



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008

Definição da Contribuição Genética Ótima na Seleção de Touros

Roberto Carneiro^{1,2}, Sandra Aida de Queiroz³

¹GenSys Consultores Associados S/S Ltda. www.gensys.com.br

²Pós-doutorando Zootecnia - FCAV - UNESP/Jaboticabal. Bolsista da FAPESP. e-mail: rcar@fcav.unep.br

³Departamento de Zootecnia - FCAV - UNESP/Jaboticabal. Bolsista do CNPq. e-mail: saquei@fcav.unep.br

Resumo – um programa foi desenvolvido para a definição da contribuição genética ótima na seleção de touros. A função para a otimização da intensidade de uso dos touros foi composta pelo mérito genético esperado da futura progênie e pela co-ascendência média dos animais em reprodução. A consequência esperada da aplicação do programa, em comparação com procedimentos empíricos de controle da endogamia, seria de melhorar a resposta genética futura e limitar de forma mais efetiva a taxa de endogamia.

Palavras-chave: algoritmos evolucionários, co-ascendência, endogamia, ganho genético, otimização, seleção

Optimal Contribution Sire Selection

Abstract – a differential evolution algorithm for optimal contribution sire selection was developed. The objective function to be optimized considered the expected merit of the future progeny and the coancestry among selected parents. The expected consequences of using the algorithm, in contrast with empirical attempts to control inbreeding, would be to improve the selection response and to control inbreeding more effectively.

Keywords: coancestry, evolutionary algorithms, genetic response, inbreeding, optimization, selection

Introdução

O controle da endogamia e a consequente manutenção do ganho genético a longo prazo não são garantidos quando restrições são feitas apenas sobre a endogamia da futura progênie. Além disso, definições de regras empíricas na tentativa de limitar a taxa de endogamia podem resultar tanto em ineficiência da limitação quanto em redução do ganho genético possível. O controle da endogamia e a maximização do ganho genético podem ser mais apropriadamente obtidos ao se considerar uma medida do grau de parentesco entre os animais utilizados em reprodução como, por exemplo, na teoria da contribuição genética ótima (Woolliams e Thompson, 1994; Meuwissen, 1997), onde a co-ascendência média é contemplada. Uma das alternativas para a definição da contribuição genética ótima é a aplicação de algoritmos evolucionários (Sorensen et al., 2006).

O objetivo deste trabalho foi desenvolver um algoritmo evolucionário baseado na técnica de evolução diferencial (Price et al., 2005), visando a definição da contribuição genética ótima, assim como avaliar a consequência da aplicação deste algoritmo na seleção de touros, em um conjunto real de dados.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de um rebanho Nelore, de animais nascidos nos anos de 2002 a 2006, com pedigree conhecido até o ano base de 1967. O índice composto por diferentes DEPs, resultante da avaliação genética interna do rebanho, foi utilizado para definir os touros que seriam supostamente candidatos à estação de monta de 2007. Foram definidos como candidatos a seleção, os 30% melhores touros (com base no índice) utilizados nas 3 estações de monta anteriores, e os 20% melhores machos nascidos em 2004 e 2005, perfazendo um total de 100 touros candidatos a seleção. As fêmeas a serem supostamente acasaladas foram aquelas com prenhez positiva na última safra e as 60% melhores novilhas nascidas em 2005, perfazendo um total de 500 matrizes disponíveis para reprodução. A contribuição genética ótima (intensidade de uso) de cada touro candidato foi definida conforme a solução fornecida pelo algoritmo de evolução diferencial, descrito a seguir.

A evolução diferencial aplicada consistiu em gerar aleatoriamente uma “população” inicial de soluções possíveis, compostas pela intensidade de uso de cada touro candidato. Cada “indivíduo” da “população” é considerado um “cromossomo” e é constituído por n “loci”, sendo n o número de candidatos. Os “alelos” são valores aleatórios variando de 0 até o número máximo de acasalamentos permitido por touro, no caso 40. O “valor adaptativo” de cada “indivíduo” é calculado de acordo com os valores (“alelos”) atribuídos a cada “locus”. Definida a “população” inicial, um número suficiente de “gerações” é simulado de forma a buscar convergência para a solução ótima. A cada “geração”, um “desafiador” é construído para cada “indivíduo” da “população”. Se o “desafiador” apresentar maior “valor adaptativo”, ele substituirá o desafiado na próxima “geração”. Para construir este “desafiador”, 3 outros “membros” da “população” são escolhidos de forma aleatória (“indivíduos” A, B e C). Com uma probabilidade igual a taxa de recombinação, o “alelo” do “desafiador” é igual ao “alelo” do “indivíduo” desafiado. Caso contrário, um novo “alelo” é construído como o valor do “alelo” do “indivíduo” A mais a taxa de mutação vezes a diferença entre os “alelos” dos “indivíduos” B e C. Os “desafiadores” bem sucedidos e os sobreviventes (desafiados com maior “valor adaptativo” que os desafiadores) constituem os membros da nova geração. O processo tende a evoluir até o ponto em que todos os “indivíduos” da “população” são compostos pela solução ótima (ou próxima a esta, uma vez que o método não é exato). A eficiência da evolução diferencial tem sido comprovada na otimização de diferentes funções estudadas na literatura (Price et al., 2005). Os parâmetros da evolução diferencial utilizados no programa desenvolvido foram: tamanho da população = 200 (2 x n° candidatos); taxa de recombinação = 0,5; taxa de mutação = 0,9; critério de convergência: amplitude e desvio absoluto médio dos “valores adaptativos” dos “indivíduos” de uma “geração” menores que 1×10^{-4} , ou a melhor solução da “geração” 5×10^6 . A função objetivo otimizada, que definiu os “valores adaptativos” dos “indivíduos”, foi composta pelo mérito genético esperado da futura progênie e pela co-ascendência média dos animais selecionados para a reprodução, assim como em Sorensen et al. (2006). Diferentes ponderadores sobre a co-ascendência foram considerados, e a consequência da aplicação do algoritmo desenvolvido na seleção dos touros foi avaliada.

Resultados e Discussão

A proporção de animais endogâmicos e o coeficiente de endogamia médio destes animais foi igual a 33% e 0,037, respectivamente. Resultados sobre a consequência da adoção de diferentes estratégias de seleção (intensidade de uso) dos touros são apresentados na Tabela 1. O acasalamento aleatório dos 100 touros candidatos a seleção com as 500 vacas disponíveis resultaria em uma progênie com índice médio esperado de 0,813 unidades de desvio padrão e co-ascendência igual a 0,024. A seleção dos touros considerando apenas o mérito genético esperado da futura progênie ou, equivalentemente, considerando apenas o índice, é a que resultaria, a curto prazo, no maior progresso genético esperado, às custas, entretanto, de um expressivo aumento na co-ascendência, em comparação com as demais estratégias. A consequência direta de uma maior co-ascendência dos animais em reprodução é o aumento da taxa de endogamia que, por sua vez, pode ocasionar detrimento da variabilidade e do progresso genético a médio/longo prazo, bem como repostas indiretas não desejáveis (Weigel, 2001). A tentativa empírica de controle da endogamia pela imposição da restrição de que apenas os 13 melhores touros com $F < 0,012$ (F médio geral do rebanho) fossem usados em reprodução, além de apresentar redução do índice médio esperado, não reduziu a co-ascendência média dos animais em reprodução (pelo contrário, aumentou), em comparação com a estratégia baseada apenas no índice, estando de acordo com os resultados da literatura que apontam que restrições sobre F não são uma boa forma de controle da endogamia a médio/longo prazo. A penalização da co-ascendência pela utilização de um ponderador negativo na função objetivo resultou, conforme esperado, em aumento do número de touros selecionados e redução da co-ascendência e do índice médio esperado da futura progênie, em comparação com a seleção de touros baseada apenas no índice. A função objetivo que utilizou um ponderador de -10 para a co-ascendência (OC_10), apresentou-se como uma boa alternativa pois ocasionou uma redução da co-ascendência de 36% e uma redução do índice esperado de apenas 5%.

Tabela 1- Co-ascendência média dos animais em reprodução, índice médio esperado da futura progênie, número de touros selecionados e endogamia (F) média destes touros, conforme a estratégia de seleção adotada.

Estratégia de seleção*	Co-ascendência média	Diferencial [✓] co-asc. (%)	Índice médio esperado (σ)	Diferencial [✓] índice (%)	nº touros selec.	F médio dos touros
Aleatória	0,024	-55	0,813	-36	100	0,012
Índice	0,053	—	1,279	—	13	0,021
$F < 0,012$	0,056	7	1,209	-6	13	0,002
OC_1	0,045	-15	1,274	0	16	0,009
OC_5	0,040	-25	1,240	-3	21	0,010
OC_10	0,034	-36	1,220	-5	32	0,009
OC_20	0,026	-51	0,968	-24	77	0,011
OC_100	0,023	-57	0,806	-37	95	0,012

* Uso aleatório de todos os 100 touros candidatos; seleção dos 13 melhores touros (índice) ou dos 13 melhores com $F < 0,012$; Contribuição Genética Ótima considerando o mérito genético esperado da futura progênie e a co-ascendência média dos animais selecionados ponderada por -1 (OC_1), -5 (OC_5), -10 (OC_10), -20 (OC_20), ou considerando apenas a co-ascendência na função objetivo (OC_100).

[✓] Diferencial em contraste com a estratégia de seleção baseada apenas no índice.

Cabe ressaltar que a definição do ponderador ideal para a co-ascendência depende do horizonte de tempo a ser considerado, do nível de disposição para se obter maior progresso genético a longo prazo em detrimento do progresso a curto prazo e do nível de co-ascendência atual da população em questão. Os ponderadores utilizados no presente estudo foram definidos de forma empírica, apenas para avaliar a consequência da aplicação do programa desenvolvido.

Após encontrada a contribuição genética ótima, o próximo passo seria definir os acasalamentos. Outra alternativa que não foi investigada no presente estudo e que garantiria maior progresso genético e melhor controle da endogamia, seria a otimização de funções objetivo para a definição da seleção de acasalamentos, assim como em Kinghorn et al. (1999). Neste caso, as decisões sobre a seleção e os acasalamentos seriam feitas simultaneamente. Novos estudos deverão ser conduzidos no intuito de fazer as adaptações pertinentes no programa desenvolvido, na tentativa de aplicar a evolução diferencial para a definição da seleção de acasalamentos.

Conclusões

Foi possível utilizar a evolução diferencial para a definição da contribuição genética ótima. A consequência esperada da aplicação do programa desenvolvido, em comparação com procedimentos empíricos de controle da endogamia, seria de melhorar a resposta genética futura e limitar de forma mais efetiva a taxa de endogamia.

Literatura Citada

- KINGHORN, B.P.; SHEPHERD, R.K.; WOOLLIAMS, J.A. An index of estimated breeding value, parental coancestry and progeny inbreeding to help maximize genetic gains. In: *Proc. 1st Assoc. Adv. Anim. Breed. Genet.*, 13:412-415. 1999.
- MEUWISSEN, T.H.E. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.*, v.75, p.934-940, 1997.
- PRICE, K.V.; STORN, R.M.; LAMPINEN, J.A. **Differential evolution – a practical approach to global optimization**. Springer. 538p. 2005.
- SORENSEN, M. K.; SORENSEN, A. C.; BORCHENSEN, S.; BERG, P. Consequences of using EVA software as a tool for optimal genetic contribution selection in Danish Holstein. In: *Proc. 8th Word Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.*, (CD-ROM). 2006.
- WEIGEL, K. A. Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. *J. Dairy Sci.*, v.84, p.E177-E184, 2001.
- WOOLLIAMS, J. A.; THOMPSON, R. 1994. A theory of genetic contributions. In: *Proc. 5th Word Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.*, 25:127-134. 1994.