



DESENVOLVIMENTO DE ALGORITMO PARA DEFINIR LOTES DE ACASALAMENTOS EM REBANHOS FECHADOS

Alisson Gabriel **Santos**¹; Júlia de Paula Soares **Valente**²; Joslaine Noely dos Santos Gonçalves **Cyrillo**³; Mario de Paula Soares **Filho**⁴; Maria Eugênia Zerlotti **Mercadante**⁵.

Nº 24710

RESUMO – O objetivo do presente estudo foi desenvolver e avaliar algoritmos para a definição de lotes de acasalamento, para minimizar a endogamia e promover a diversidade genética em rebanhos fechados. Foram implementados dois algoritmos gananciosos e um algoritmo genético. Os resultados indicaram que os algoritmos gananciosos e o algoritmo genético superaram o método manual de definição de lotes de acasalamentos. Quando comparado com o método manual, os algoritmos reduziram o coeficiente de endogamia dos lotes de acasalamento, sendo que o algoritmo genético apresentou o melhor desempenho geral. Além dos algoritmos, foi desenvolvida uma plataforma web em PHP e JavaScript, que oferece uma interface amigável para a entrada, processamento e visualização dos dados. A plataforma permite a inclusão manual ou por meio de arquivos Excel dos lotes de acasalamento, o processamento automático dos lotes de acasalamento e a visualização dos resultados, incluindo gráficos de distribuição e outros indicadores relevantes. A eficácia dos algoritmos e a funcionalidade da plataforma sugerem que a aplicação de técnicas de otimização pode contribuir significativamente para os programas de melhoramento genético animal. As próximas etapas incluem a implantação da plataforma web em um servidor web conjuntamente à sua abertura para o público geral e a implementação de novas funcionalidades na plataforma para aprimorar ainda mais a precisão e a eficiência do processo de seleção.

Palavras-chaves: algoritmos de otimização, endogamia, algoritmo genético, rebanhos fechados, melhoramento genético, plataforma web.

¹Bolsista CNPq (PIBIC): Graduando em Análise e Desenvolvimento de Sistemas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR; alisson.gabriel@ufpr.br.

²Doutoranda em Ciência Animal, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal-SP; julia.valente@unesp.br

³Pesquisador Científico, Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de P&D Bovinos de Corte, Sertãozinho-SP; jgcyrillo@sp.gov.br

⁴Professor Efetivo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR; paulasoares@ufpr.br

⁵Pesquisador Científico, Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de P&D Bovinos de Corte, Sertãozinho-SP; maria.mercadante@sp.gov.br



ABSTRACT – *The objective of the present study was to develop and evaluate algorithms for defining mating lots, to minimize inbreeding and promote genetic diversity in closed herds. Two greedy algorithms and a genetic algorithm were implemented. The results indicated that the greedy algorithms and the genetic algorithm outperformed the manual method of defining mating batches. When compared with the manual method, the algorithms reduced the inbreeding coefficient of the mating lots, with the genetic algorithm showing the best overall performance. In addition to the algorithms, a web platform was developed in PHP and JavaScript, which offers a user-friendly interface for data entry, processing and visualization. The platform allows the manual inclusion or through Excel files of mating batches, automatic processing of mating batches and visualization of results, including distribution graphs and other relevant indicators. The effectiveness of the algorithms and the functionality of the platform suggest that the application of optimization techniques can significantly contribute to animal genetic improvement programs. The next steps include deploying the web platform on a web server in conjunction with opening it to the general public and implementing new features on the platform to further improve the accuracy and efficiency of the selection process.*

Keywords: *optimization algorithms, inbreeding, genetic algorithm, closed herds, genetic improvement, web platform.*

1. INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento genético animal o controle da endogamia dos animais é uma preocupação crescente, principalmente em rebanhos fechados. Os rebanhos fechados são grupos de animais de uma mesma raça, em que as matrizes e os reprodutores são selecionados internamente, de modo a atender às necessidades de reprodução, reposição e produção sem a entrada de animais externos. Essa prática tem como objetivo controlar e monitorar a genética, a saúde e o desempenho dos animais, garantindo a preservação e melhoria das características desejáveis dentro do rebanho. No entanto, o acasalamento entre animais aparentados pode levar a diminuição da variabilidade genética, uma vez que a escolha dos reprodutores está limitada aos indivíduos existentes dentro do mesmo rebanho (CHARLESWORTH & WILLIS, 2009). O alto grau de endogamia pode aumentar a probabilidade de expressão de genes recessivos indesejáveis, predispondo os animais a doenças hereditárias, a características indesejáveis e ao aumento da mortalidade nos primeiros dias de vida (GUTIÉRREZ-REINOSO et al, 2020), tornando os animais menos adaptáveis a mudanças ambientais, e a longo prazo, comprometendo a produtividade e a viabilidade econômica do rebanho.



Para minimizar o avanço da endogamia uma solução seria o desenvolvimento de ferramentas eficazes para auxiliar na tomada de decisões relacionadas ao acasalamento, principalmente quando a seleção dos reprodutores é feita manualmente. Uma possibilidade é o desenvolvimento de softwares que utilizam algoritmos de otimização. Esses softwares são capazes de identificar os acasalamentos mais adequados, evitando o aumento da consanguinidade e promovendo a diversidade genética dentro do rebanho. Nesse contexto, o objetivo do presente estudo foi desenvolver e avaliar algoritmos para a definição de lotes de acasalamento, para minimizar a endogamia e promover a diversidade genética em rebanhos fechados.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1. Visão geral do programa

A aplicação web que foi desenvolvida é capaz de selecionar, dentro de um rebanho bovino fechado, quais vacas e touros deverão ser designados para determinados lotes de acasalamento durante a estação de monta. Para a realizar a seleção dos reprodutores pelo algoritmo, os dados requeridos são a identificação dos touros e vacas que serão utilizados como reprodutores, o ano de nascimento da vaca, e o coeficiente de endogamia esperado para o produto do acasalamento entre todas as vacas e todos os touros selecionados para a estação de monta. Também foram implementados diferentes métodos para estabelecer os melhores lotes de acasalamento, que podem ser escolhidos pelo usuário. Todos os métodos podem ser utilizados no mesmo grupo de dados para que se tenha uma visão mais ampla acerca das possíveis combinações de acasalamento que podem ser feitas.

Uma vez que os lotes acasalamentos estejam definidos, é possível visualizar os dados por em aplicação web, que disponibiliza uma tabela para cada lote. Os lotes de monta são compostos por um touro e todas as vacas escolhidas para compor o lote. Além das identificações do touro e das vacas o coeficiente de endogamia médio do lote, o desvio padrão do coeficiente e gráfico da curva de distribuição dos coeficientes de endogamia são fornecidos pela aplicação. O usuário consegue gerar e baixar um arquivo Excel (.xlsx) com os dados já tratados e organizados. Para ter acesso às ferramentas disponibilizadas pela aplicação, é requerido que o usuário se cadastre no sistema, utilizando seu e-mail.

2.2. Descrição do sistema

Os algoritmos de seleção foram implementados utilizando a linguagem de programação Python, conhecida por ser uma ferramenta amplamente empregada para análise de dados no meio



acadêmico e que possui uma série de bibliotecas livres para ajudar na leitura e tratamento dos dados utilizados.

Dentre as bibliotecas utilizadas para a criação dos algoritmos gananciosos, tanto a Pandas (<https://pandas.pydata.org/>) quanto a Numpy (<https://numpy.org/>), foram utilizadas por disponibilizar uma série de operações e funções otimizadas e próprias para a manipulação de tabelas e dados. A biblioteca Matplotlib (<https://matplotlib.org/>) também foi usada para criar gráficos que possibilitaram a visualização dos resultados dos lotes de acasalamento de forma mais visual. Já para o desenvolvimento do algoritmo genético, a biblioteca PyGAD (<https://pygad.readthedocs.io>) foi empregada.

Já a aplicação web foi desenvolvida utilizando as linguagens de programação PHP e JavaScript, juntamente com banco de dados MySQL para manter os dados da aplicação. A biblioteca DataTables (<https://datatables.net/>) do JavaScript foi empregada ao desenvolvimento do site com o objetivo de facilitar a visualização de tabelas por parte do usuário final, com a framework Bootstrap (<https://getbootstrap.com/>), que possibilita uma maior responsividade por parte do sistema e uma maior estilização do projeto de forma a fazer com que o sistema seja mais agradável e intuitivo.

O projeto foi desenvolvido para ser utilizado por meio dos navegadores de internet para desktop mais populares atualmente (Tabela 1).

Tabela 1. Versão mínima dos navegadores que suportam a aplicação.

Navegador	Versão Mínima Suportada
Mozilla Firefox	38
Google Chrome	45
Microsoft Edge	12
Internet Explorer	10
Opera	30

A entrada de dados no sistema pode ser feita manualmente, informando os lotes e os animais existentes individualmente por meio dos formulários. O sistema também suporta a entrada automática de dados em planilhas de Excel, para melhorar a usabilidade do sistema. A aplicação suporta arquivos de planilha .xlsx, .ods, .xls e .csv.



2.3. Métodos implementados

Com o coeficiente de endogamia resultante de cada um dos possíveis acasalamentos entre os touros e as vacas disponíveis para a estação de monta, o método manual dos lotes de acasalamentos não segue um procedimento protocolar ou modelo matemático padronizado. Essa falta de padronização impede que, ao longo das gerações, o aumento da endogamia entre os animais seja controlado dentro dos rebanhos.

As soluções geradas pelo método manual para a definição dos lotes de acasalamento foram utilizadas como indicadores da qualidade das soluções que os algoritmos poderiam produzir. Para isso, comparamos as soluções propostas, por meio do coeficiente de endogamia médio dos lotes, de desvio padrão do coeficiente de endogamia, da número de animais distribuídos em cada lote e da distribuição das vacas por idade em cada lote. Diversas abordagens de definição dos lotes foram testadas durante o período de desenvolvimento, incluindo Algoritmos de Programação Linear, Algoritmos Gananciosos com e sem Balanceamento, Algoritmos Genéticos, Algoritmos de Otimização por Colônia de Formigas, Algoritmos de Monte Carlo, entre outros. E levando em consideração fatores como a complexidade algorítmica, o tempo de execução e comparando os resultados entre os algoritmos e as amostras já selecionadas, foi possível avaliar a eficácia de cada abordagem e selecionar qual delas seria implementada na plataforma. Dentre os algoritmos testados, os que apresentaram melhores resultados seguiram a abordagem de algoritmo ganancioso com balanceamento e de algoritmo genético.

Os algoritmos gananciosos são caracterizados por dividir o problema global em problemas locais menores, com a finalidade de encontrar a melhor solução possível para cada um dos problemas locais, com base em algum critério de otimização. Em outras palavras, um algoritmo ganancioso faz a melhor escolha para cada subproblema, na perspectiva de que essa série de ótimas escolhas locais conduza a uma solução global ótima (PARBERRY, 1994). Já os algoritmos genéticos são uma meta-heurística⁶ inspirada no mecanismo evolutivo da seleção natural proposta por Charles Darwin. Eles são usados para encontrar soluções aproximadas para problemas complexos, onde métodos tradicionais podem ser menos eficientes. Nessa abordagem, são geradas populações de n soluções por geração, cada uma das soluções passa por uma função, regularmente chamada de função *fitness*, que define sua aptidão para seguir para as próximas gerações de acordo com parâmetros predefinidos. O algoritmo genético também mimetiza outros elementos da seleção natural além da seleção, como o cruzamento, a mutação e o elitismo entre a

⁶ É um procedimento iterativo proprietário que guia e modifica operações das heurísticas que lhe são subordinadas de forma a, eficientemente, produzir soluções de alta qualidade. Ela pode manipular soluções ou coleções de soluções completas ou parciais a cada iteração. (VOß, et al, 1999)



população de soluções. Ao fim de determinado número de gerações, o algoritmo define a solução mais apta encontrada de acordo com a função de *fitness*.

2.3.1. Algoritmo ganancioso minimizando endogamia média geral

O algoritmo ganancioso minimizando endogamia média geral foi projetado para distribuir vacas entre diferentes lotes de forma a minimizar o coeficiente de endogamia geral dos lotes. Primeiro, determina-se o número de lotes e vacas presentes no banco de dados recebido, e calcula-se o número mínimo de vacas que deveriam ser distribuídas por lote. Enquanto isso, ordena-se os acasalamentos de acordo com os coeficientes de endogamia do produto entre touro e vaca, previamente calculado.

Em seguida, os acasalamentos com coeficiente de endogamia igual a zero são separados e atribuídos a outro subconjunto, deixando o restante dos acasalamentos no subconjunto principal. Novamente, o número de touros e vacas são recalculados para o subconjunto principal e para o subconjunto de coeficiente zero, e o algoritmo determina quantas vacas deveriam ser distribuídas para cada touro a partir dos subconjuntos, formando os lotes de acasalamento com menor valor do coeficiente de endogamia médio geral.

2.3.2. Algoritmo ganancioso minimizando endogamia média por lote

O algoritmo ganancioso minimizando endogamia média por lote foi desenvolvido para minimizar o valor médio do coeficiente de endogamia em cada lote de acasalamento. Primeiro, o banco de dados de entrada é ordenado com base no coeficiente de endogamia. Assim, os dados são preparados para que as vacas sejam selecionadas em uma ordem específica durante o processo de distribuição. Em seguida, o algoritmo calcula o número mínimo de vacas que devem ser alocadas para cada lote, tentando distribuir igualmente o número de vacas em cada lote.

Diferentemente do primeiro algoritmo, esse calcula a média do coeficiente de endogamia para cada touro presente no banco de dados de entrada. Com base nessa média, os touros são ordenados crescentemente. Para distribuir as vacas entre os lotes, o algoritmo itera sobre os touros na ordem determinada previamente, e para cada lote, é atribuída uma vaca por vez. A seleção é feita escolhendo a vaca com o menor coeficiente de endogamia que não foi selecionada por outro lote. As vacas selecionadas são armazenadas em *DataFrames* intermediários.

Após completar a distribuição dos acasalamentos, o algoritmo concatena todos os bancos de dados intermediários em um único, e o retorna uma tabela única.



2.3.3. Distribuição com base em idade das vacas

No algoritmo desenvolvido para distribuir os lotes de acasalamentos com base na idade das vacas, é considerado tanto o coeficiente de endogamia quanto a idade das vacas como critérios de seleção. Inicialmente, o banco de dados recebido é ordenado com base na data de nascimento e no identificador da vaca, garantindo que as vacas sejam agrupadas por idade crescente.

Aqui o usuário pode escolher os intervalos de tempo em que serão utilizados para definir os bancos de dados intermediários, podendo optar por intervalos a cada certo número de anos, ou definir a porcentagem do banco de dados original que será utilizada para repartir os acasalamentos em subgrupos.

Utilizando como exemplo a escolha do usuário em utilizar subgrupos correspondentes a 25% dos dados originais, o banco de dados é dividido em quatro partes distintas com base na idade das vacas. Cada uma dessas partes representa um quarto dos acasalamentos possíveis, com os primeiros 25% contendo as vacas mais jovens e os últimos 25% as vacas mais velhas. Cada um desses subgrupos é processado por algum dos algoritmos apresentados anteriormente de acordo com a escolha do usuário. Por fim, o algoritmo retorna os subconjuntos concatenados com os acasalamentos designados para cada lote.

2.3.4. Algoritmo genético

Após os testes de otimização, definiu-se que o algoritmo deve rodar 50 vezes e para cada rodada do algoritmo genético tem 50 gerações, e cada geração possui 100 possíveis soluções. Isso totaliza 2500 iterações, em cada uma delas, o algoritmo avalia todas as 100 possíveis soluções por meio da função de *fitness*. Por conta do custo computacional elevado do algoritmo genético, optamos por estruturar as soluções de forma diferente. Aqui, as soluções são dadas por uma lista que contém n posições, sendo n o número de vacas existentes, cada posição dessa lista pode assumir um valor entre 0 a $m-1$, sendo m o número de touros existentes.

A função *fitness* desenvolvida realiza algumas operações com base nos parâmetros definidos para retornar o quão apta uma solução está. Começando pelo somatório do coeficiente de endogamia de todos os acasalamentos propostos pela solução e multiplicando o resultado por 15, para que essa variável tenha maior peso na seleção. Em seguida, calcula-se a diferença total entre quantos acasalamentos cada lote possui e quantos acasalamentos cada lote deveria ter. A diferença entre o observado e o esperado é multiplicada pelo desvio padrão do coeficiente de endogamia, para que seu peso seja amenizado, o que possibilita uma margem de troca de acasalamentos entre os lotes ao decorrer das gerações.



Caso hajam acasalamentos com coeficiente igual a zero, o mesmo processo ocorre, mas sem a multiplicação pelo coeficiente de endogamia, pois o objetivo desse parâmetro é garantir que todos os touros possuam um número parecido de vacas com coeficiente zero. Por fim, caso o usuário opte por utilizar a idade como um parâmetro, é calculado o desvio padrão da média do ano de nascimento das vacas de cada lote. Por fim, fazemos a somatória absoluta dos parâmetros com seus pesos e se retorna esse valor multiplicado por -1, pois na biblioteca utilizada, a PyGAD quanto menor o resultado da *fitness*, mais apta a solução é.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Até o presente momento, os algoritmos de seleção implementados encontram-se funcionais, sendo capazes de obter ótimas soluções para os problemas propostos. A plataforma que integra os algoritmos de seleção traz uma interface amigável ao usuário com funcionalidades básicas implementadas. Por ser uma plataforma web, desenvolvimento é contínuo e ainda receberá diversas atualizações com outras funcionalidades, aperfeiçoamentos e correções.

3.1. Exemplo de Uso do Algoritmo

Utilizou-se dados gerados *in silico*⁷ para demonstrar como a plataforma e os algoritmos funcionam. Nos dados gerados, assumimos que existam sete touros, sendo que cada touro irá compor um lote de acasalamento, e 165 vacas a serem distribuídas entre esses lotes. O coeficiente de endogamia de cada acasalamento foi um número gerado aleatoriamente entre 0,0 e 0,1755, com uma média endogâmica geral de aproximadamente 0,038 para os dados não tratados e um desvio padrão de aproximadamente 0,035. Esses dados foram gerados com o fim de simular os lotes com o registro fictícios de touros e vacas.

Tabela 2. Exemplo dos dados gerados *in silico*.

TOURO	VACA	COEF	NASC
2170985	2072002	0,0697	2007
2170985	2072940	0,1139	2007
2170985	2074341	0,1255	2007
2170985	2075467	0,1182	2007
...

⁷ Expressão utilizada no contexto da simulação computacional e áreas afins para indicar algo ocorrido "dentro ou por meio de uma simulação computacional"



Neste caso, foram criados 7 arquivos excel (.xlsx), com tabelas possuindo o mesmo cabeçalho. Um arquivo para cada lote. Mas também há a possibilidade da criação de apenas um arquivo, com apenas um cabeçalho que possui os dados de todos os touros um abaixo do outro.

Assumindo que o usuário já esteja previamente cadastrado na plataforma e que esteja logado, ele pode acessar o Painel de Controle, onde se encontram algumas ações possíveis. Nessa tela, o usuário pode ver os acasalamentos que ele já possui, os acasalamentos que já foram processados e também os animais cadastrados pelo usuário até então.

Há então a possibilidade de incluir um novo “acasalamento”, apenas fornecendo seu nome. Uma vez criado, o usuário terá a possibilidade de deletá-lo, alterá-lo ou gerenciá-lo. Ao clicar em gerenciar, uma nova tela se abre contendo uma tabela com os lotes que o arquivo de acasalamentos possui. O usuário pode importar lotes do excel, processar os lotes ou incluir os lotes manualmente. Para esse exemplo, incluiu-se os lotes manualmente.

Seguindo pela última opção, a de incluir vacas, se abre uma tabela abaixo da tabela de lotes, onde se encontram todas as vacas que estão no lote. Pode-se incluir cada vaca individualmente, copiar de outro lote pré-existente ou importar de um arquivo excel, nesse exemplo importou-se os dados que foram gerados *in silico* anteriormente. Uma vez com todos os lotes informados, pode-se processá-los, apenas escolhendo o método utilizado para realizar a seleção e quais lotes devem ser levados em consideração para a realização do processamento.

Uma vez realizado o processamento, o usuário é redirecionado para a tela de lotes processados, onde pode-se ver a qual lote cada vaca foi atribuída. Nessa mesma tela é possível ver a média endogâmica, o desvio padrão do coeficiente de endogamia e o gráfico distribuição interativo de cada lote. Também é possível de se exportar esses dados, gerando uma planilha Excel (.xlsx).

3.2. Eficiência dos Algoritmos

A análise da eficiência dos algoritmos foi realizada comparando os resultados obtidos por diferentes métodos de seleção em relação ao coeficiente de endogamia médio e ao desvio padrão. Os dados gerais *in silico* apresentam uma média endogâmica de aproximadamente 0,038 e um desvio padrão de 0,035. Em contraste, os resultados para a seleção manual, o algoritmo ganancioso minimizando a endogamia média geral, e o algoritmo genético se mostram na Tabela 3.



Tabela 3. Exemplo dos dados gerados *in silico*.

Método de Seleção	Média	Desvio padrão
Manual	0,0277	0,0172
2.3.1 Algoritmo Ganancioso	0,02663	0,0174
2.3.2 Algoritmo Ganancioso	0,02712	0,0175
2.3.3 Algoritmo genético	0,02607	0,0148

Comparando os resultados, é possível observar que todos os algoritmos (gananciosos e genético) apresentaram uma menor média de coeficiente endogâmico em comparação com a seleção manual. Especificamente, o algoritmo genético mostrou a melhor performance, com a menor média de coeficiente endogâmico (0,02607) e o menor desvio padrão (0,0148). Os algoritmos gananciosos, embora tenham uma média ligeiramente superior à do algoritmo genético, ainda apresentaram resultados melhores do que a seleção manual, evidenciando uma média de 0,02663 e um desvio padrão de 0,0174. Os resultados sugerem que a utilização de algoritmos de otimização pode melhorar significativamente a eficiência na seleção de acasalamentos em rebanhos fechados, minimizando a endogamia de forma mais eficaz do que a abordagem manual.

Por fim, vale ressaltar que por sua natureza meta-heurística, o algoritmo genético, diferentemente dos demais, não obrigatoriamente apresentará sempre os mesmos resultados quando instanciado para processar a mesma amostra de dados, uma vez que em sua lógica, avalia múltiplas soluções aleatórias, cruza os dados e tenta melhorar as soluções a partir dos resultados de sua avaliação. Por conta disso, é possível na maioria das vezes o algoritmo caia em um mínimo local⁸, que apesar de não apresentar um resultado ruim, pode não ser o melhor possível.

4. CONCLUSÃO

O desenvolvimento deste estudo trouxe os avanços esperados na otimização de acasalamentos em rebanhos fechados, com o objetivo de minimizar a endogamia e promover a diversidade genética. A implementação dos algoritmos ganancioso e genético mostrou-se eficaz, superando a seleção manual em termos de redução do coeficiente de endogamia. O algoritmo genético destacou-se pela sua precisão, alcançando resultados melhores que os demais métodos. Também deve-se levar em consideração o tempo de seleção, uma vez que o trabalho tenha se

⁸ Um mínimo local em inteligência artificial é um ponto onde um algoritmo de otimização encontra um valor mínimo, mas que não é o menor valor possível em todo o espaço de solução.



computadorizado, o tempo para a realização desse trabalho também se encontra otimizado. A plataforma desenvolvida, baseada em PHP e JavaScript e projetada para ser acessível via web, oferece uma interface intuitiva que facilita a entrada e visualização dos dados, atingindo os objetivos esperados até o presente momento. Os resultados obtidos reforçam a importância de integrar técnicas de otimização avançadas tanto em programas de melhoramento genético animal quanto nos trabalhos pecuários. A plataforma não apenas aprimora a precisão na seleção dos reprodutores, mas também assegura um controle contínuo sobre a variabilidade genética dos rebanhos.

5. AGRADECIMENTOS

Este estudo foi apoiado financeiramente pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico (CNPq) e pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES; Código de Financiamento 001).

6. REFERÊNCIAS

CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J.H. The genetics of inbreeding depression. *Nature reviews genetics*, v. 10, n. 11, p. 783-796, 2009.

GUTIÉRREZ-REINOSO, M.A.; APONTE, P.M., CABEZAS, J.; RODRIGUES-ALAVAREZ, L.; GARCIA-HERREROS, M. Genomic evaluation of primiparous high-producing dairy cows: Inbreeding effects on genotypic and phenotypic production–reproductive traits. *Animals*, v.10, n.9, p.1704, 2020.

PARBERRY, I. *Problems on Algorithms*. Prentice Hall; Facsimile edition (Jan. 1 1995).

VOß, S.; MARTELLO, S.; OSMAN, I.H.; ROUCAIROL, C. (ed.). *Meta-heuristics: Advances and trends in local search paradigms for optimization*. Springer; 1999th edition (Nov. 30 1998).

HAUPT, R.L.; HAUPT, S.E. *Practical genetic algorithms*. Wiley-Interscience; 2 edition (May 31 2004).