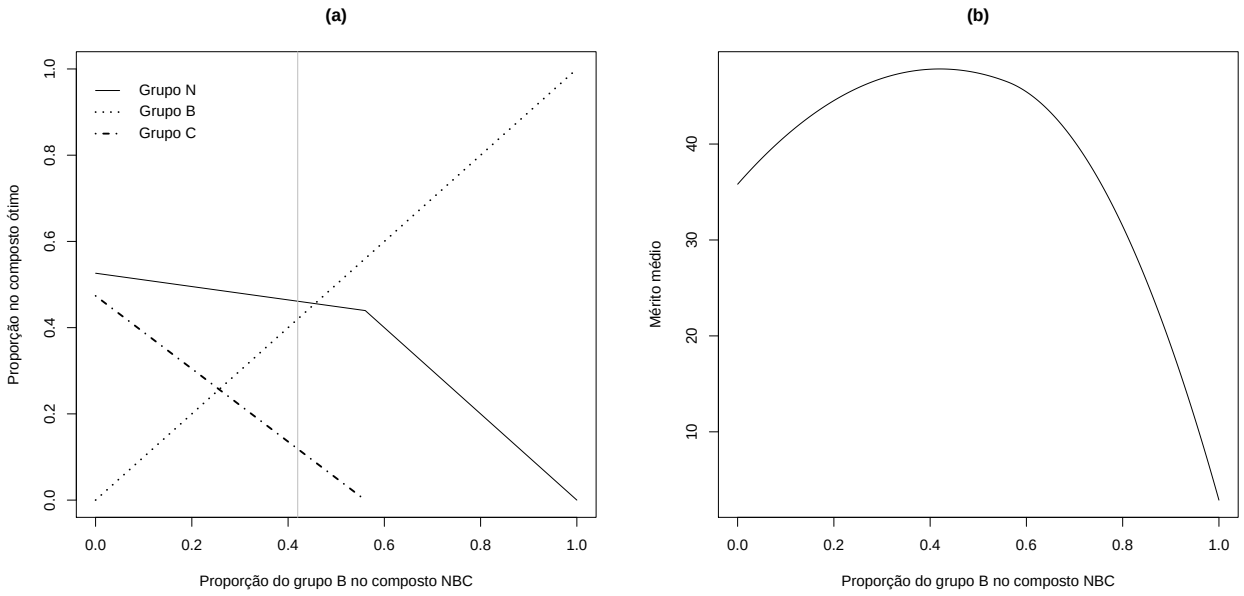

Figura 15 - Influência do grupo B no composto NBC

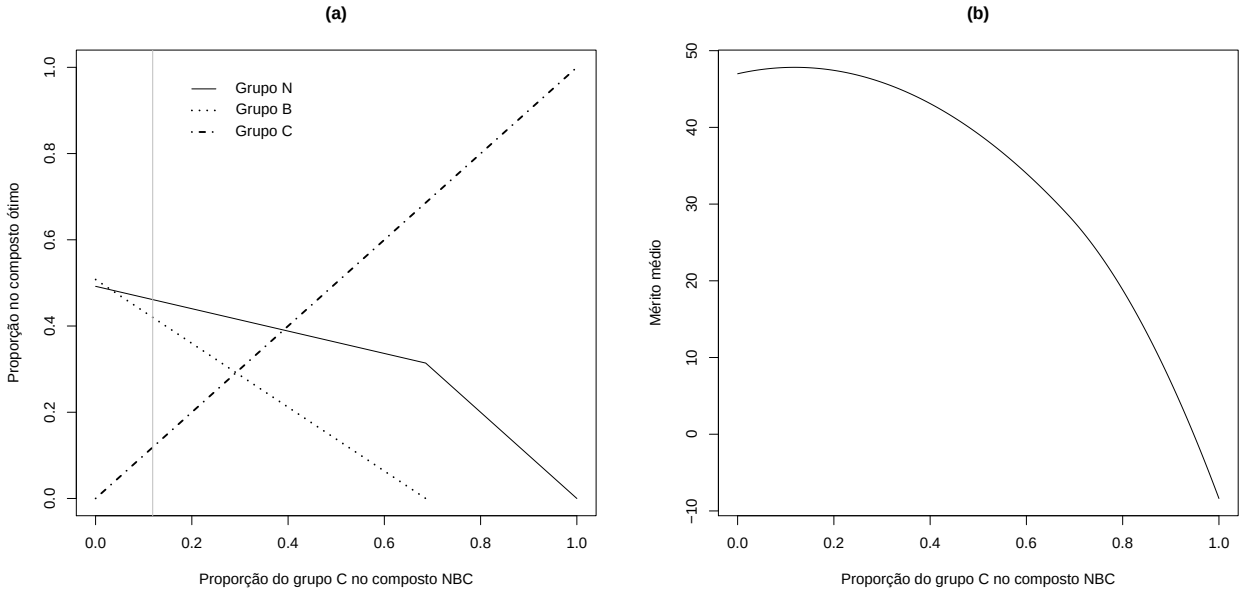

Figura 16 - Influência do grupo C no composto NBC

O composto NBC apresenta composição ótima 0,4613 para N, 0,4200 para B e 0,1187 para C, fornecendo mérito médio ótimo 47,8281. Comparando com o composto NB, há pequeno acréscimo no mérito médio ótimo, mostrando a pequena contribuição de C. Em comparação ao composto NC, o grupo B traz boa contribuição ao composto e em relação ao

composto BC, o grupo N traz grande contribuição ao composto NBC.

Estudando o composto ABC e variando o valor da restrição para proporção do grupo A visível na Figura 17(a), é possível gerar o gráfico da Figura 17(b) de mérito médio ótimo. O grupo B sempre apresenta contribuição de proporção maior que o grupo C, este último participa do composto ótimo até a proporção 0,8562 de N, porém, está presente no composto com proporções que apresenta mérito médio superior 26,01934 dado por 0,4496 de A, 0,3500 de A e 0,2004 de C.

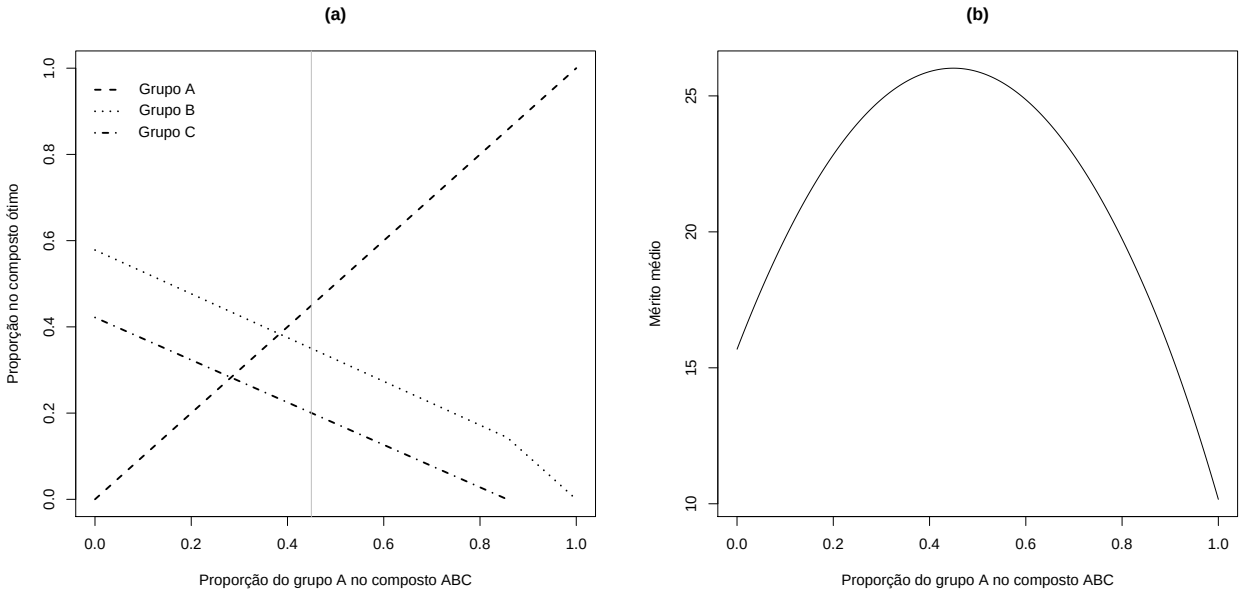

Figura 17 - Influência do grupo A no composto ABC

Admitindo restrição para proporção do grupo B no composto ABC, é possível verificar, pela Figura 18 que sempre há maior proporção do grupo A em relação ao grupo C, que não está presente na composição ótima ABC na variação de B a partir da sua restrição para proporção de 0,7711. E a proporção ótima equivale àquela calculada restringindo A.

O mérito médio ótimo para restrições do grupo C no composto ABC, apresenta valores superiores para proporções pequenas de C, assim como, verificado quando se restringe a proporção do grupo C no composto NBC. Sempre há maior contribuição do grupo A em relação ao grupo B no composto, este último, se apresenta no composto apenas até proporção 0,9241 de N. Fatos apresentados na Figura 19.

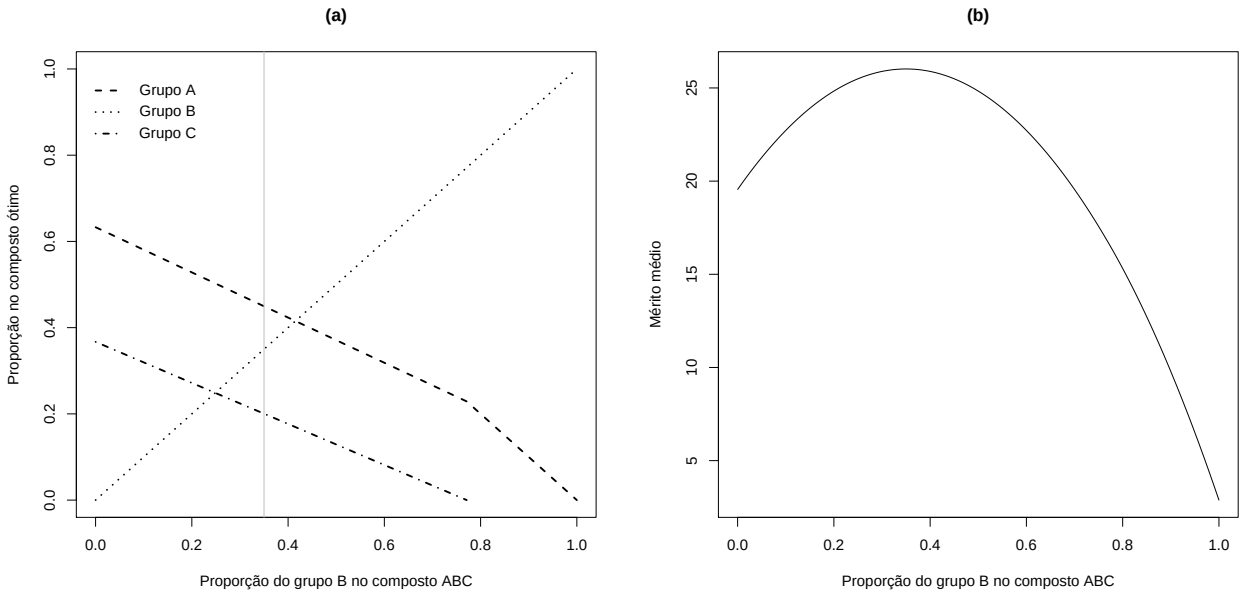

Figura 18 - Influência do grupo B no composto ABC

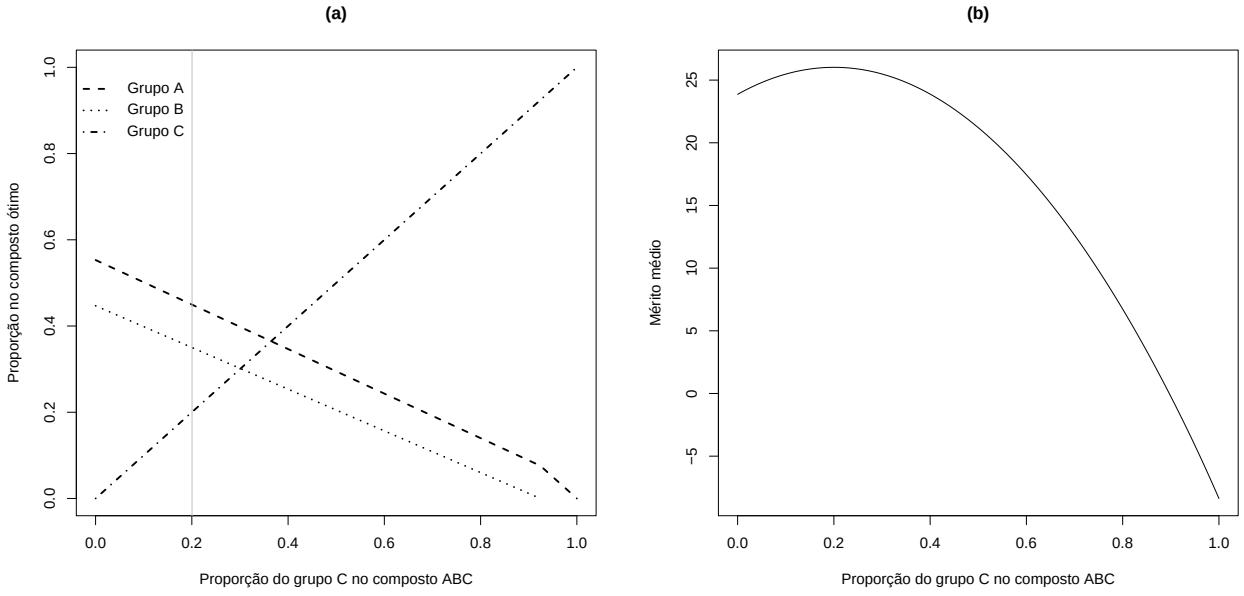

Figura 19 - Influência do grupo C no composto ABC

As proporções ótimas 0,4496, 0,3500 e 0,2004 respectivamente, para A, B e C no composto ABC, apresentam pequena superioridade em relação ao composto AB, isto é, o grupo C traz pequeno acréscimo no mérito médio ótimo. Comparando o composto ABC com AC e BC é possível comprovar contribuição considerável dos grupos B e A no composto ABC.

6.1.3 Compostos de quatro grupos raciais sem padronização das características

Ao analisar compostos formados pelos 4 grupos raciais N, A, B e C, por meio da metodologia de Lin (1996), são resultantes da otimização, proporções negativas e maiores que 1, desse modo, ao invés de excluir aquelas negativas e refazer a análise, foram estudados os compostos resultantes das combinações dois a dois e três a três por meio da metodologia de Hayes et al. (2000), que calcula as proporções ótimas para os grupos raciais tomando a restrição de um deles. Para avaliar o composto NABC, será utilizada a mesma estratégia, além disso, quando ocorrerem soluções incabíveis, as análises realizadas para três grupos raciais serão utilizadas, e estas já incluem as análises realizadas para dois grupos.

Variando as restrições para proporção do grupo N no composto NABC conforme a Figura 20, é possível visualizar a composição ótima para o composto ABC, quando a proporção do grupo N é nula. Para proporções pequenas do grupo N no composto NABC, há utilização superior do grupo A em relação aos outros, porém, conforme há aumento da proporção do grupo N, há diminuição da proporção do grupo A, para que haja mérito médio ótimo. Dessa forma, para proporção de N maior que 0,0358, há maior contribuiçãodo grupo B seguido pela contribuição do grupo A.

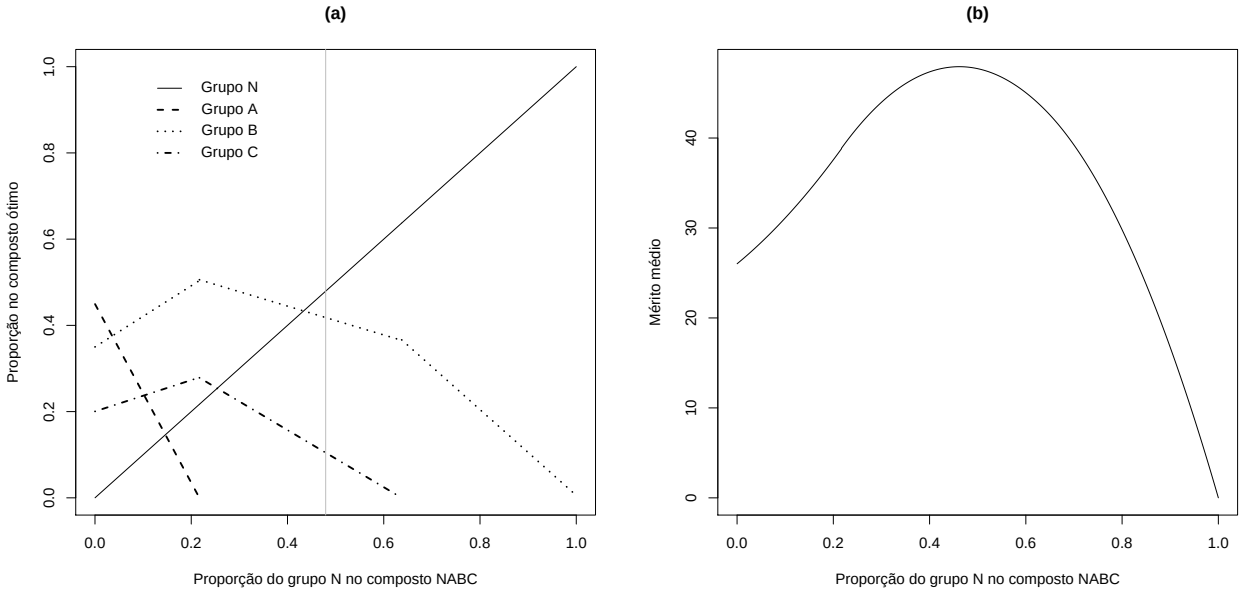

Figura 20 - Influência do grupo N no composto NABC

A partir da proporção 0,1022 de N, a contribuição do grupo C torna-se maior que a do grupo A, e assim, após 0,1463 de N é o grupo com menor contribuição, até não pertencer mais ao composto para proporções de N superiores a 0,2169, mudando a concavidade da curva de mérito médio ótimo que era para baixo. O grupo B sempre é utilizado com maior proporção do que o grupo C, que têm proporções superiores ao grupo N, respectivamente, até proporções 0,4335 e 0,2540 para o grupo N. O grupo C não participa mais do composto a partir da proporção 0,6372 de N. O mérito médio ótimo ocorre para proporções encontradas na participação dos grupos raciais N, B e C, assim, os resultados equivalem àqueles obtidos para o composto NBC.

Ao restringir as proporções do grupo A no composto NABC conforme a Figura 21(a), que contém as proporções ótimas, é possível identificar uma curva decrescente de mérito médio ótimo na Figura 21(b). Desse modo, o mérito médio ótimo é aquele em que a proporção do grupo A é 0, coincidindo com aquele obtido para o composto NBC. Para proporção nula ou pequena do grupo A, o grupo N tem maior participação no composto, seguido pela proporção do grupo B que sempre é superior a do grupo C, porém, a partir das proporções 0,9480, 0,2710 e 0,5110 do grupo A, a participação do grupo N é superada, respectivamente pela dos grupos B, A e C, até não pertencer mais ao composto a partir da proporção 0,6574 do grupo A.

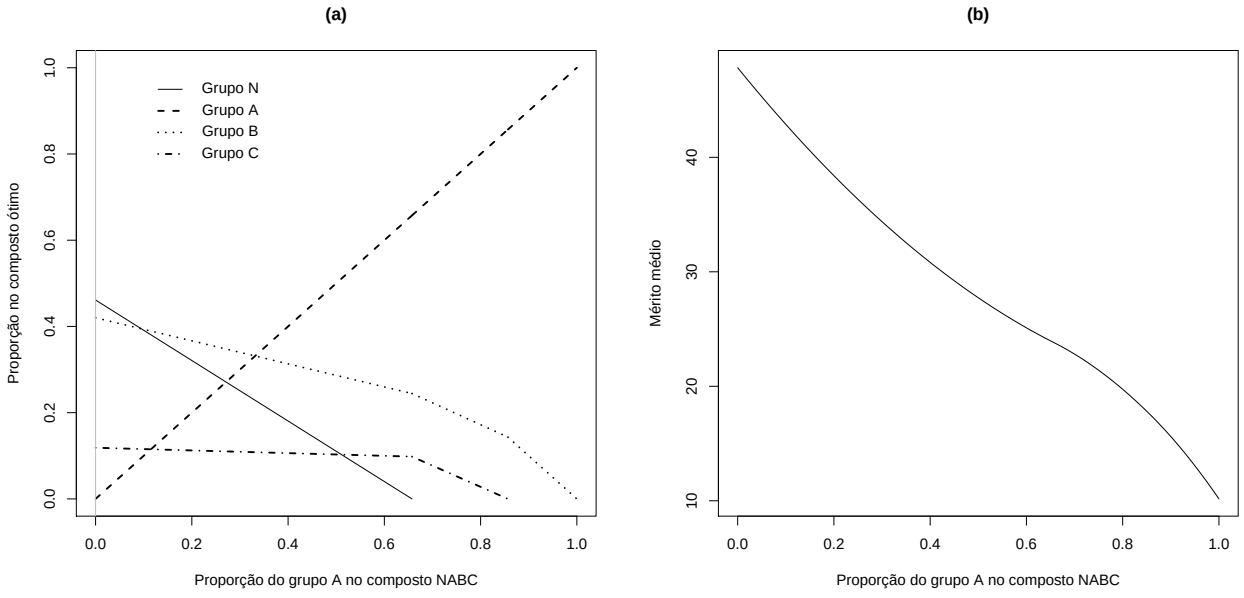

Figura 21 - Influência do grupo A no composto NABC

A proporção do grupo B sempre é superior a do grupo C na restrição do composto NABC, que supera a proporção do grupo A até que A tenha contribuição 0,3315. A proporção do grupo C se mantém estável, sendo superior à proporção do grupo A até que este participe com 0,1150. A participação do grupo C perde a estabilidade e decai com a saída do grupo N, assim, também não faz parte do composto a partir da proporção 0,8567 do grupo A.

Na restrição do grupo B no composto NABC, há inadequabilidade das proporções para as restrições atribuídas à proporção do grupo B, assim, após comparar os gráficos de mérito médio ótimo formados por três grupos, com restrição na proporção de B, aquele com curva de méritos médios ótimos superiores foi o NBC, obrigando a exclusão do grupo A do composto NABC na restrição da proporção do grupo B, conforme a Figura 22.

O aumento da proporção do grupo B no composto NABC causa diminuição da proporção do grupo C, que supera a proporção do grupo B até que este apresente proporção 0,2567, além disso, é excluído do composto para proporção de B superior a 0,5606. A utilização do grupo N é mais intensa que a do grupo C para todos os casos, porém, em relação ao grupo B, só é mais intensa até a proporção 0,4557 do grupo N. A proporção ótima e o mérito médio ótimo correspondentes são equivalentes àqueles do composto NBC. Para proporção 0 do grupo B, obtém-se o mérito médio ótimo do composto NC.

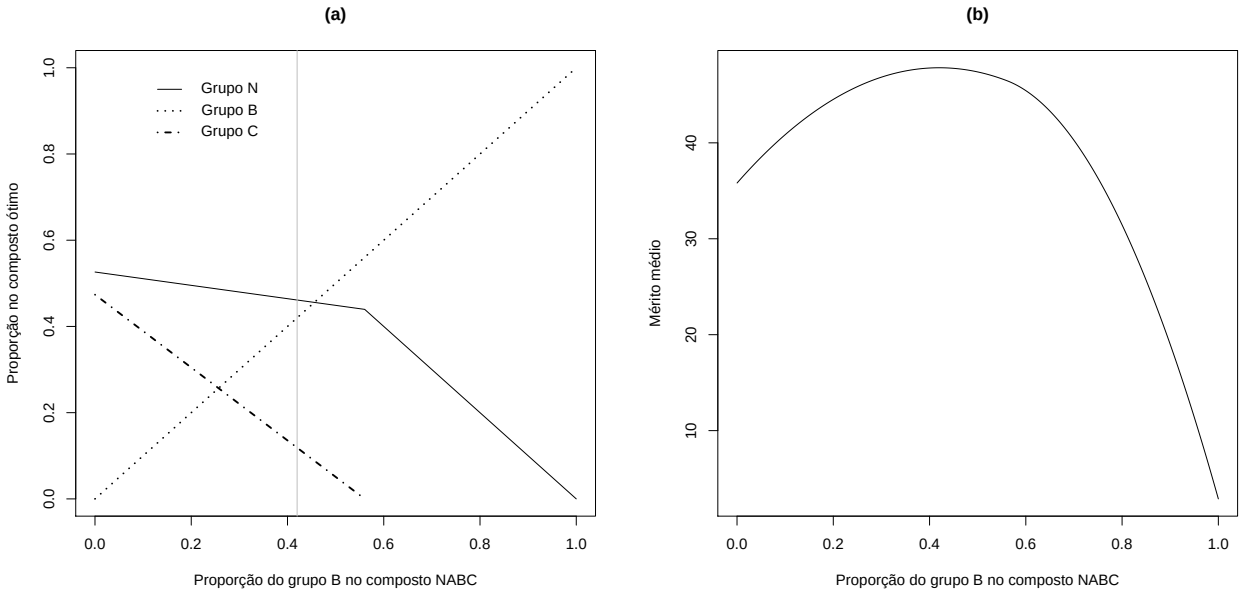

Figura 22 - Influência do grupo B no composto NABC

O composto NABC, com proporção restrita para o grupo C, não apresenta proporção ótima viável na inclusão de todos os grupos raciais, assim, comparando a superioridade do mérito médio para composições formadas por três grupos raciais restringindo a proporção do grupo C, é selecionado o composto NBC. Conforme a Figura 23, para proporção nula de C, é possível visualizar a decisão ótima para o composto NA e, para suas proporções pequenas, o mérito médio ótimo é superior.

O aumento da proporção do grupo C, causa queda no mérito médio ótimo do composto NABC a partir de seu valor máximo 47,82810 nas proporções 0,4613, 0,0000, 0,4200 e 0,1187, respectivamente para os grupos N, A, B e C. Este aumento causa também, a redução da proporção do grupo B no composto ótimo, pois este grupo apresenta superioridade de proporção até 0,0328 de C, sendo superado neste ponto pela proporção do grupo N. Além disso, também é superado pelo grupo C, quando este participa com 0,2918 no composto. E é excluído do composto a partir da proporção 0,6860 do grupo C. A proporção do grupo C no composto só supera a do grupo racial N, quando sua proporção é maior que 0,3906.

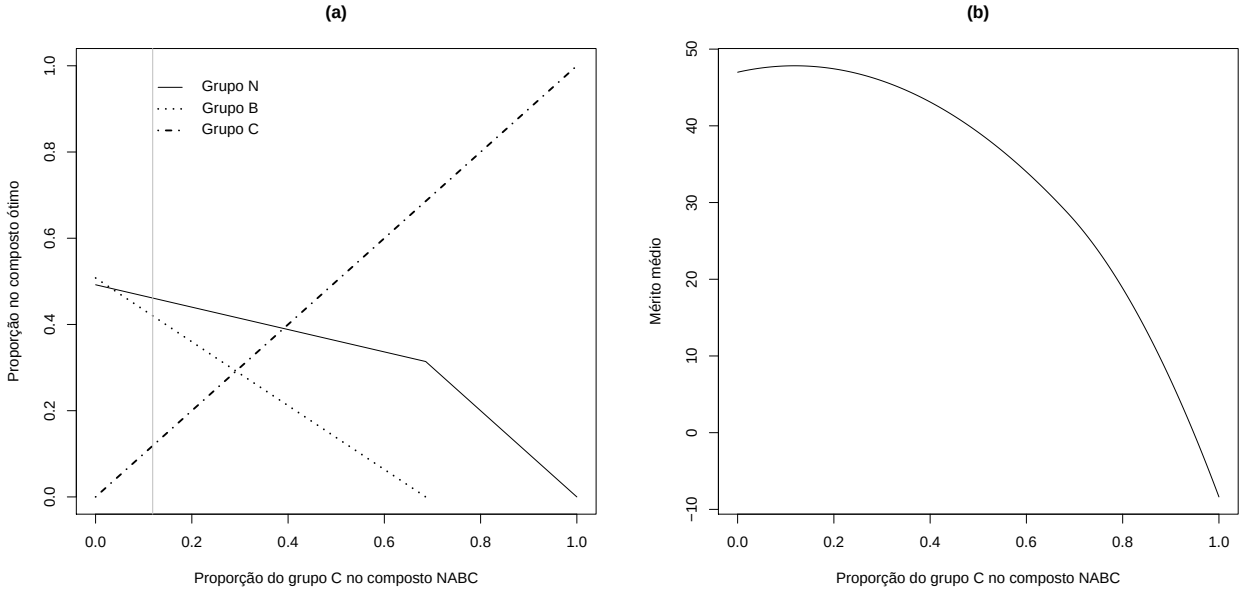

Figura 23 - Influência do grupo C no composto NABC

Conforme resultado ótimo comum obtido para a composição NABC nas varias restrições, o mérito médio ótimo é dado por 47,82810 para proporções 0,4613 do grupo N, 0,4200 do grupo B, 0,1187 do grupo C e sem a inclusão do grupo racial A. Comparando os

compostos NABC e NAB, é possível verificar pequena contribuição do grupo C no valor do mérito médio. Já ao comparar NABC com NAC, verifica-se grande contribuição do grupo B. A contribuição ainda é maior do grupo N no composto NABC ao comparar com a composição ABC.

Aplicando as restrições raciais apresentadas na Tabela 1 sobre a Figura 21, é possível obter a região que obedece ao padrão Montana, como apresentado na Figura 24, e calcular a proporção racial que otimiza o mérito médio. Assim, a proporção que maximiza o mérito médio de um composto Montana é dada por 0,3736 do grupo N, 0,1250 do grupo A, 0,3867 do grupo B e 0,1147 do grupo racial C, propiciando mérito médio ótimo 41,71546.

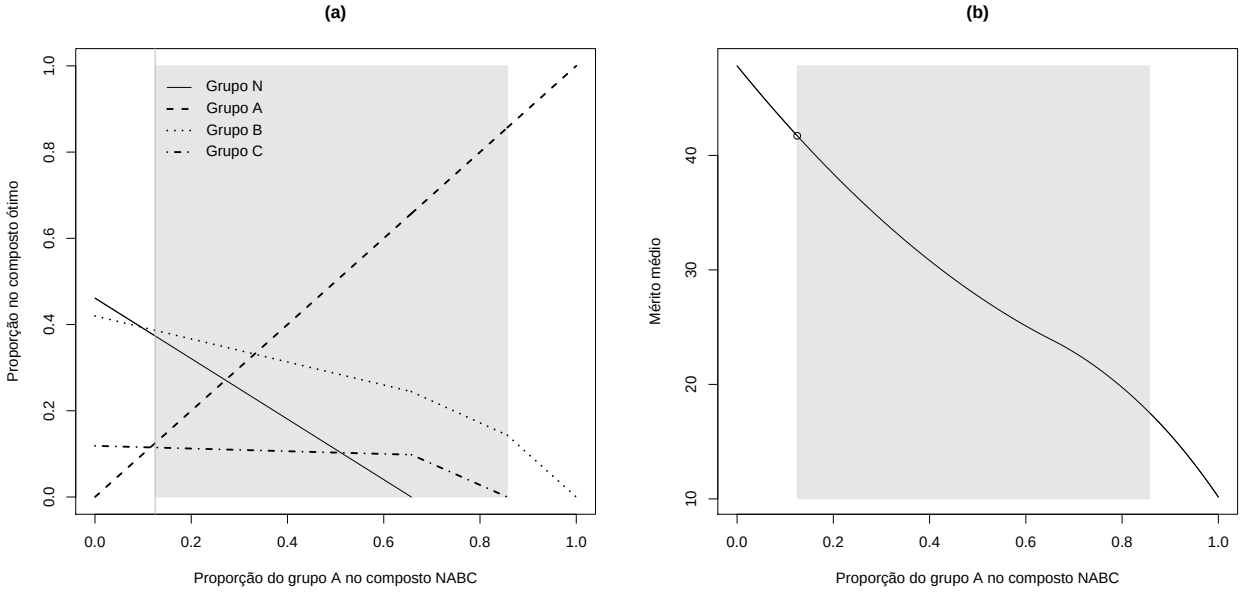

Figura 24 - Influência do grupo A no composto NABC com restrição para padrão Montana

É importante salientar que as considerações sobre a significância da utilização de cada grupo racial nos compostos, leva em consideração apenas a avaliação quantitativa, mensurada apenas pelos méritos médios, que são calculados baseados nos valores das estimativas de heterose direta, efeitos genéticos aditivos e efeitos maternos, os dois últimos com medidas baseadas no desvio em relação ao grupo N. Assim, os valores dos méritos médios são dependentes deste desvio e são de importância e interpretação comparativa. Além disso, os resultados obtidos devem ser associados aos fatores colaborativos de cada grupo racial em particular, fator já considerado no padrão Montana.

Os valores ótimos para os compostos são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 - Proporção ótima e respectivo mérito médio para cada composição racial sem padronização das características

Composição	Proporção ótima				Mérito médio ótimo
	Grupo N	Grupo A	Grupo B	Grupo C	
NA	0,0000	1,0000	-	-	10,16126
NB	0,4921	-	0,5079	-	46,98782
NC	0,5262	-	-	0,4738	35,80666
AB	-	0,5530	0,4470	-	23,86363
AC	-	0,6330	-	0,3670	19,55103
BC	-	-	0,5782	0,4218	15,68049
NAB	0,4921	0,0000	0,5079	-	46,98782
NAC	0,5262	0,0000	-	0,4738	35,80666
NBC	0,4613	-	0,4200	0,1187	47,82810
ABC	-	0,4496	0,3500	0,2004	26,01934
NABC	0,4613	0,0000	0,4200	0,1187	47,82810
Montana	0,3736	0,1250	0,3867	0,1147	41,71546

O composto que apresenta menor mérito médio ótimo é o NA. Pode ser observado que o aumento da proporção do grupo A causa, na presença somente do grupo racial N, aumento no mérito médio. Porém, na presença de mais grupos raciais além do N, o aumento da proporção do grupo A causa diminuição no mérito médio ótimo do composto.

6.1.4 Compostos de dois grupos raciais com características padronizadas

Efetuando a padronização do índice Montana apresentado em (2), ou seja, a divisão dos valores obtidos para cada característica pelos desvios padrão genéticos das respectivas característica, é possível operar com valores com mesmas unidades de medida e magnitudes. Os valores dos desvios padrão são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4 - Desvios padrão genéticos para as características do índice Montana

Características[1]	PN	PD	GP	MUSC	PE
Desvios padrão genéticos	$0,8544$	$4,4618$	$2,5044$	$0,3624$	$0,1264$

[1]PN é peso ao nascer dado em kg; PD é peso ao desmame dado em kg; GP é ganho de peso de desmame aos 14 meses de idade dado em kg; MUSC é escore visual de musculosidade aos 14 meses; PE é perímetro escrotal medido aos 14 meses dado em cm.

Para o composto NA sob restrição do grupo genético N, conforme apresentado na Figura 25, o aumento da proporção do grupo N causa diminuição do mérito médio, que varia de seu máximo 33,11771 para proporções dos grupos N e A dadas respectivamente por 0 e 1, até seu mínimo 0 obtido para o uso completo do grupo N. A curva de mérito médio apresenta leve concavidade para baixo.

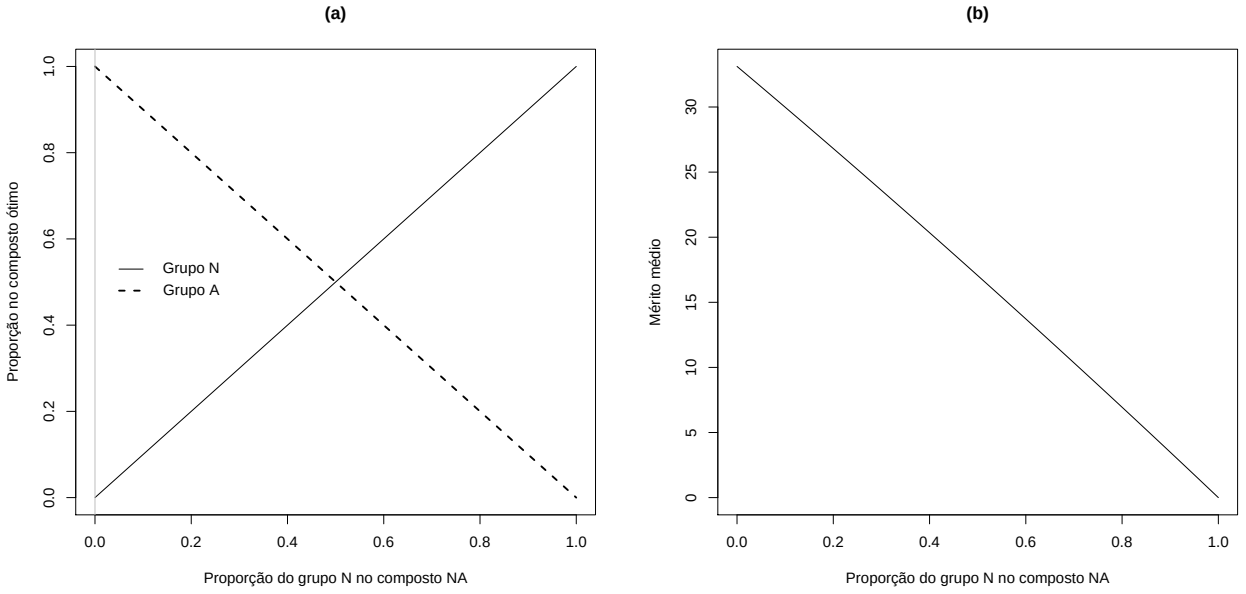

Figura 25 - Influência do grupo N no composto NA

Para valores restritos para a proporção do grupo N no composto NB, é obtida uma curva de méritos médios com concavidade para baixo e crescimento até que a proporção de N seja 0,2283 e de B o restante. Sendo neste ponto o mérito médio máximo 37,4735 conforme a Figura 26 apresenta. Para proporção de N igual a 0, observa-se o mérito médio do grupo racial B dado por 34,19252.

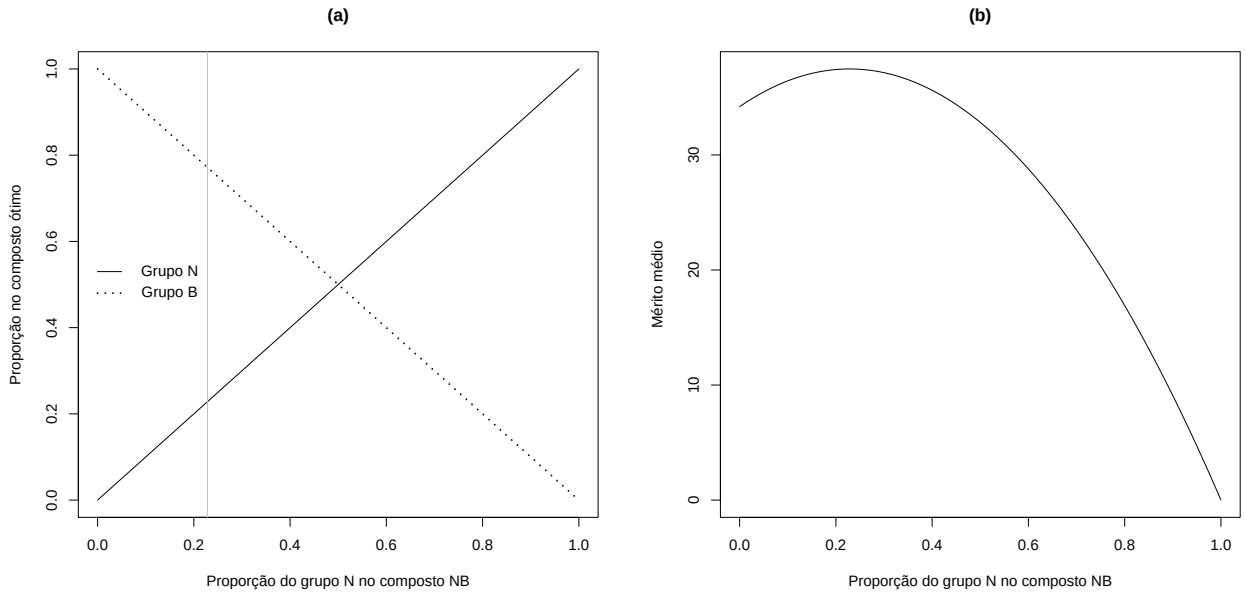

Figura 26 - Influência do grupo N no composto NB

Restringindo a proporção do grupo N para o composto NC, observa-se, na Figura 27, que o valor máximo para mérito médio é 27,7197, para proporção do grupo N 0,3247 e proporção do grupo C 0,6753. Restringindo a proporção do grupo racial N em 0 verifica-se que o mérito do grupo C é 21,31349.

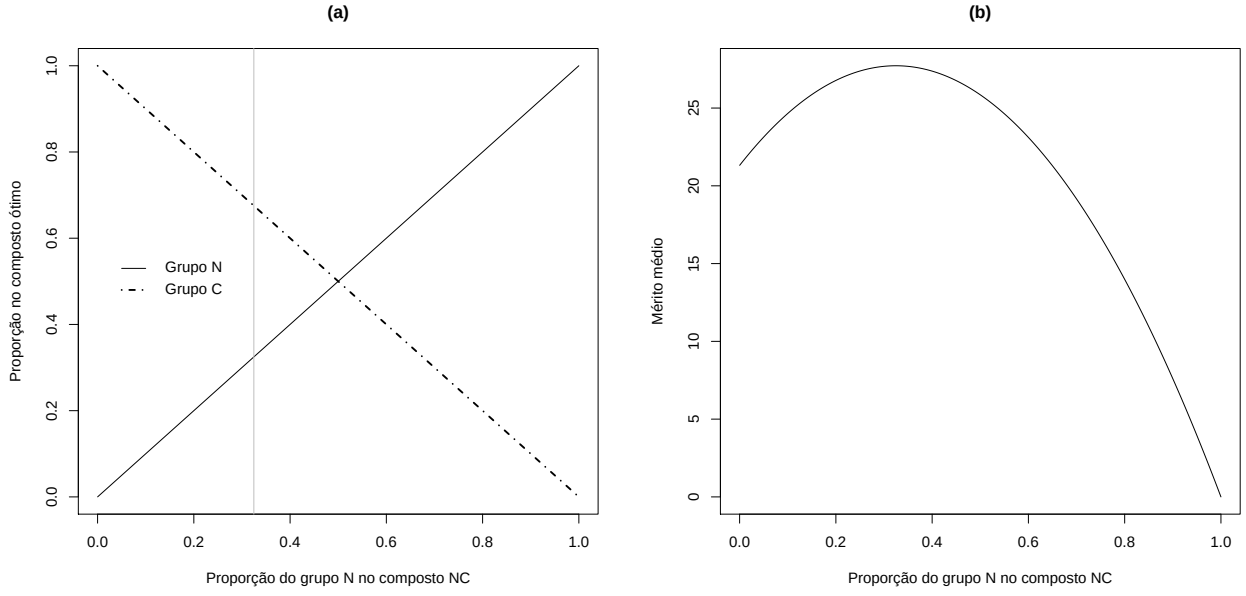

Figura 27 - Influência do grupo N no composto NC

O composto AB apresenta mérito médio crescente conforme há aumento do grupo A até que este tenha valor 0,4786 e, consequentemente, o grupo B se apresenta com a proporção restante. Neste ponto, o mérito médio é máximo com valor 39,93366. Sempre a concavidade da curva de mérito médio é para baixo. Isto pode ser verificado na Figura 28.

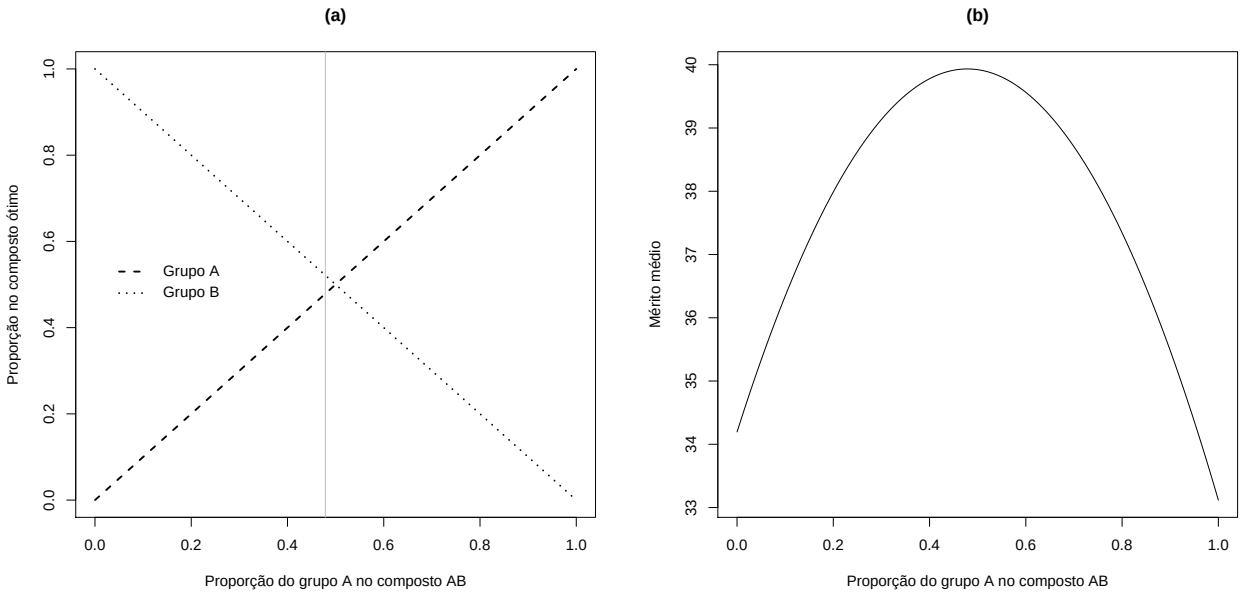

Figura 28 - Influência do grupo A no composto AB

A Figura 29(a) apresenta a variação das proporções do grupo racial A no composto AC. Os valores dos méritos médios em função da proporção do grupo A é apresentado na Figura 29(b). Assim, é possível concluir que o valor ótimo de mérito médio para o composto AC é dado por 35,26287 quando as proporções dos grupos raciais A e C são dadas, respectivamente por 0,7183 e 0,2817.

O composto BC, na restrição do grupo B apresenta, conforme a Figura 30, mérito médio máximo 39,34189 para proporções 0,6517 de B e 0,3483 de C. Além disso a curva de mério médio sempre é côncava para baixo.

Novamente foi identificado inviabilidade no cruzamento entre os grupos raciais N e A, pois a inclusão do grupo N no composto NA só causa diminuição do mérito médio. Assim, é recomendado que o indivíduo seja, integralmente do grupo A. Este fato já ocorrente, pode ser justificado pelo valor muito baixo da estimativa do efeito não-aditivo da heterozigose N×A para ganho de peso ao desmame aos 14 meses, além de que, esta característica apresenta

maior ponderação no índice, prejudicando ainda mais o cruzamento entre N e A.

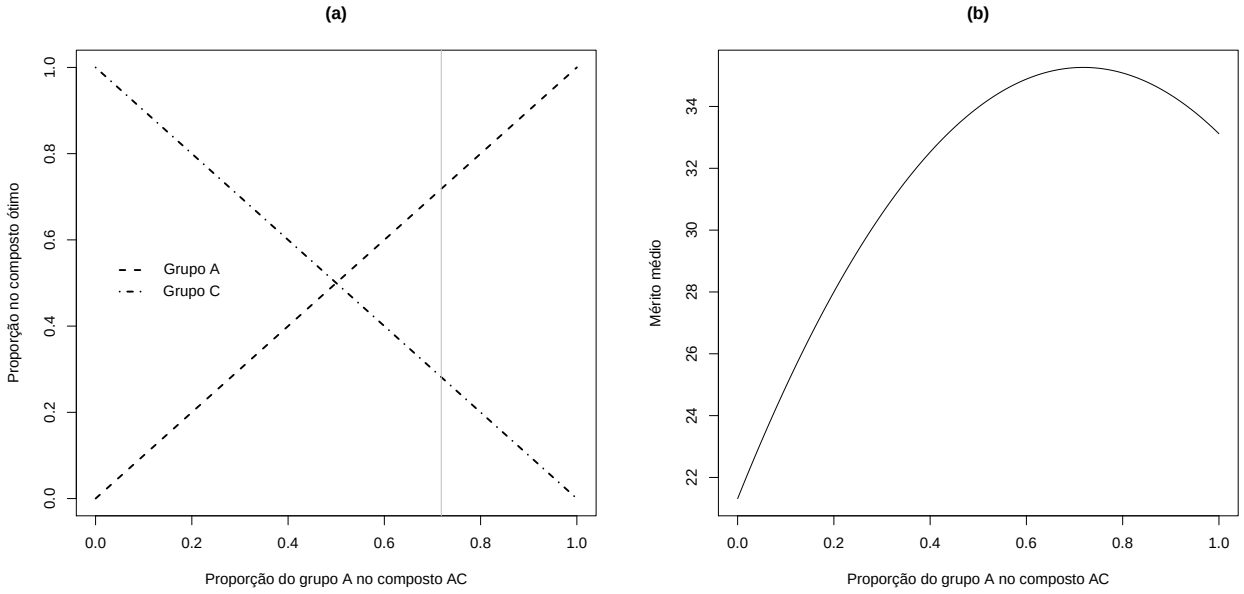

Figura 29 - Influência do grupo A no composto AC

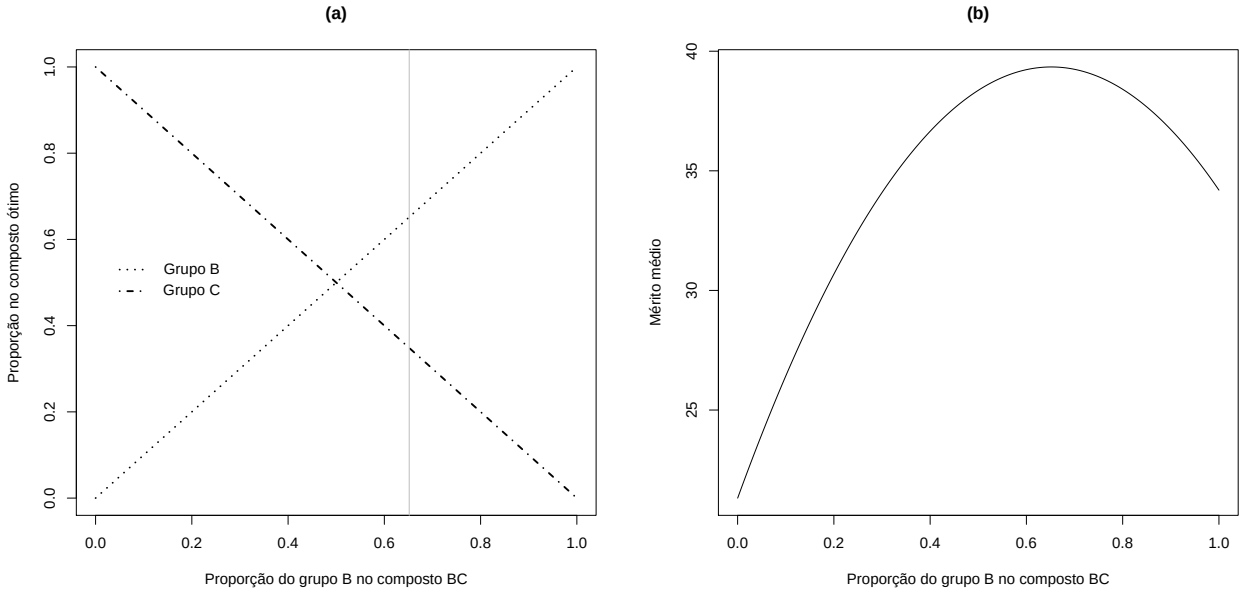

Figura 30 - Influência do grupo B no composto BC

O cruzamento AB apresenta mérito médio ótimo para aproximadamente metade da contribuição de cada grupo. Porém, os compostos AC e BC exigem uma parcela menor do grupo C. Assim como, os compostos NB e NC exigem menor proporção do grupo racial N,

para mérito médio ótimo. Entre os cruzamentos produzidos por dois compostos, aqueles que contêm o grupo B apresentam méritos médios superiores e a combinação de N com C apresenta resultado menor em relação aos outros cruzamentos.

6.1.5 Compostos de três grupos raciais com características padronizadas

A obtenção dos méritos médios ótimos para compostos formados por três grupos raciais, é baseado no cálculo conjunto dos três grupos apenas quando há solução para proporções consistente. Em casos de proporções negativas ou maiores que um, é utilizado o resultado obtido para composto dos dois grupos que apresentem resultados superiores entre os três grupos considerados. Além disso, a padronização para os valores de cada características é realizada. Para cada composto racial de três grupos, serão realizadas três análise, uma para cada grupo com proporção restrita.

Para o composto NAB, inicialmente será restrita a proporção do grupo racial N e, por meio da variação de sua proporção é possível obter as proporções ótimas dos outro grupos apresentadas na Figura 31(a), além dos méritos médios ótimos apresentados na Figura 31(b). O aumento da proporção do grupo N causa queda na proporção do grupo A, que é excluído do composto a partir da proporção 0,2790 para N, ponto de inflexão da curva de mérito médio ótimo. A partir daí, é considerada a análise para o composto NB. A curva de mérito médio é decrescente, assim, ela é maxima quando a proporção do grupo N é zero, ou seja, os resultados para otimalidade são equivalentes aos obtidos para o composto AB.

O aumento dos valores de restrição do grupo A no composto NAB causa, conforme a Figura 32, diminuição da participação do grupo N até que este saia do composto na proporção 0,3341 de N, ponto em que a concavidade da curva de mérito médio muda. A partir deste ponto, a análise segue conforme aquele realizada para o composto AB, além dos resultados ótimos serem os mesmos.

Conforme apresentado na Figura 33, a restrição da proporção do grupo B no composto NAB, causa similaridade nas análises realizadas ao composto AB até proporção 0,8677 de B, a partir daí, até proporção 0,8810 de B, a análise considera a participação dos três grupos, porém, com a diminuição, neste intervalo, da proporção do grupo A e o aumento da proporção do grupo N, a partir do fim deste intervalo são considerados apenas os grupos N

e C na análise. Os resultados otimos são pertencentes à parte que considera apenas os grupos A e B, assim, os resultados são idênticos àqueles do composto AB.

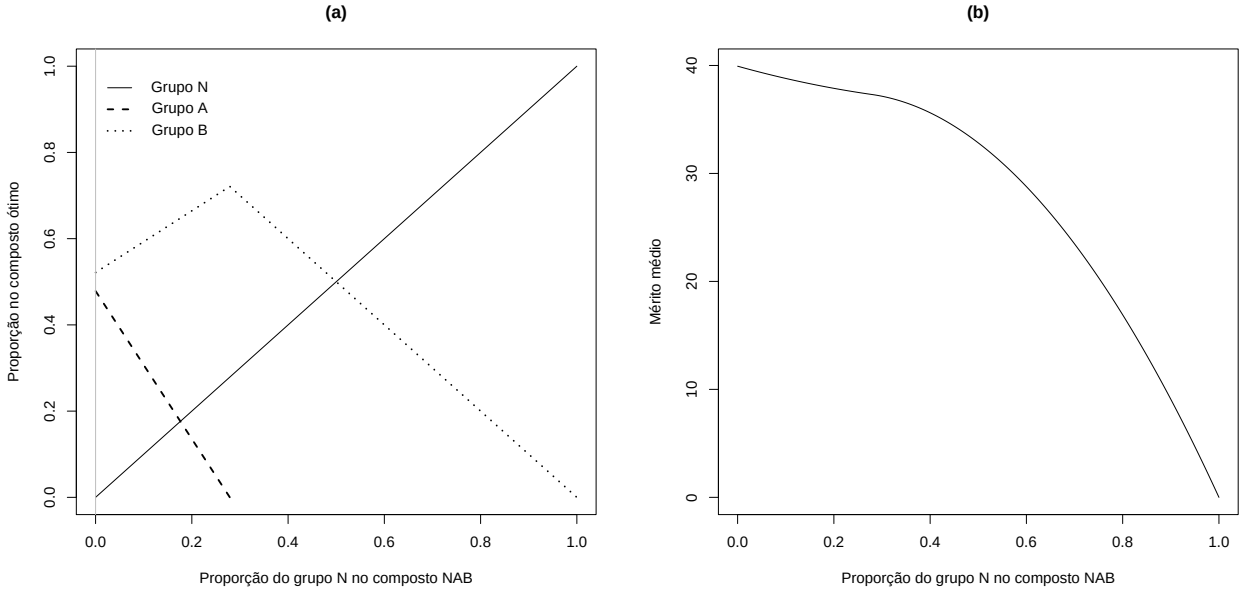

Figura 31 - Influência do grupo N no composto NAB

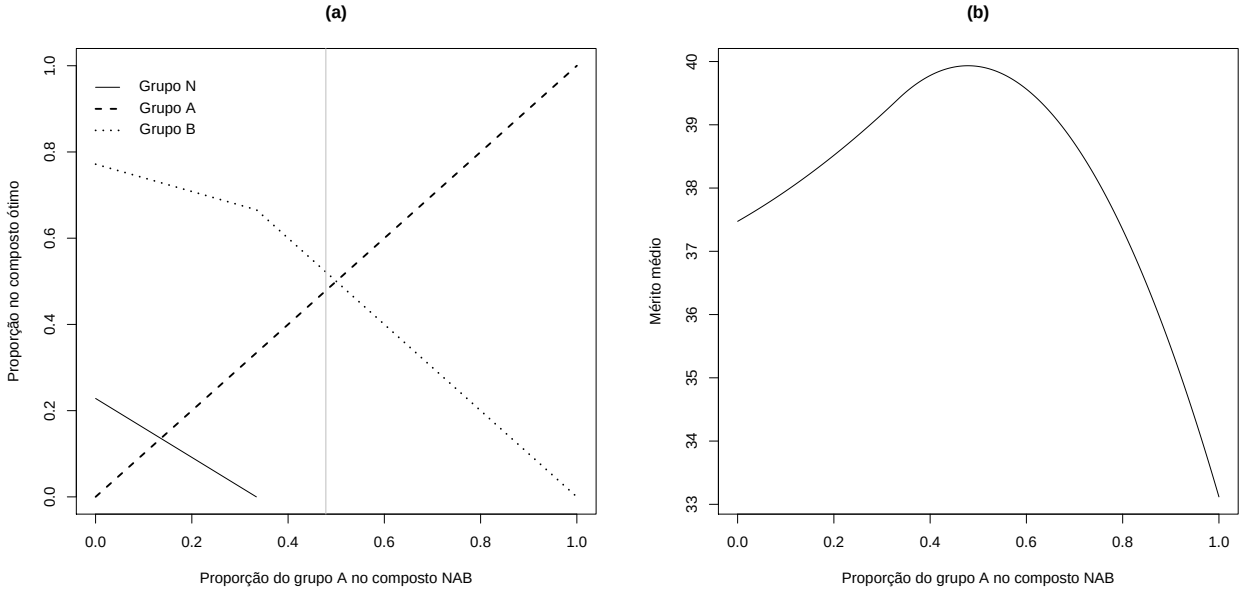

Figura 32 - Influência do grupo A no composto NAB

Portanto, o mérito médio ótimo obtido para o composto NAB é igual ao obtido no composto AB, pois a inserção do grupo N, neste composto, só o prejudica.

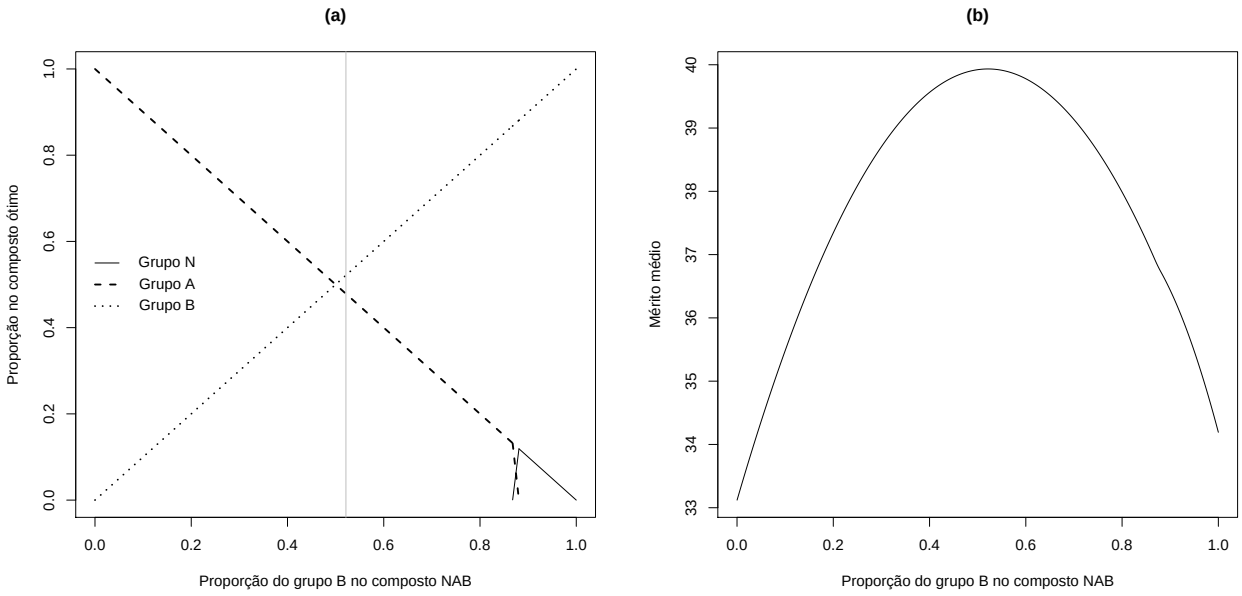

Figura 33 - Influência do grupo B no composto NAB

Para o composto NAC, na restrição da proporção do grupo racial N, é possível observar, conforme a Figura 34 expõe, que o aumento da proporção do grupo N só prejudica o mérito médio ótimo do composto. Assim, a curva de mérito médio ótimo é descrescente em função do aumento da participação do grupo N. Este aumento de proporção também causa diminuição da participação do grupo A, que não faz parte do composto a partir da proporção 0,4525 do grupo N. Neste ponto, também ocorre a mudança de concavidade da curva de mérito médio ótimo. Portanto, a proporção ótima ocorre para proporção 0 do grupo N, ou seja, o mesmo valor ótimo obtido na análise do composto AC.

O aumento da proporção do grupo A reduz a proporção do grupo N no composto NAC. Pela Figura 35, o grupo N não participa do composto a partir da proporção 0,4598 de A. Assim a partir daí, a análise segue conforme à realizada para o composto AC, além disso, as proporções e mérito médio ótimo também coincidem com as do composto AC.

A avaliação do aumento da proporção do grupo C no composto NAC, se dá em maioria, pela análise do composto AC. Somente no intervalo da proporção de C entre 0,9804 e 0,9825, que os três grupos participam e no intervalo entre 0,9826 que a análise é para o composto NC. Deste modo, a análise para valores ótimos é similar à realizada para o composto NC. A Figura 36 expõe esta análise.

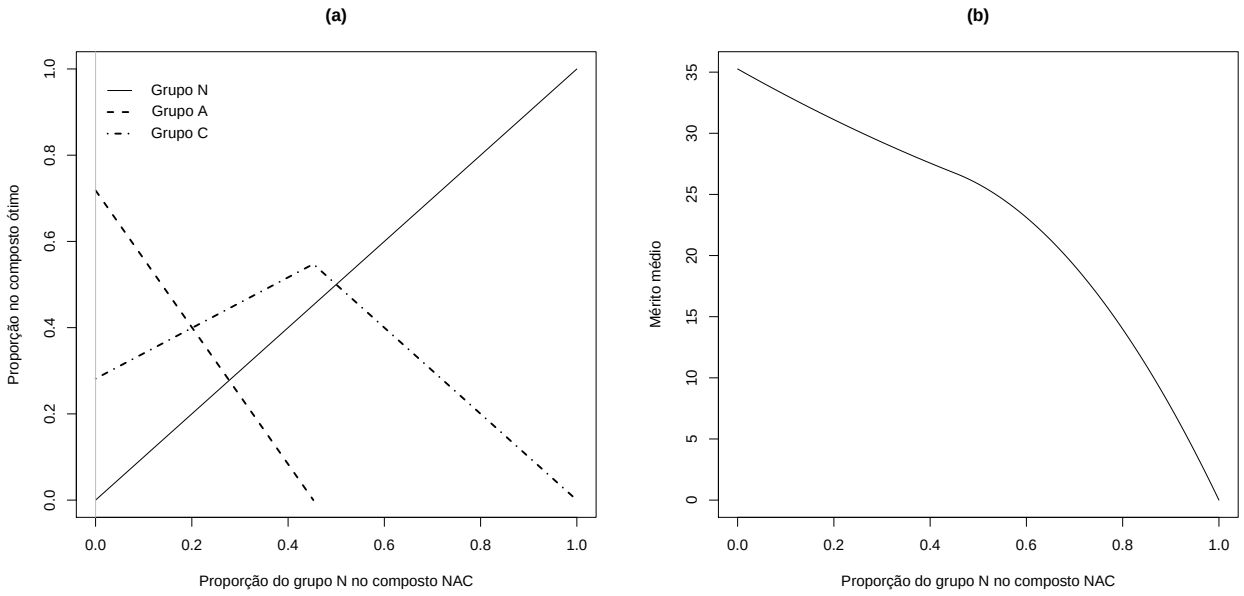

Figura 34 - Influência do grupo N no composto NAC

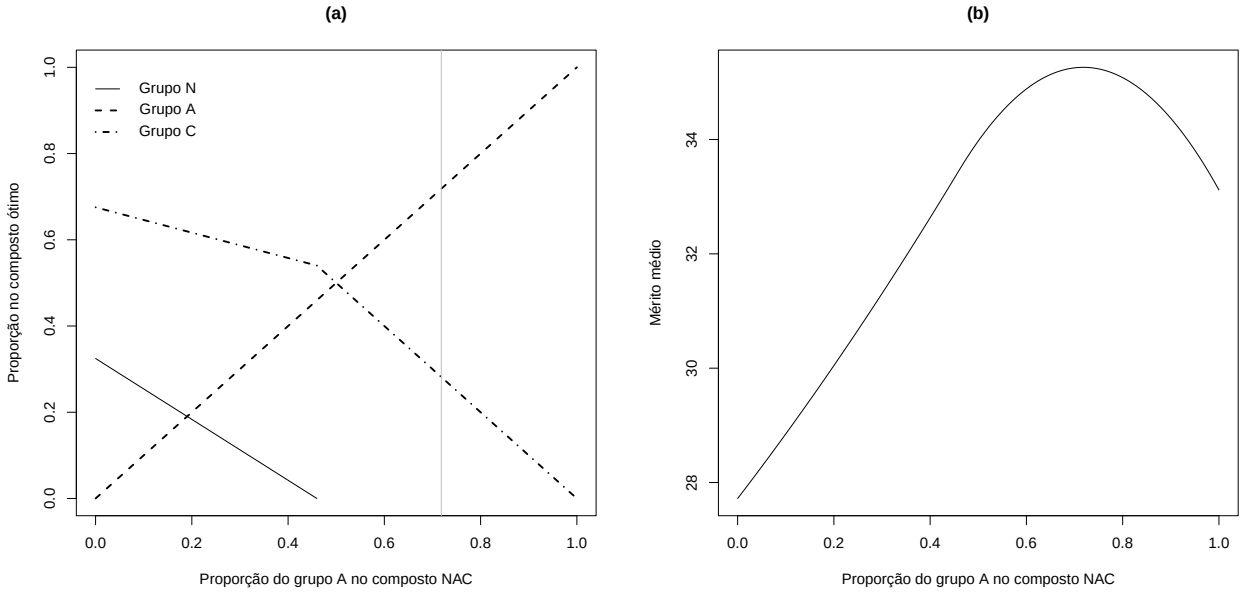

Figura 35 - Influência do grupo A no composto NAC

O aumento dos valores restritos da proporção do grupo N no composto NBC, reduz as proporções dos outros grupos. Isto é mais intenso no grupo C, até este grupo ser excluído do composto a partir da proporção 0,6630 para N. Observa-se na Figura 37, que a curva de mérito médio é crescente em pequena parte, até proporção do grupo N ser 0,1289, a

do grupo B ser 0,5905 e do grupo C ser 0,2806, com valor para mérito médio ótimo máximo 40,19294.

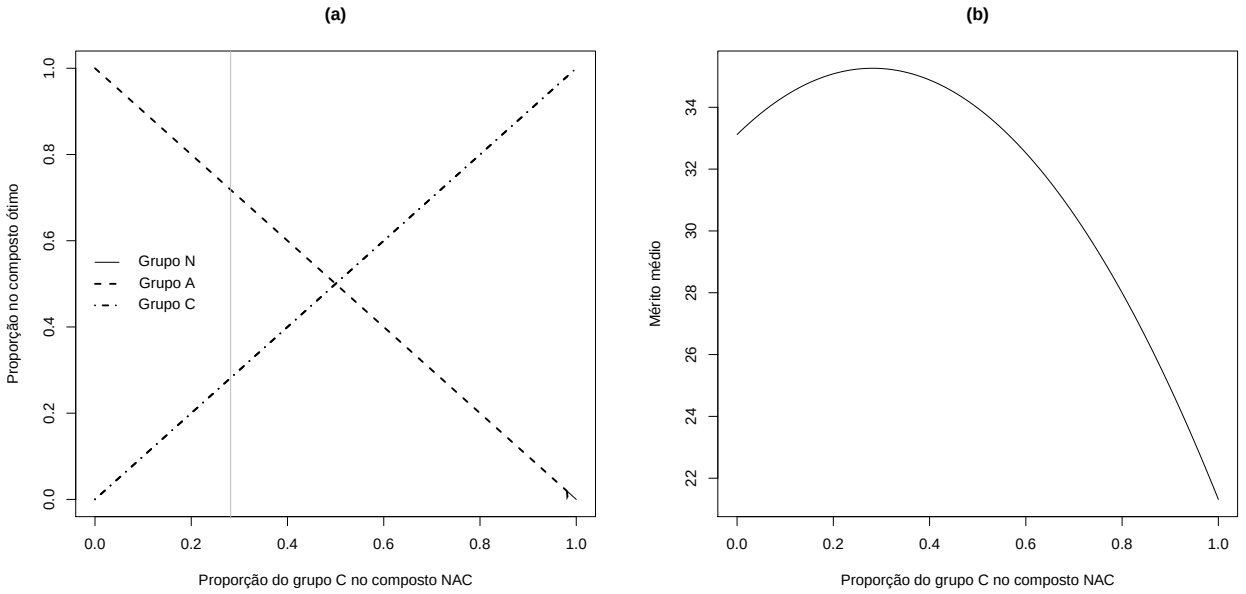

Figura 36 - Influência do grupo C no composto NAC

Ao restringir a proporção do grupo B, no composto NBC, observa-se, conforme a Figura 38, a inclusão dos três grupos na maior parte das proporções de B, exceto para proporções de B maiores que 0,9794, em que a análise é feita somente para os compostos B e C. O valor ótimo é igual ao obtido na avaliação do mesmo composto na restrição das proporções de N.

O composto NBC á avaliado sob restrição das proporções do grupo C conforme a Figura 39. A elevação da proporção do grupo C diminui as proporções dos demais grupos, causando exclusão do grupo N para proporções de C maiores que 0,6444. É na presença dos três grupos raciais que a combinação de proporções maximiza o mérito médio ótimo. Esses valores são idênticos aos obtidos na variação dos grupos N e B para o mesmo composto.

A avaliação da composição racial ABC sob restrição do grupo A sugere, pela Figura 40, a exclusão do grupo C para proporções de A superiores a 0,7304. Os três grupos compõem o composto com maior valor de mérito médio dado por 40,92927 nas proporções 0,3208 do grupo A, 0,4838 do grupo B e 0,1954 do grupo C.

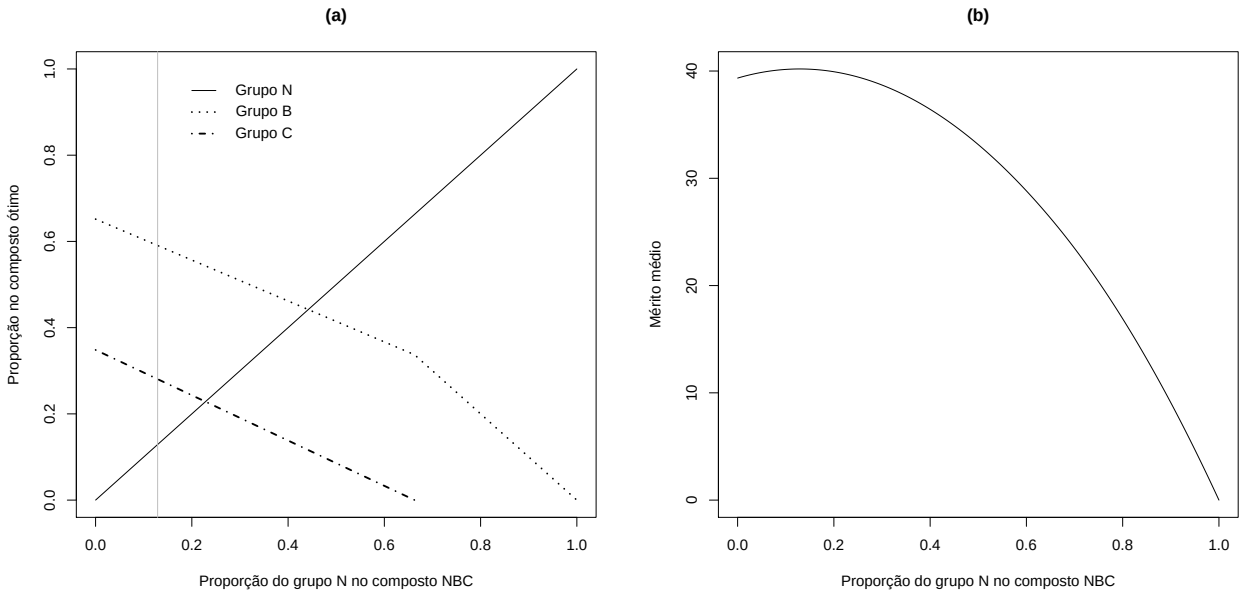

Figura 37 - Influência do grupo N no composto NBC

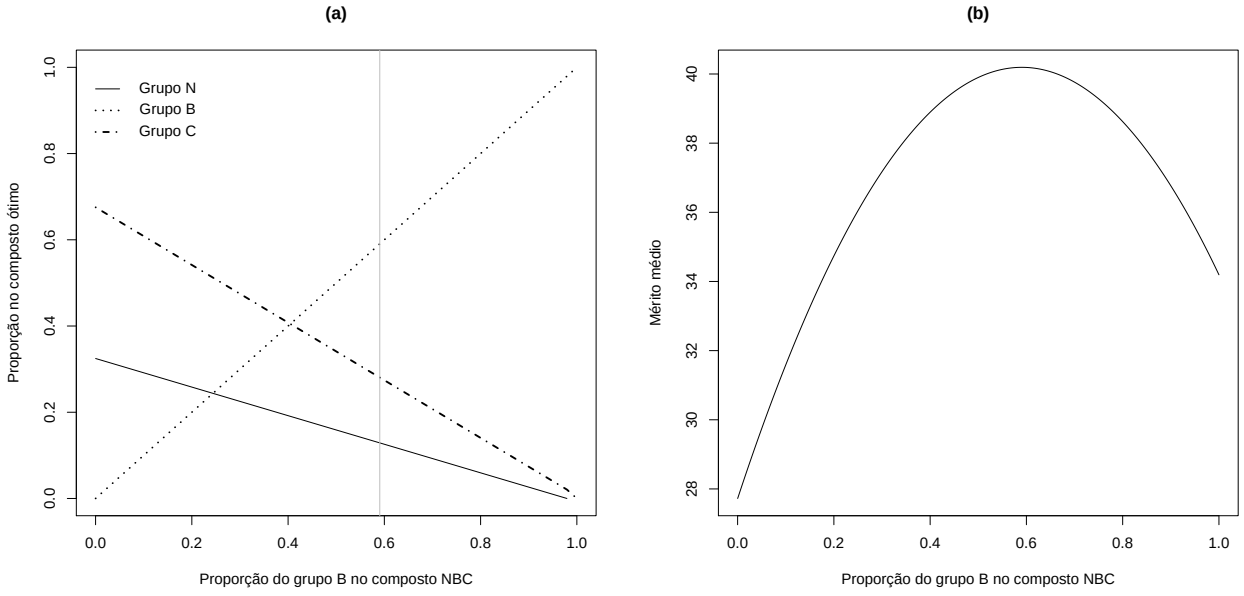

Figura 38 - Influência do grupo B no composto NBC

Restringindo a proporção do grupo B no composto ABC, conforme a Figura 41, observa-se que, na maioria dos casos, os três grupos raciais incorporam o composto. Somente para proporção de B maior que 0,8746 a avaliação exclui o grupo C. O mérito médio ótimo é dado conforme na restrição do grupo A no mesmo composto.

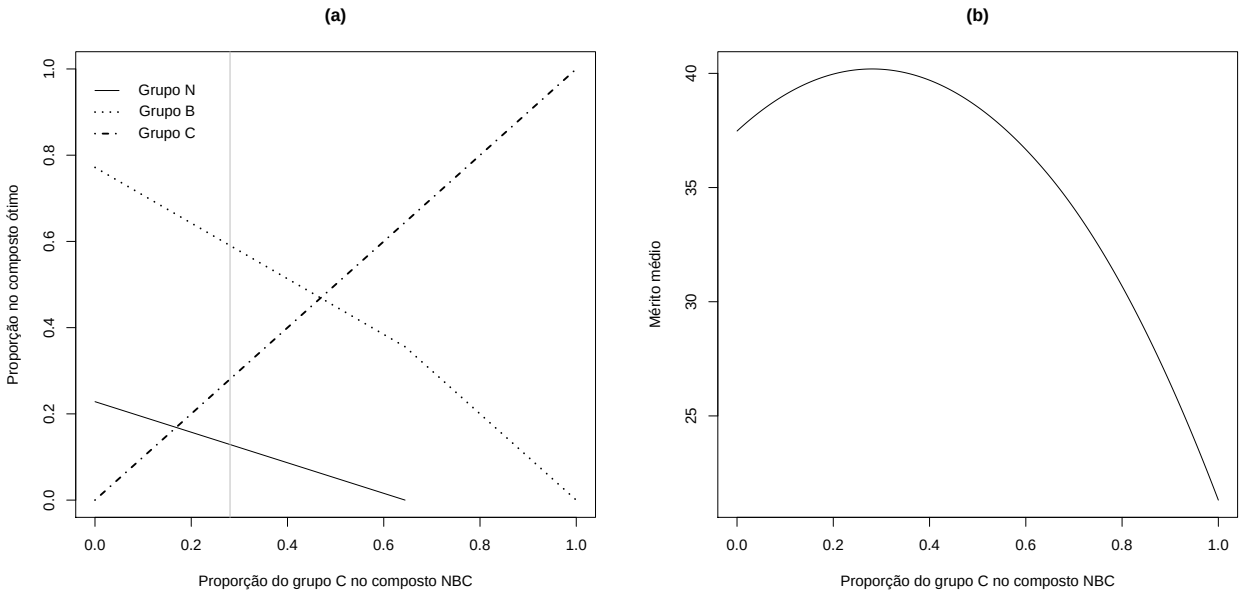

Figura 39 - Influência do grupo C no composto NBC

Restringindo a proporção do grupo C no composto ABC, observa-se, pela Figura 42, que elevar a proporção de C causa diminuição da proporção do grupo A até sua exclusão nas proporções maiores que 0,5927 de C. As proporções que admitem maior mérito médio são iguais àquelas calculadas sob restrição de outros grupos raciais para ABC.

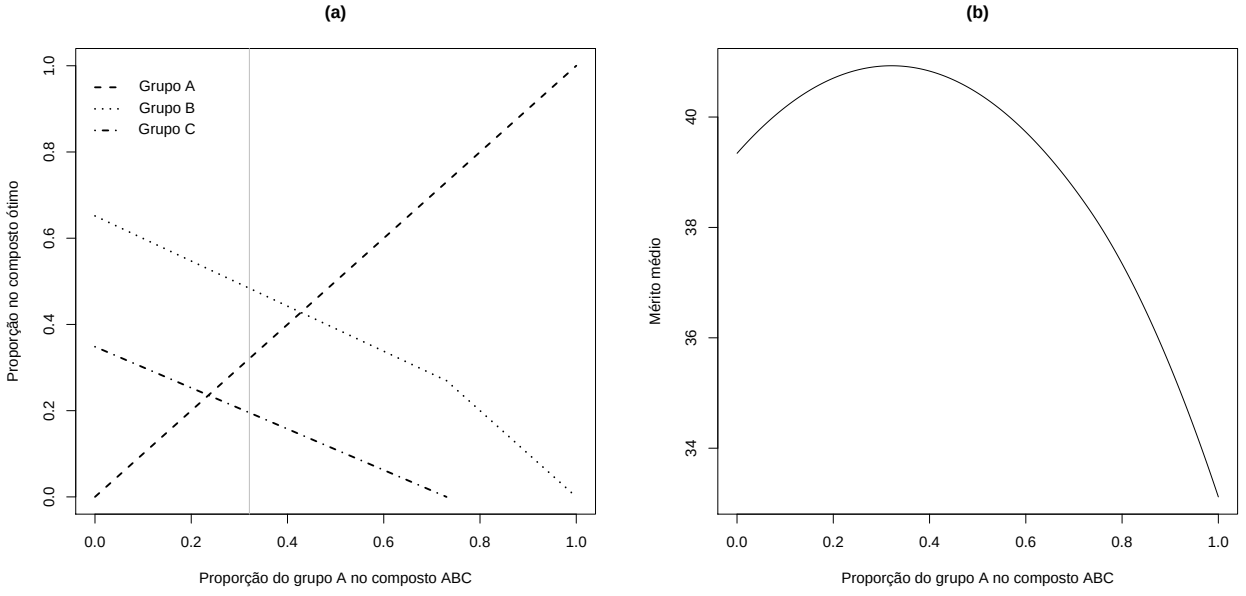

Figura 40 - Influência do grupo A no composto ABC

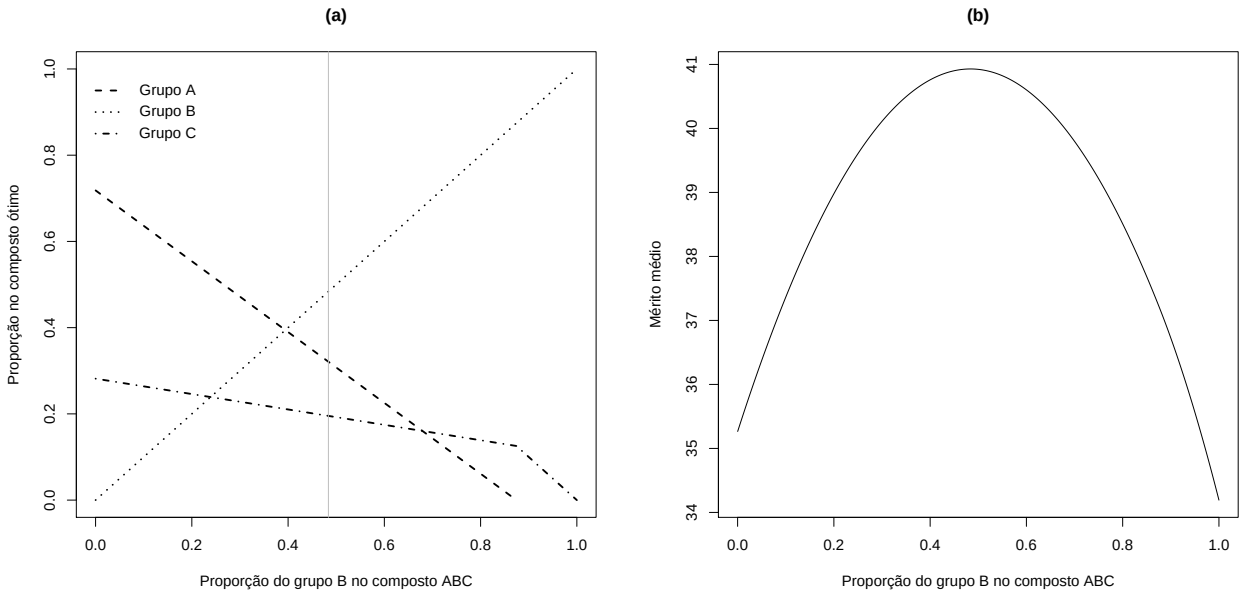

Figura 41 - Influência do grupo B no composto ABC

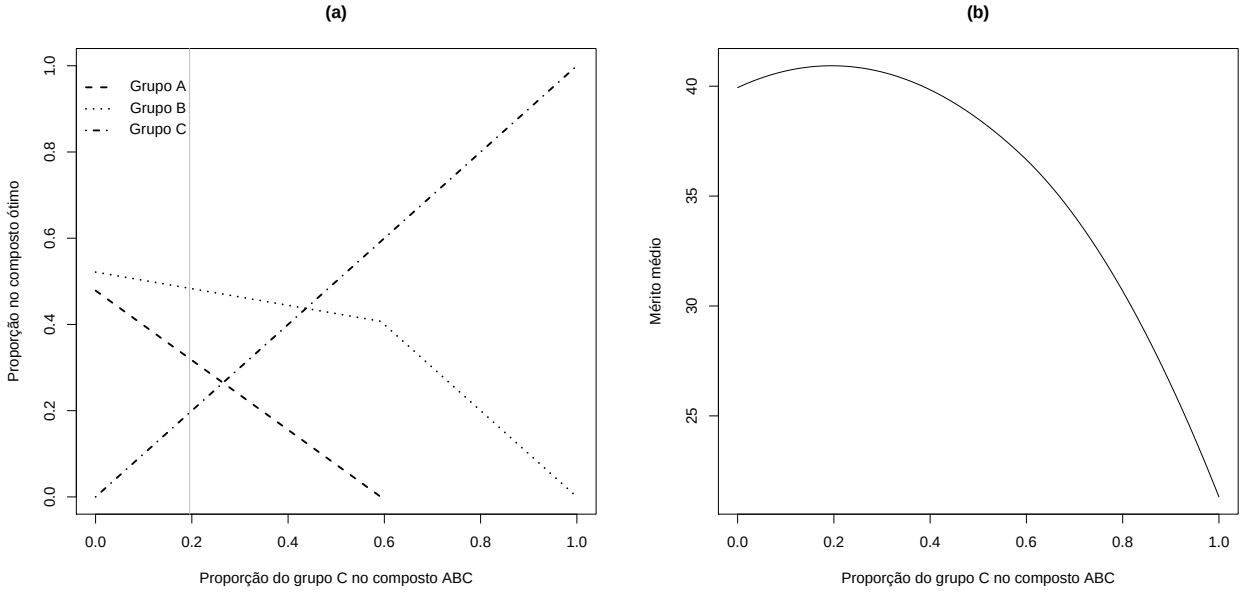

Figura 42 - Influência do grupo C no composto ABC

6.1.6 Compostos de quatro grupos raciais com características padronizadas

Ao aplicar o procedimento de Lin (1996) aos dados padronizados avaliando os quatro grupos raciais, é gerado o conjunto de proporções ótimas de N, A, B e C dado respecti-

vamente por 0,2258142, -0,1533056, 0,6247294 e 0,3027620, que é incabível. Assim, conforma já realizado para dois e três grupos raciais, o procedimento de Hayes et al. (2000) é utilizado buscando restringir valores de proporção para cada grupo e observar o comportamento das proporções restantes diante do mérito médio ótimo.

Em casos de impossíbilidade do cálculo com os quatro grupos, por motivos de incoerências, serão utilizados os resultados obtidos para três raças, que se apresentem superiores.

Restringindo a proporção do grupo N no composto NABC, conforme apresentado na Figura 43, é possível verificar que o aumento da proporção de N causa queda no mérito médio, além disso, causa queda na proporção do grupo A até que este participe com proporção inferior à do grupo C a partir da proporção 0,0487 de N e, participe com proporção inferior à do grupo N a partir da proporção 0,1035 deste e, não faça parte do composto para proporções de N superiores a 0,1528.

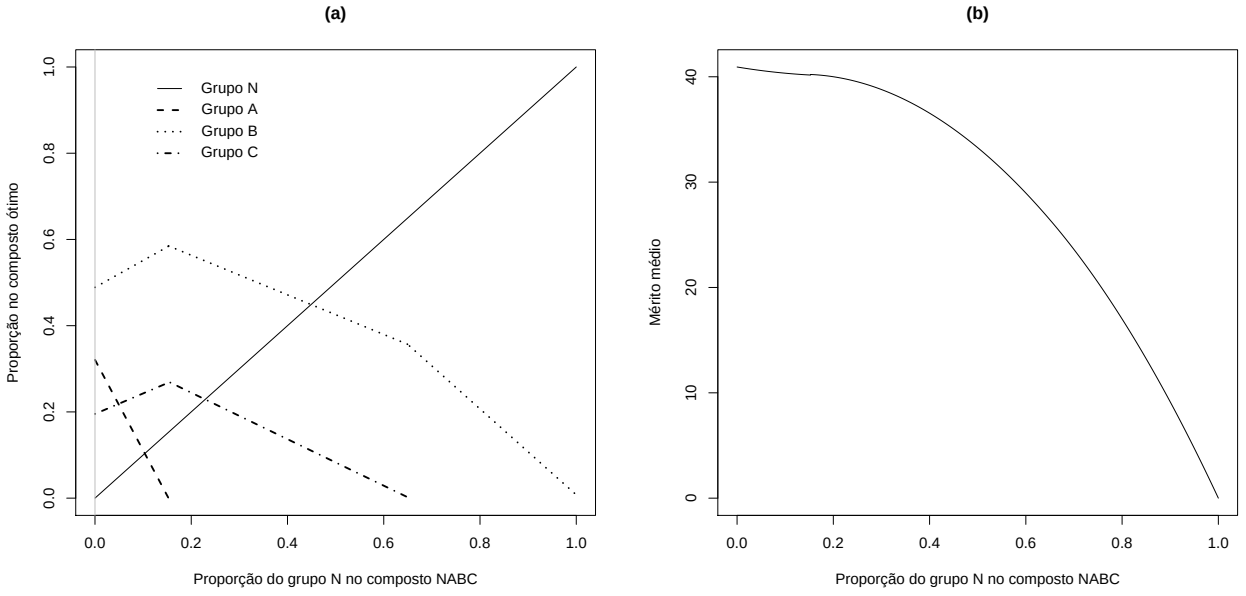

Figura 43 - Influência do grupo N no composto NABC

A proporção do grupo B sempre supera à do grupo C neste composto. A proporção do grupo B supera à do grupo N até este ter proporção 0,4490 e, a proporção do grupo C supera à do grupo N até que este tenha proporção 0,2290, além disso a participação de C se dá até que N tenha proporção 0,6530. Como a curva de valores de mérito médio ótimo

decresce conforme aumento da proporção do grupo N, a proporção ótima é dada quando N não se apresenta no composto, assim, é igual a otimalidade obtida para a composição ABC.

Na restrição das proporções do grupo A no composto NABC, observa-se, conforme a Figura 44, que o aumento da proporção do grupo A causa redução nas demais proporções. Isto ocorre com mais intensidade na proporção do grupo N, que supera a proporção do grupo A até que este tenha valor 0,0790, além disso, para proporções de A superiores a 0,2039 o grupo N é excluído. O grupo C têm proporção superior à do grupo A até que esta tenha valor 0,2358, além disso, para proporções do grupo A superiores a 0,7304 o grupo C é excluído do composto. Sempre a proporção do grupo C é inferior à do grupo N e inferior à do grupo B. O mérito médio ótimo é dado para a análise realizada sob os grupos ABC, assim, o resultado de atimalidade é idêntico àquele obtido para o composto ABC.

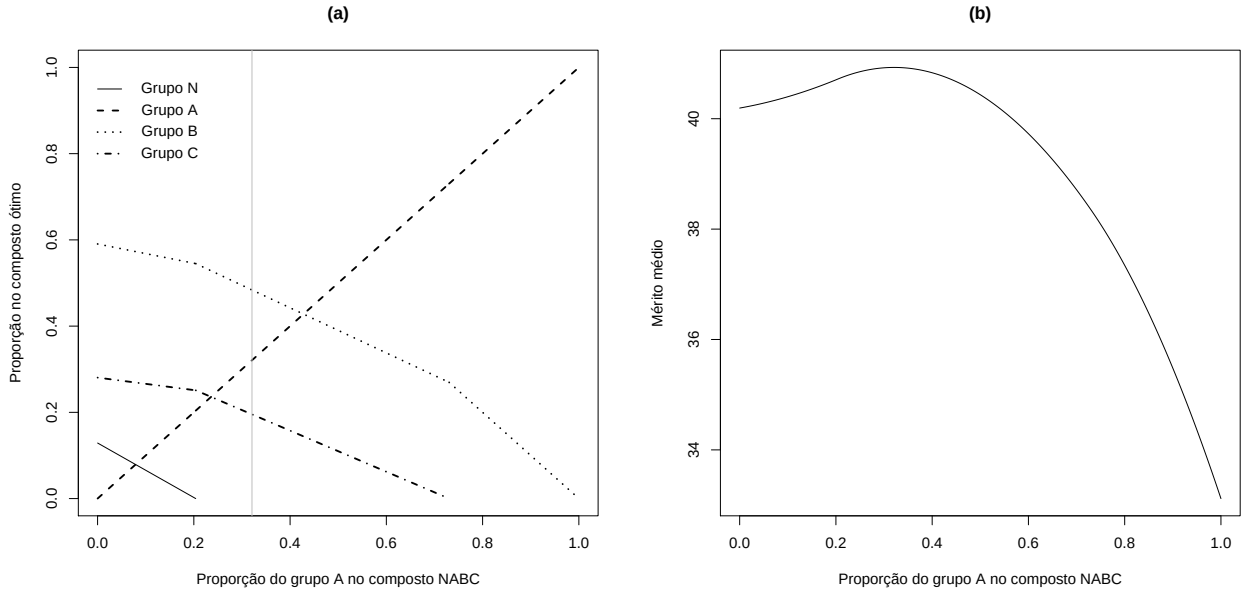

Figura 44 - Influência do grupo A no composto NABC

Como a restrição do grupo B no composto NABC não permite a análise considerando os quatro grupos raciais. Além disso, até a proporção 0,7137 do grupo N a análise considera o composto ABC e para proporções superiores, a análise é conforme àquela para o composto NBC, há uma união entre essas duas análises, considerando resultados parciais de cada uma, para os intervalos determinados. Mas, as proporções ótimas ocorrem no intervalo da análise do composto ABC e são idênticas às obtidas na análise deste composto. Estes

resultados podem ser vistos na Figura 45.

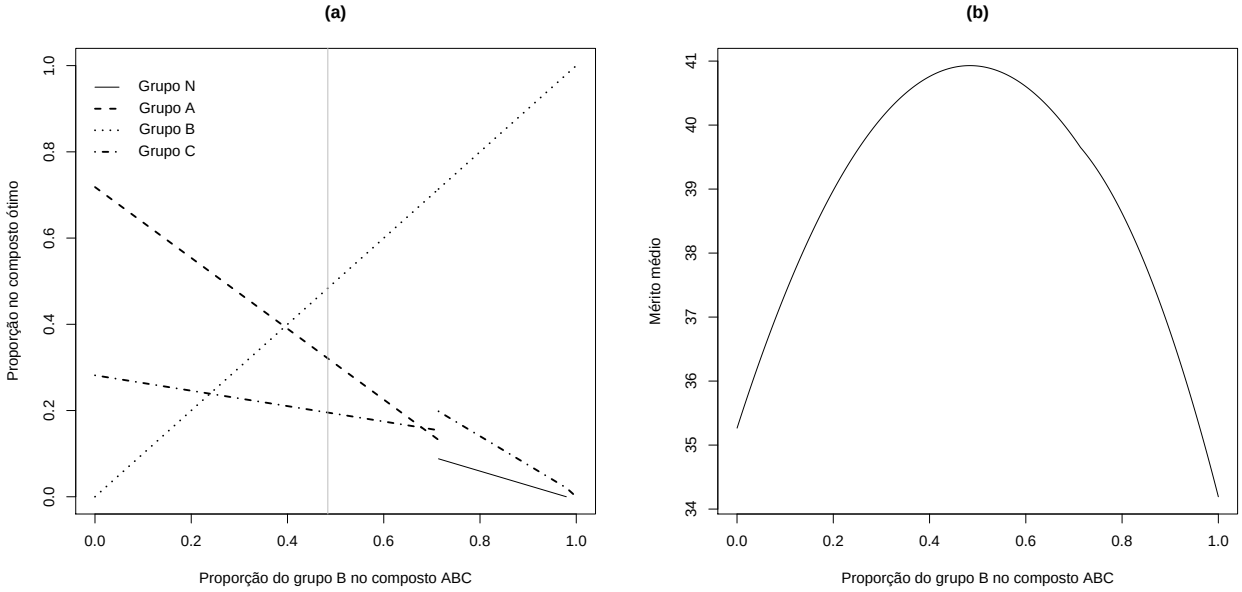

Figura 45 - Influência do grupo B no composto NABC

A Figura 46 explicita que, similarmente ao que ocorre na restrição das proporções do grupo B no composto NABC, também ocorre ao restringir as proporções do grupo C.

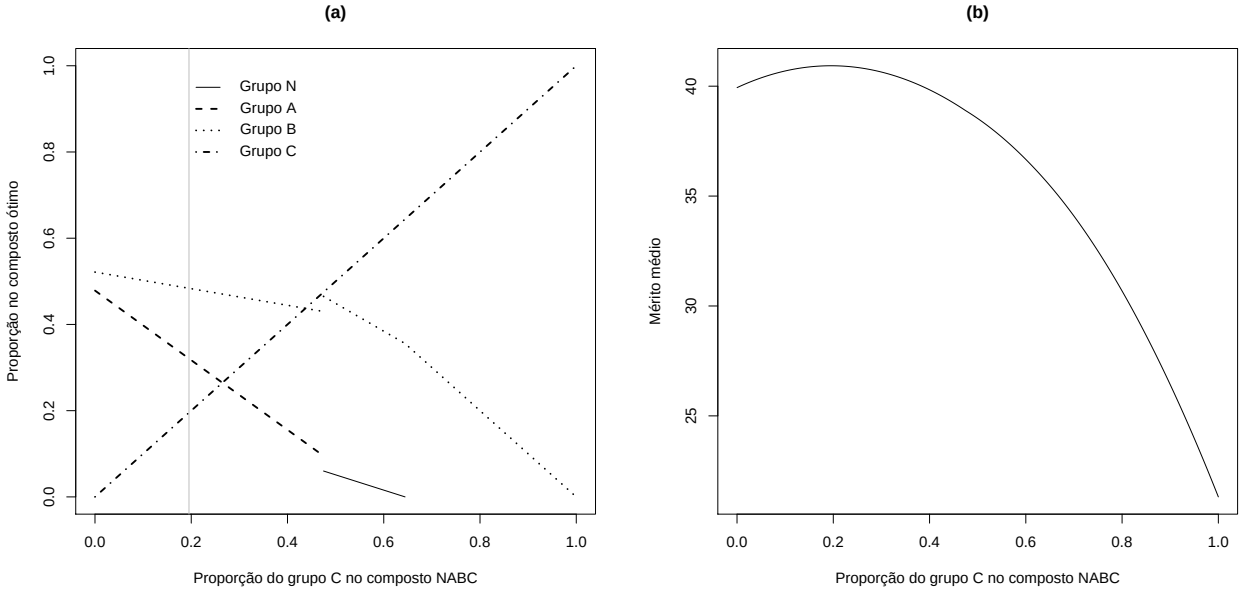

Figura 46 - Influência do grupo C no composto NABC

Neste caso, até a proporção 0,4748 do grupo C, a avaliação é conforme àquela realizada ao composto ABC, porém, para proporções superiores do grupo C, a avaliação é idêntica à realizada ao composto NBC. Assim, como a região ótima se dá na região dos grupos A, B e C, os resultados seguem conforme aqueles obtidos para o composto ABC. Portanto, o conjunto de proporções que otimizam o mérito médio do composto NABC é dado por 0,0000, 0,3208, 0,4838 e 0,1954 para, respectivamente os grupos raciais N, A, B e C, fornecendo mérito médio ótimo 40,92927.

Dadas as restrições da Tabela 1 sobre a Figura 44, obtém-se a região que obedece ao padrão Montana, como apresentado na Figura 47. Portanto, o conjunto de proporções que maximiza o mérito médio do composto Montana é idêntico ao obtido para o composto NABC.

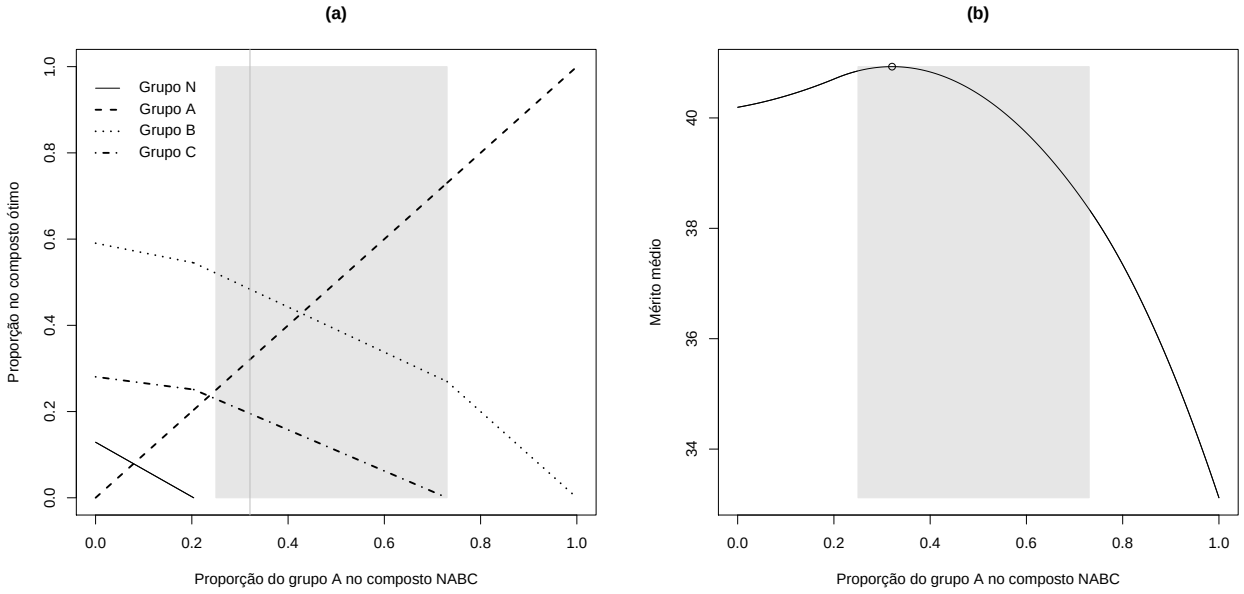

Figura 47 - Influência do grupo A no composto NABC com restrição para padrão Montana

O aumento da proporção do grupo N, na presença do grupo A, causa diminuição no mérito médio, assim, deve haver cuidado ao combinar esses grupos. O menor mérito médio ótimo é apresentado pelo composto NC. O maior mérito médio ótimo é apresentado pelos compostos ABC, NABC e Montana, que apresentam mesma configuração. Entre os compostos formados por três grupos raciais todos, exceto o composto NAC, apresentam méritos médios ótimos similares. O grupo C, na ausência do grupo B, fornece compostos com méritos médios ótimos inferiores.

Tabela 5 - Proporção ótima e respectivo mérito médio para cada composição racial com características padronizadas

Composição	Proporção ótima				Mérito médio ótimo
	Grupo N	Grupo A	Grupo B	Grupo C	
NA	0,0000	1,0000	-	-	33,11771
NB	0,2283	-	0,7717	-	37,4735
NC	0,3247	-	-	0,6753	27,7197
AB	-	0,4786	0,5214	-	39,93366
AC	-	0,7183	-	0,2817	35,26287
BC	-	-	0,6517	0,3483	39,34189
NAB	0,0000	0,4786	0,5214	-	39,93366
NAC	0,0000	0,7183	-	0,2817	35,26287
NBC	0,1289	-	0,5905	0,2806	40,19294
ABC	-	0,3208	0,4838	0,1954	40,92927
NABC	0,0000	0,3208	0,4838	0,1954	40,92927
Montana	0,0000	0,3208	0,4838	0,1954	40,92927

6.2 Combinação ótima para acasalamento

Decidir a combinação entre indivíduos de uma população para acasalamento torna-se mais importante e complexo, ao se tratar de animais compostos. Independentemente da combinação sugerida, a população gerada terá no total, como apresentado em (48), mesmo património genético aditivo. Porém, a parte não-aditiva depende da combinação das raças combinadas.

O procedimento que otimiza o mérito médio da população resultante dos acasalamentos descrito, foi implementado computacionalmente. Como já existem vários softwares com alto nível de eficiência, desenvolvidos para resolução de problemas de programação linear inteira, apenas houve a necessidade de desenvolver um software que efetua a transcrição do problema biológico em linguagem matemática de otimização descrita em (6) e (7).

O procedimento implementado em linguagem Fortran 90 e denominado Combinação Ótima para Acasalamento (COA), efetua a leitura de cinco arquivos com informações

dos indivíduos e gera um arquivo "coa.lp" no padrão Cplex LP, que pode ser lido por vários pacotes de otimização. Dentre vários pacotes de resolução de problemas de programação linear inteira, o Gusek foi utilizado para esta avaliação. Ele é uma versão customizada do editor SciTE integrada a uma versão pré-compilada do solver GLPK (GNU Linear Programming Kit). Ele é um software livre para plataforma Win32 e identifica arquivos de entrada nos padrões GMPL, Free MPS e Cplex LP.

O COA também gera dois arquivos informando a identificação da composição racial precedida por uma identificação enumerada, e a quantidade de material genético disponível pelos touros da composição correspondente no arquivo "crat.dat" e a quantidade de vacas da composição correspondente no arquivo "crav.dat". Esses arquivos devem ser associados à saída "coa.out" gerada pelo software Gusek. Os cinco arquivos de entrada para o programa COA são:

1) Arquivo com informação da composição racial dos touros. Este arquivo deve apresentar primeira coluna com a identificação do touro com até oito caracteres, segunda coluna informando a proporção do grupo racial N, terceira coluna informando a proporção do grupo racial A, quarta coluna informando a proporção do grupo racial B e quinta coluna informando a proporção do grupo racial C no indivíduo. Todas as proporções devem ocupar seis campos de texto para alocar uma proporção com quatro casas decimais, e todas as colunas devem ser separadas por espaço.

2) Arquivo com informação da composição racial das vacas. Este arquivo deve apresentar mesma configuração que aquele informando composição racial dos touros.

3) Arquivo com informação do número de doses de sêmen que cada touro dispõe. Este arquivo deve apresentar uma primeira coluna informando a identificação do touro com até oito caracteres, uma segunda coluna com quatro campos informando o número de doses de sêmen ofertado pelo touro correspondente, além de um espaço separando a primeira coluna da segunda.

4) Arquivo com informação de touros rankeados, ou seja, após serem ordenados pelo índice calculado por meio dos valores genéticos ou DEPs, devem aparecer por ordem do maior para menor índice. Este arquivo deve apresentar uma coluna informando a identificação

do touro com até oito caracteres. Outras informações opcionais podem ser apresentadas em colunas posteriores.

5) Arquivo com informação de vacas rankeadas. Este arquivo deve apresentar mesma configuração que aquele informando ranking dos touros.

Para ilustrar os procedimentos a serem realizados, uma análise com uma pequena população será apresentada. As figuras 48, 49, 50, 51 e 52 apresentam os arquivos de entrada para o programa COA. As figuras 53 e 54 e o APÊNDICE C apresentam as saídas do programa COA.

```
touro001 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000
touro002 0.1094 0.5000 0.2969 0.0939
touro003 0.1563 0.3750 0.4344 0.0344
touro004 0.1094 0.5000 0.2969 0.0939
```

Figura 48 - Arquivo "crt.dat" com composição racial dos touros para o exemplo

```
vaca0001 0.0469 0.7500 0.1250 0.0781
vaca0002 0.3800 0.2525 0.1175 0.2500
vaca0003 0.0938 0.2500 0.5000 0.1563
vaca0004 0.2188 0.4375 0.2188 0.1250
vaca0005 0.3800 0.2525 0.1175 0.2500
vaca0006 0.1719 0.5000 0.2188 0.1094
vaca0007 0.2031 0.3750 0.3607 0.0613
vaca0008 0.2344 0.2500 0.3139 0.2019
vaca0009 0.3800 0.2525 0.1175 0.2500
vaca0010 0.1719 0.5000 0.2188 0.1094
```

Figura 49 - Arquivo "crv.dat" com composição racial das vacas para o exemplo

```
touro002    2
touro003    3
touro001    4
touro004    3
```

Figura 50 - Arquivo "nsemen.dat" com número de doses de sêmen por touro para o exemplo

```
touro003  -.120  9.390  9.620  1.280  .4070  28.5709        1
touro004  1.570 14.350 10.010   .310  .3650  27.5420        2
touro001  -.240 -3.730 -1.910   .090 -.2230  -6.7936        3
touro002 -1.110 -8.510 -2.510  -.080 -.1720 -10.0132        4
```

Figura 51 - Arquivo "vgot.dat" de touros rankeados para o exemplo

vaca0004	1.020	15.040	13.650	1.240	.3850	37.1878	1
vaca0003	.000	5.740	15.310	.690	.6640	35.4695	2
vaca0008	-1.730	6.730	15.030	.490	.1420	33.0312	3
vaca0002	1.550	7.740	14.460	1.400	.1520	31.5511	4
vaca0009	1.070	14.720	9.940	1.010	.4770	31.0818	5
vaca0006	-1.230	7.300	12.490	.780	.3000	30.8226	6
vaca0010	-1.170	14.840	8.510	1.300	.2470	30.4808	7
vaca0005	-1.250	9.440	10.950	1.360	.1760	30.4446	8
vaca0001	1.610	17.840	8.580	1.300	.3650	30.2895	9
vaca0007	-.130	14.390	7.300	1.570	.4960	29.7434	10

Figura 52 - Arquivo "vgov.dat" de vacas rankeadas para o exemplo

1	.1563	.3750	.4344	.0344	1	4
2	.1094	.5000	.2969	.0939	2	4
3	.0000	.0000	1.0000	.0000	1	2

Figura 53 - Arquivo "crat.dat" com número de doses por composição para o exemplo

1	.2188	.4375	.2188	.1250	1
2	.0938	.2500	.5000	.1563	1
3	.2344	.2500	.3139	.2019	1
4	.3800	.2525	.1175	.2500	3
5	.1719	.5000	.2188	.1094	2
6	.0469	.7500	.1250	.0781	1
7	.2031	.3750	.3607	.0613	1

Figura 54 - Arquivo "crav.dat" com número de vacas por composição racial para o exemplo

A execução do programa COA para o exemplo pode ser visualizada no APÊNDICE B. Seu funcionamento inicial é baseado na comparação dos três arquivos com informações dos touros, informando os detalhes de cada um em particular, posteriormente são identificados os touros pertencentes aos três arquivos, desse modo, aqueles que não se apresentem em todos os arquivos são excluídos da análise e as informações para aqueles com todas as informações são geradas. O mesmo ocorre aos arquivos com informações das vacas.

O programa pede a entrada da informação do número de acasalamentos a serem simulados. Este valor não pode superar o valor mínimo entre número de vacas com todas as informações e o número total de doses de sêmen dos touros com todas as informações. Caso o usuário digite valores negativos ou acima do permitido, o programa corrige automaticamente para o máximo permitido.

Após a definição do número de acasalamentos a ser simulado, o programa seleciona os indivíduos, por ordem no ranking e gera as informações relativas ao total de raças envolvidas na simulação.

Para criação do arquivo de saída do programa COA "coa.lp", são inseridas as expressões (51), (52), (53) e (54) no padrão Cplex LP que, para o exemplo, pode ser visualizado no APÊNDICE C. Compilando e processando o arquivo "coa.lp" pelo programa Gusek é possível obter o resultado para o processo de otimização apresentado no APÊNDICE D.

A interpretação do resultado ótimo deve ser dada conjuntamente aos arquivos "crat.dat" e "crav.dat". Assim, para o exemplo, pode ser comcluído que para obtenção de índice total ótimo $123,649732$, correspondente ao índice médio individual $\frac{123,649732}{10} = 12,3649732$ para as progênies simuladas pelos 10 acasalamentos sugeridos é dado pelas combinações apresentadas na Tabela 6. Para isso é necessário saber que a variável "x.000100002" representa quantos acasalamentos devem ocorrer entre touros da raça 1, obtido no arquivo "crat.dat" e vacas da raça 2, obtido no arquivo "crav.dat". Para outras variáveis o procedimento é o mesmo.

Tabela 6 - Solução ótima para acasalamento para o exemplo

Composição de touro				Composição de vaca				Acasalamentos
N	A	B	C	N	A	B	C	
$0,1563$	$0,3750$	$0,4344$	$0,0344$	$0,2188$	$0,4375$	$0,2188$	$0,1250$	1
$0,1094$	$0,5000$	$0,2969$	$0,0939$	$0,0938$	$0,2500$	$0,5000$	$0,1563$	1
$0,1563$	$0,3750$	$0,4344$	$0,0344$	$0,2344$	$0,2500$	$0,3139$	$0,2019$	1
$0,1563$	$0,3750$	$0,4344$	$0,0344$	$0,3800$	$0,2525$	$0,1175$	$0,2500$	1
$0,0000$	$0,0000$	$1,0000$	$0,0000$	$0,3800$	$0,2525$	$0,1175$	$0,2500$	2
$0,1563$	$0,3750$	$0,4344$	$0,0344$	$0,1719$	$0,5000$	$0,2188$	$0,1094$	1
$0,1094$	$0,5000$	$0,2969$	$0,0939$	$0,1719$	$0,5000$	$0,2188$	$0,1094$	1
$0,1094$	$0,5000$	$0,2969$	$0,0939$	$0,0469$	$0,7500$	$0,1250$	$0,0781$	1
$0,1094$	$0,5000$	$0,2969$	$0,0939$	$0,2031$	$0,3750$	$0,3607$	$0,0613$	1

Executou-se o programa COA para os animais do banco de dados Montana safra 2009, com 191 touros e 12694 vacas aptos ao acasalamento em 2011, e considerou-se, dada a falta da informação de número de doses de sêmen disponível por touro, a geração do número de doses aleatóriamente e seguindo uma distribuição de Poisson com média 100. O APÊNDICE E apresenta a execução do programa COA para estes animais. O número de acasalamentos escolhido foi o máximo permitido, ou seja, 12694.

Pela grande quantidade de variáveis geradas, não é possível apresentar a solução obtida, mas, o valor da função objetivo para as variáveis ótimas é 141.883,2901. Assim, as estimativas da porção genética não-aditiva dos desempenhos das características dos indivíduos inseridas no índice é dada por 141.883,2901. Para simplificação, divide-se o valor obtido pelo número de acasalamentos simulado, obtendo o valor 9,703756050, que é o valor médio estimado para a porção não-aditiva dos desempenhos inseridos no índice dos animais simulados.

Esta simulação exigiu 11,281250 segundos para executar o programa COA. Além de 68,487 segundos para compilação e mais 386,127 segundos para execução do programa Gusek. Foi utilizado um computador com sistema operacional Windowns XP e configuração de hardware dada por CPU Intel Core 2 Duo 2,0GHz, 2,0 GB de RAM e disco rígido com capacidade de armazenamento de 250 GB.

A superioridade do sistema de otimização pode ser verificada ao ser comparado com os resultados obtidos para outros sistemas de acasalamento simulados para o mesmo conjunto de dados, conforme a Tabela 7.

Tabela 7 - Comparação entre índices não-aditivos esperados para diferentes sistemas de acasalamento

Acasalamento	Índice total	Índice médio individual
Ótimo	141.883, 2901	11, 177193170
Entre semelhantes	123.179, 4793	9, 703756050
Entre dessemelhantes	122.752, 7886	9, 670142477
Aleatório 1	124.092, 8070	9, 775705609
Aleatório 2	121.948, 0005	9, 606743383
Aleatório 3	123.689, 9077	9, 743966260
Aleatório 4	126.048, 4070	9, 929762644
Aleatório 5	122.792, 0659	9, 673236639

6.3 Níveis de endogamia

Para controle nos níveis de endogamia individuais das progênies geradas pelos acasalamentos sugeridos em um programa de melhoramento, é necessário gerar a matriz de

relacionamento para os indivíduos do pedigree e utilizá-la como restrição no processo de decisão, evitando que animais com alto nível de endogamia sejam gerados. Neste caso, de acordo com cada espécie e raça, um valor máximo deve ser pré-determinado e os valores das combinações para acasalamento devem ser inferiores. Nos acasalamentos entre bovinos Montana, é sugerido que apenas sejam gerados indivíduos com coeficientes de endogamia inferiores a 0,03.

O pedigree da população Montana safra 2009 contém 39.155 animais, dessa forma, a matriz de relacionamento tem dimensão 39.155×39.155 e, portanto, $39.155^2 = 1.533.114.025$ valores na tabela. A matriz de relacionamento é simétrica, assim, como forma de reduzir o esforço computacional, podem ser calculados os valores da diagonal principal e os valores acima desta. Deste modo, há necessidade de calcular apenas 766.576.590 valores.

Considerando-se uma implementação computacional que utiliza precisão simples com seis casas decimais para representação dos números reais por pontos flutuantes, cada número ocupa 4 bytes de memória. Para o pedigree em questão, para alocação na memória dos 1.533.114.025 valores, é necessário $1.533.114.025 \times 4$ bytes $= 6.132.456.100$ bytes $= 5,71129$ gigabytes de memória ram.

O programa para o cálculo do coeficiente de endogamia das possíveis futuras progênies, denominado Cálculo de Coeficientes de Endogamia (CCE) é apresentado no APÊNDICE A. Ele foi implementado em linguagem Fortran 90, pela grande eficiência computacional e boa adaptação a grandes conjuntos de dados. A compilação do programa foi realizada por meio do compilador Gfortran em ambiente Linux.

Seu funcionamente é fundamentado no método tabular que apresenta o relacionamento do numerador do coeficiente de Wright e, inicialmente exige a reordenação dos indivíduos de forma que, os pais sempre venham antes dos filhos no pedigree. Esta reordenação permite que os cálculos para os pais já tenham sido realizados e possam incorporar o cálculo do coeficiente de endogamia do filho. Uma prévia marcação da posição dos pais, também facilita no momento dos cálculos e acesso rápido às informações.

A forma de entrada dos dados no programa deve ser feita por meio de um arquivo de texto que apresente uma primeira coluna, correspondente à identificação do animal, formada por oito caracteres. A segunda coluna, que não deve apresentar espaço após a primeira, corresponde à identificação do pai do indivíduo. E a terceira coluna, inserida sem espaço após

a segunda, apresenta a identificação da mãe do indivíduo. A identificação do pai e da mãe do indivíduo, também devem conter oito caracteres. Um exemplo de pedigree com tal formatação pode ser visualizado na Figura 55.

```
animal01animal07animal10
animal02animal03animal08
animal030       0
animal04animal03animal02
animal050       animal10
animal06animal09animal08
animal070       0
animal080       0
animal09animal01animal02
animal100       0
```

Figura 55 - Exemplo de pedigree no padrão de entrada do programa CCE

O arquivo de saída "cce.dat" apresenta, nas duas primeiras colunas a identificação dos animais e, caso esses sejam de sexos diferentes, na terceira coluna é apresentado o coeficiente de endogamia da possível futura progênie entre eles. Os dados são apresentados de forma que, valores nulos não são contidos na saída, pelo fato de que, para grandes bancos de dados, apenas uma pequena parte dos coeficientes de endogamia das possíveis progênies provenientes das combinações entre indivíduos do pedigree são diferentes de zero. O arquivo "cce.dat" de saída para o pedigree da Figura 55 é apresentado na Figura 57.

O arquivo de pedigree deve conter os animais base e, aqueles indivíduos cuja identificação de pelo menos um dos pais é desconhecida, contém a marcação "0 " em seu respectivo posicionamento.

Na execução do programa CCE para o pedigree Montana contido no arquivo "ped2009.txt", conforme apresentado na figura 56, foram calculados $39.155^2 = 1.533.114.025$ valores, dos quais, apenas 32.346.054 ou $2,11\%$ diferem de zero, ou seja, os demais indivíduos não mantêm relação de parentesco. Neste caso, a não memorização das relações nulas entre os indivíduos causa uma economia de $97,89\%$ de armazenamento. Portanto, o arquivo "cce.dat" ocupa 771 mb de memória. Dos valores diferentes de 0, 6.204.413 são maiores que $0,03$ e, entre esses, para animais de sexos distintos, o acasalamento não pode ocorrer. Para o pedigree em questão o tempo de execução do programa CCE foi de 3m33s.

```
[joao@localhost cce]$ ./cce
 ##############################################
 # CCE - Calculo de Coeficientes de Endogamia #
 ##############################################
 **********************************************
 *             Entrada do arquivo             *
 **********************************************
 Digite o nome do arquivo de pedigree:
ped2009.txt
 **********************************************
       39155  animais no pedigree.
 Ordenando animais...
 Marcando posicao dos pais...
 Calculando coeficientes de endogamia...
 **********************************************
 Fim da execucao do programa.
   213.26059      segundos.
 **********************************************
[joao@localhost cce]$
```

Figura 56 - Execução do programa CCE para o pedigree Montana

```
animal07 animal01 0.2500
animal07 animal09 0.1250
animal07 animal06 0.0625
animal08 animal02 0.2500
animal08 animal05 0.2500
animal08 animal09 0.1250
animal08 animal04 0.1250
animal08 animal06 0.3125
animal03 animal02 0.2500
animal03 animal09 0.1250
animal03 animal04 0.3750
animal03 animal06 0.0625
animal02 animal05 0.1250
animal02 animal09 0.2500
animal02 animal04 0.3750
animal02 animal06 0.2500
animal05 animal09 0.0625
animal05 animal04 0.0625
animal05 animal06 0.1563
animal01 animal09 0.2500
animal01 animal06 0.1250
animal09 animal04 0.1875
animal09 animal06 0.3125
animal04 animal06 0.1563
```

Figura 57 - Exemplo de saída dos coeficientes de endogamia do programa CCE

Assim, os resultados apresentados pelo arquivo “cce.dat” podem ser utilizados

como restrição em programas de acasalamento evitando o desenvolvimento de animais com altos índices de endogamia.

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

7.1 Conclusão

Por meio da avaliação dos efeitos dos grupos raciais N, A, B e C sobre os compostos gerados, foi identificado, tanto na avaliação que considera padronização das características, quanto a que não considera esta padronização, que a utilização conjunta de grandes proporções dos grupos N e A, prejudica o composto.

Para a análise que não considera padronização das características do índice Montana, o composto NABC apresenta mérito médio ótimo para proporções dos grupos raciais N, A, B e C dadas respectivamente, por 0,4613, 0,0000, 0,4200 e 0,1187, fornecendo mérito médio 47,82810. Atribuindo as restrições para o padrão Montana, o conjunto de proporções ótimas é 0,3736 do grupo racial N, 0,1250 do grupo A, 0,3867 do grupo B e 0,1147 do grupo C, fornecendo mérito médio ótimo 41,71546.

Analisando as proporções ótimas para o composto NABC, dadas as padronizações das características, é possível verificar que a combinação ótima é dada pela ausência do grupo racial N, 0,3208 do grupo A, 0,4838 do grupo B e 0,1954 do grupo C, gerando mérito médio ótimo 40,92927. A composição Montana apresenta mesmo conjunto de proporções ótimas.

O procedimento que fornece combinação ótima para acasalamento em uma população se apresentou superior aos sistemas de acasalamento entre semelhantes, entre dessemelhantes e aleatórios. Esta superioridade sempre vai existir por conta da solução dada maximizar o índice calculado pelas estimativas das porções não-aditivas dos desempenhos das características das futuras progênies.

7.2 Pesquisas Futuras

Pretende-se avaliar o comportamento das proporções raciais ótimas para outros índices e características, e os efeitos causados por estas mudanças.

O programa COA deve ser expandido a outros compostos e raças, além da receber a inserção de mais restrições, tomando decisões de acasalamento para cada indivíduo.

O programa CCE deve ser otimizado tal que, por meio de técnicas de progra-

mação, sejam alocados em memória ram apenas valores não nulos, reduzindo consideravelmente a exigência de hardware.

REFERÊNCIAS

ALENCAR, M.M.; SILVA, A.H.G.; BARBOSA, P.F. Efeitos da consanguinidade sobre os pesos ao nascimento e à desmama de bezerros da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.10, n.1, p.151-156, 1981.

ALENDA, R.; MARTIN, T.G. Estimation of genetic and maternal effects in crossbred cattle of Angus, Charolais and Hereford parentage. III. Optimal breed composition of crossbreds. **Journal of Animal Science**, Albany, v.53, n.2, p.347-353, 1981.

BAZARAA, M.; JARVIS, J.; SHERALI, H. **Linear programming and network flows**. 3th ed. New Jersey: Wiley, 2005.

BOLDMAN, K.G.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use for MTDFREML – a set of programs to obtain of variance and covariances [DRAF]**. Lincoln: Departament of Agriculture, 1995.

BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. New Jersey: Prentice-Hall, 2000.

BRASIL. **Produção da pecuária municipal 2010**. Rio de Janeiro: IBGE, 2011.

CARDOSO, V.; ROSO, V.M.; SEVERO, J.L.P.; QUEIROZ, S.A.; FRIES, L.A. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.4, p.834-842, 2003.

CFM. **Sumário de touros Montana 2011**. São José do Rio Preto, 2011.

DIAS, A.S.C.; QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeito da endogamia em características reprodutivas de bovinos da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.23, n.2, p.157-164, 1994.

ELZO, M.A.; BORJAS, A. de los R. Perspectivas da avaliação genética multirracial. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v.5, n.4, p.171-185, 2004.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Harlow: Longmans Green, 1996. 464 p.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Desenvolvimento de bovinos de corte compostos no Brasil: O desafio do projeto Montana Tropical. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2000, p.100-104.

_____. Melhoramento genético para aumento da produtividade em gado de corte no Brasil: A história, o presente e o futuro. In: PIREZ, V.P. (Ed.). **Bovinocultura de corte**. Piracicaba: Fealq, 2010. v.2, cap.38, p.763-784.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; TEIXEIRA, L.A.; GIACOMINI, G. Programa de melhoramento genético do Montana Composto Tropical. In: PIREZ, V.P. (Ed.). **Bovinocultura de corte**. Piracicaba: Fealq, 2010, v.2, cap.45, p.861-875.

GREGORIUS, H. **Characterization and analysis of mating system**. Witzenhausen: Ekopan Verlag, 1989.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for preweaning traits of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Albany, v.69, n.3, p.69-947, 1991.

GREGORY, K.E.; SWIGER, L.A.; KOCH, R.M.; SUMPTION, L.J.; ROWDEN, W.W.; INGALLS, J.E. Heterosis in preweaning traits of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Albany, v.24, n.1, p.21-28, 1965.

HAYES, B.J.; NEWMAN, S.; SHEPHERD, R.K. Technical note: Constrained optimization of breed composition in composite populations to balance net merit and risk. **Journal of Animal Science**, Albany, v.78, n.8, p.2105-2107, 2000.

HENDERSON, C.R. Rapid method for computing the inverse of a relationship matrix. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.58, p.1727-1730, 1975.

HILLIER, F.S.; LIEBERMAN, G.J. **Introduction to operations research**. 4th ed. Oakland: Holden-Day, 1986.

KINGHORN, B.P. A model for the optimization of genetic improvement by the introduction of novel breeds into a native population. **Zeitschrift fur Tierzuchtung und Zuchtungsbiologie**, Hamburg, v.97, p.95-100, 1980.

_____. Key issues in breeding program design. In: KINGHORN, B.P.; VAN DER WERF, J.; RYAN, M. (Ed.) **Animal breeding**: use of new technologies. Sydney: Post Graduate Foundation in Veterinary Science, University of Sydney, 2000. chap.11, p.141-150.

KENNEDY, B.W.; SCHAEFFER, L.R.; SORENSEN, D.A. Genetic properties of animal models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.71, p.17-26, 1988.

KOCH, R.M.; CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Beef cattle breed resource utilization. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.12, p.55-80, 1989.

LAND, A.H.; DOIG, A.G. An automatic method for solving discrete programming problems. **Econometrica**, Oxford, v.28, p.497-520, 1960.

LIN, C.Y. Technical note: Optimization of breed composition to maximize net merit of synthetic populations. **Journal of Animal Science**, Albany, v.74, n.7, p.1477-1480, 1996.

LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. 2ed. Ames: Iowa State University Press, 1943.

MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N.de; FRAGA, A. Efeitos de endogamia nos pesos pré-desmama da raça Simental no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998, Botucatu. **Anais...** Botucatu: SBZ, 1998. p.491-492.

MATTOS, E.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; FIGUEIREDO, L.G.G.; CUNHA, G.G. Topgen - Um software para definir acasalamentos dirigidos em bovinos de corte. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2000, p.425-428.

MONTANA COMPOSTO TROPICAL. Disponível em: <http://www.compostomontana.com.br/>. Acesso em: 15 maio 2011.

MOURÃO, G.B. **Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculosidade em uma população de bovinos de corte compostos (Bos tauros × Bos indicus)**. 2005. 109p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

MI, M.P.; CHAPMAN, A.R.; TYLER, W.J. Effect of mating system on production traits in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.48, p.77-84, 1965.

NOGUEIRA NETO, V.S. A bovinocultura brasileira em face do mercosul. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 13., 1996, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Fealq, 1996. p.303-318.

PEIXOTO, A. M. Evolução histórica da pecuária de corte no Brasil. In: PIREZ, V.P. (Ed.). **Bovinocultura de corte**. Piracicaba: Fealq, 2010, v.1, cap.1, p.3-10.

QUEIROZ, S.A. **Estudo da endogamia na raça Gir**. 1992. 121p. Tese (Doutorado em Ciências) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1992.

ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Um programa para planejar acasalamentos em bovinos de corte. In.: SIMPÓSIO NACIONAL DASOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2., 1998, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 1998. p.359-360.

SHIMBO, M.V.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; OLIVEIRA, F.F.; JUBILEU, J.S.; FIGUEIREDO, L.G.G.; MATTOS E.C. Efeito da endogamia sobre características de desempenho de bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO PECUÁRIA 2000 - PERSPECTIVAS PARA O III MILÊNIO, 1., 2000, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga : FZEA-USP, 2000.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. **SAS/STAT user'guide**, version 8.0 ed. Cary: 1999. v.1, 943p.

TAHA H.A. **Operations research:** an introduction, 6th ed. New York: Macmillan & Collier, 1997.

APÊNDICES

APÊNDICE A - Programa para cálculo dos coeficientes de endogamia (CCE) das progênies geradas pelas combinações entre indivíduos do pedigree Montana. Em linguagem Fortran 90 .

```
program cce
implicit none
character*8 w
character*8, dimension(:), allocatable :: a,t,v
integer n,i,ERRO,j,l
real r, TA(2), ETIME !cronômetro
character*20 arq
integer, dimension (:), allocatable :: ppa,pma
real, dimension (:), allocatable :: f
real, dimension (:,:), allocatable :: d
print*,"##############################################"
print*,"# CCE - Calculo de Coeficientes de Endogamia #"
print*,"##############################################"
print*,"**********************************************"
print*,"*             Entrada do arquivo             *"
print*,"**********************************************"
print*, "Digite o nome do arquivo de pedigree:"
read*, arq
print*,"**********************************************"
!!!!!!  INÍCIO - Contagem de animais !!!!!!
open(10, file=arq, status='old')
n=0
do
read (10,"(A8)", end=5) w
n = n+1
enddo
5 close (10)
print*, n, " animais no pedigree."
!!!!!!   FIM - Contagem de animais      !!!!!!
!##############################################!
!!!!!!  INICIO - Leitura de animais     !!!!!!
open(10, file=arq, status='old')
allocate (a(n),t(n),v(n), STAT=ERRO)!ALOCANDO MATRIZ a,t,v,p
if (ERRO/=0) print*, "Problemas de alocacao"
do i=1,n,1
read (10,"(A8,A8,A8)") a(i),t(i),v(i)
enddo
close (10)
!!!!!!    FIM - Leitura de animais      !!!!!!
!##############################################!
!!!!!!        INÍCIO - Ordenação        !!!!!!
print*, "Ordenando animais..."
l=n
24 do i=l,1,-1
do j=1,i,1
```

```
if (a(i)==t(j) .or. a(i)==v(j)) then
 w = a(i)
 a(i) = a(j)
 a(j) = w
 w = t(i)
 t(i) = t(j)
 t(j) = w
 w = v(i)
 v(i) = v(j)
 v(j) = w
 l = i
 goto 24
endif
enddo
enddo
!!!!!!          FIM - Ordenação         !!!!!!
!##############################################!
allocate (ppa(n),pma(n),f(n),d(n,n), STAT=ERRO)!ALOCANDO MATRIZ
if (ERRO/=0) print*, "Problemas de alocacao"
!##############################################!
!!!!!!   INÍCIO - Marcação dos pais     !!!!!!
print*, "Marcando posicao dos pais..."
do i=1,n,1
!Posição do pai de i
if (t(i)/="0") then
do j=1,i,1
if (t(i)==a(j)) then
ppa(i)=j
goto 7
endif
enddo
else
ppa(i)=0
7 endif
!Posição da mae de i
if (v(i)/="0") then
do j=1,i,1
if (v(i)==a(j)) then
pma(i)=j
goto 8
endif
enddo
else
pma(i)=0
8 endif
enddo
!!!!!!     FIM - Marcação dos pais      !!!!!!
!##############################################!
```

```
!!!!!! INICIO - Calculo coef. endogamia !!!!!!
print*, "Calculando coeficientes de endogamia..."
open(100, file="cce.dat")
do i=1,n,1
do j=i,n,1
if (i<j) then
if (ppa(j)==0) then
d(ppa(j),i)=0
elseif (ppa(j)>i) then
d(ppa(j),i)=d(i,ppa(j))
endif
if (pma(j)==0) then
d(pma(j),i)=0
elseif (pma(j)>i) then
d(pma(j),i)=d(i,pma(j))
endif
d(i,j) = 0.5*(d(ppa(j),i)+d(pma(j),i))
else !(i==j)
if (ppa(i)/=0 .and. pma(j)/=0) then
d(i,j) = 1 + 0.5*(d(pma(j),ppa(j)))
endif
if (ppa(i)==0 .or. pma(j)==0) then
d(i,j) = 1
endif
endif
if (d(i,j)/=0 .and. i/=j) then
write (100,"(A8,1X,A8,1X,F6.4)") a(i),a(j),d(i,j)/2
endif
enddo
enddo
close (100)
!!!!!!   FIM - Calculo coef. endogamia  !!!!!!
deallocate(a,t,v,ppa,pma,f,d)  ! DESALOCANDO MATRIZES
!CRONÔMETRO
r = ETIME(TA)
print*,"*********************************************"
print*, "Fim da execucao do programa."
print*, r, " segundos."
print*,"*********************************************"
end
```

APÊNDICE B - Execução do programa de combinação ótima para acasalamento (COA) para o exemplo.

```
##############################################
#  COA - Combinacao Otima para Acasalamento  #
##############################################
**********************************************
*            Entrada dos arquivos            *
**********************************************
Digite o nome do arquivo com composicao racial dos touros a ser lido:
crt.dat
Digite o nome do arquivo com composicao racial das vacas a ser lido:
crv.dat
Digite o nome do arquivo com numero de doses de semen por touro a ser lido:
nsemen.dat
Digite o nome do arquivo com touros rankeados a ser lido:
vgot.dat
Digite o nome do arquivo com vacas rankeadas a ser lido:
vgov.dat
**********************************************
*          Informacoes dos arquivos          *
**********************************************
          4 touros com composicao racial informada (composicoes          3)
          4 touros com numero de doses informado (doses         12)
          4 touros rankeados
__________
          4 touros com todas as informacoes
_____________________________________________
         10 vacas com composicao racial informada (composicoes          7)
         10 vacas rankeadas
__________
         10 vacas com todas as informacoes
**********************************************
*           Informacoes completas            *
**********************************************
         12 doses de semen
          4 touros
          3 composicoes raciais diferentes para touros
_____________________________________________
         10 vacas
          7 composicoes raciais diferentes para vacas
**********************************************
Digite o numero de acasalamentos desejado (maximo         10):
10
**********************************************
*       Informacoes dos acasalamentos        *
**********************************************
          4 touros selecionados para acasalamento
          3 composicoes raciais diferentes para touros
_____________________________________________
         10 vacas selecionadas para acasalamento
          7 composicoes raciais diferentes para vacas
**********************************************
Fim da execucao do programa.
   4.687500E-02 segundos.
**********************************************
```

APÊNDICE C - Saída "coa.lp" do programa COA para o exemplo.

```
Maximize
0 x+10.5982600 x.000100001 + 9.6163920 x.000200001 +15.0212900 x.000300001 +11.0812300
x.000100002 +10.8773500 x.000200002 + 9.4022800 x.000300002 +12.1446400 x.000100003 +11.2311500
x.000200003 +14.7941400 x.000300003 +13.2396600 x.000100004 +11.5815900 x.000200004 +20.4277200
x.000300004 + 9.9727810 x.000100005 + 9.0842490 x.000200005 +13.9978400 x.000300005 + 8.0366540
x.000100006 + 7.1620710 x.000200006 +12.5338600 x.000300006 +10.2380500 x.000100007 + 9.7152810
x.000200007 +12.3919400 x.000300007
Subject to
0 x + x.000100001 + x.000100002 + x.000100003 + x.000100004 + x.000100005 + x.000100006 +
x.000100007 = 4
0 x + x.000200001 + x.000200002 + x.000200003 + x.000200004 + x.000200005 + x.000200006 +
x.000200007 = 4
0 x + x.000300001 + x.000300002 + x.000300003 + x.000300004 + x.000300005 + x.000300006 +
x.000300007 = 2
0 x + x.000100001 + x.000200001 + x.000300001 = 1
0 x + x.000100002 + x.000200002 + x.000300002 = 1
0 x + x.000100003 + x.000200003 + x.000300003 = 1
0 x + x.000100004 + x.000200004 + x.000300004 = 3
0 x + x.000100005 + x.000200005 + x.000300005 = 2
0 x + x.000100006 + x.000200006 + x.000300006 = 1
0 x + x.000100007 + x.000200007 + x.000300007 = 1
Bounds
0 <= x.000100001
0 <= x.000100002
0 <= x.000100003
0 <= x.000100004
0 <= x.000100005
0 <= x.000100006
0 <= x.000100007
0 <= x.000200001
0 <= x.000200002
0 <= x.000200003
0 <= x.000200004
0 <= x.000200005
0 <= x.000200006
0 <= x.000200007
0 <= x.000300001
0 <= x.000300002
0 <= x.000300003
0 <= x.000300004
0 <= x.000300005
0 <= x.000300006
0 <= x.000300007
Generals
x.000100001 x.000200001 x.000300001 x.000100002 x.000200002 x.000300002 x.000100003 x.000200003
x.000300003 x.000100004 x.000200004 x.000300004 x.000100005 x.000200005 x.000300005 x.000100006
x.000200006 x.000300006 x.000100007 x.000200007 x.000300007
End
```

APÊNDICE D - Saída "coa.out" do programa Gusek para o exemplo.

```
Problem:
Rows:  10
Columns:  22 (21 integer, 0 binary)
Non-zeros:  42
Status:  INTEGER OPTIMAL
Objective:  obj = 123.649732 (MAXimum)
No.  Row name Activity Lower bound Upper bound
1 r.7 4 4 =
2 r.9 4 4 =
3 r.11 2 2 =
4 r.13 1 1 =
5 r.15 1 1 =
6 r.17 1 1 =
7 r.19 3 3 =
8 r.21 2 2 =
9 r.23 1 1 =
10 r.25 1 1 =
No.  Column name Activity Lower bound Upper bound
1 x 0 0
2 x.000100001 * 1 0
3 x.000200001 * 0 0
4 x.000300001 * 0 0
5 x.000100002 * 0 0
6 x.000200002 * 1 0
7 x.000300002 * 0 0
8 x.000100003 * 1 0
9 x.000200003 * 0 0
10 x.000300003 * 0 0
11 x.000100004 * 1 0
12 x.000200004 * 0 0
13 x.000300004 * 2 0
14 x.000100005 * 1 0
15 x.000200005 * 1 0
16 x.000300005 * 0 0
17 x.000100006 * 0 0
18 x.000200006 * 1 0
19 x.000300006 * 0 0
20 x.000100007 * 0 0
21 x.000200007 * 1 0
22 x.000300007 * 0 0
Integer feasibility conditions:
KKT.PE: max.abs.err = 0.00e+000 on row 0
max.rel.err = 0.00e+000 on row 0
High quality
KKT.PB: max.abs.err = 0.00e+000 on row 0
max.rel.err = 0.00e+000 on row 0
High quality
End of output
```

APÊNDICE E - Execução do programa de combinação ótima para acasalamento (COA) para o banco de dados Montana com animais aptos ao acasalamento em 2011.

```
##############################################
#  COA - Combinacao Otima para Acasalamento  #
##############################################
**********************************************
*            Entrada dos arquivos            *
**********************************************
Digite o nome do arquivo com composicao racial dos touros a ser lido:
crt.dat
Digite o nome do arquivo com composicao racial das vacas a ser lido:
crv.dat
Digite o nome do arquivo com numero de doses de semen por touro a ser lido:
nsemen.dat
Digite o nome do arquivo com touros rankeados a ser lido:
vgot.dat
Digite o nome do arquivo com vacas rankeadas a ser lido:
vgov.dat
**********************************************
*          Informacoes dos arquivos          *
**********************************************
        191 touros com composicao racial informada (composicoes        122)
        191 touros com numero de doses informado (doses      18992)
        191 touros rankeados
_________
        191 touros com todas as informacoes
_____________________________________________
      12694 vacas com composicao racial informada (composicoes       2904)
      12694 vacas rankeadas
_________
      12694 vacas com todas as informacoes
**********************************************
*           Informacoes completas            *
**********************************************
      18992 doses de semen
        191 touros
        122 composicoes raciais diferentes para touros
_____________________________________________
      12694 vacas
       2904 composicoes raciais diferentes para vacas
**********************************************
Digite o numero de acasalamentos desejado (maximo      12694):
12694
**********************************************
*       Informacoes dos acasalamentos        *
**********************************************
        129 touros selecionados para acasalamento
         90 composicoes raciais diferentes para touros
_____________________________________________
      12694 vacas selecionadas para acasalamento
       2904 composicoes raciais diferentes para vacas
**********************************************
Fim da execucao do programa.
      11.281250 segundos.
**********************************************
```