

Acasalamento estratégico na seleção assistida por marcadores utilizando análise multivariada¹

Marcelo Jangarelli²

<http://dx.doi.org/10.1590/0034-737X201461040001>

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar o acasalamento seletivo utilizando a distribuição dos valores extremos, entre outras estratégias de acasalamento, na capacidade de otimizar o incremento fenotípico da característica sob seleção assistida por marcadores. Foi utilizada a análise multivariada de agrupamento para comparar estratégias de acasalamento, por meio da aplicação do método de Tocher. O sistema de simulação genética Genesys foi utilizado para a simulação de três genomas, cada qual com uma única característica cuja distinção estava no valor da herdabilidade, e das populações base e inicial. Cada população inicial foi submetida à seleção assistida por marcadores por 20 gerações consecutivas. Para avaliação das estratégias foi estimado o valor fenotípico, em diferentes tamanhos de família, para as três características. Em todos os cenários combinando herdabilidade e tamanho de família, o acasalamento seletivo foi superior aos demais, na capacidade de maximizar o valor fenotípico. O método de Tocher possibilitou diferenciar o acasalamento seletivo das demais estratégias por meio da formação de grupos específicos constituídos por acasalamentos seguindo a distribuição dos valores extremos. A análise multivariada convalidou incrementos fenotípicos ótimos para o acasalamento seletivo, em características quantitativas com valores de herdabilidade de 0,10; 0,40 e 0,70.

Palavras-chave: análise de agrupamento, acasalamento seletivo, herdabilidade, simulação.

ABSTRACT

Strategic mating in marker-assisted selection using multivariate analysis

The objective of this work was to evaluate selective mating using the distribution of extreme values, among other mating strategies, on its ability to optimize the phenotypic increment of the characteristic under marker-assisted selection. The multivariate analysis was used to compare the mating strategies, using the Tocher's method. The genetic simulation system (Genesys) was used to simulate three genomes (each one with a single characteristic distinguished by the heritability) and the base and initial populations. Each initial population was subjected to marker-assisted selection for 20 consecutive generations. The evaluation of the strategies was based on the estimates of the phenotypic value, in different family sizes, for the three characteristics. In all scenarios, when combining heritability and family sizes, the selective mating was superior to the others in the ability to maximize the phenotypic value. The Tocher's method made it possible to differentiate the selective mating from the other strategies through the formation of specific groups consisting of matings that followed the distribution of extreme values. The multivariate analysis confirmed optimum phenotypic increments for the selective mating, for quantitative traits with heritabilities of 0.10; 0.40 and 0.70.

Key words: cluster analysis, selective mating, heritability, simulation.

Recebido para publicação em 04/03/2013 e aprovado em 10/10/2013.

¹ Trabalho desenvolvido com apoio financeiro da FAPERJ.

² Zootecnista, Doutor. Departamento de Matemática, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Campus Seropédica, Rodovia Br-465, km 7, 23890-000, Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil. gmejanga@hotmail.com (autor para correspondência).

INTRODUÇÃO

No delineamento de um programa de melhoramento genético, acasalamentos dirigidos que permitem a utilização racional dos indivíduos (plantas e animais) geneticamente superiores compõem estratégias relevantes a serem consideradas (Cardoso *et al.*, 2003; Carneiro *et al.*, 2007). De acordo com Neves *et al.* (2009), a combinação de indivíduos similares ou não-similares, utilizando como critério o fenótipo ou genótipo, figura-se neste cenário de acasalamento dirigido.

O acasalamento seletivo é uma estratégia capaz de aumentar o poder de detecção de locos de características quantitativas (Jin *et al.*, 2004; Rosa, 2007). Este acasalamento segue a metodologia da genotipagem seletiva por fazer uso da distribuição dos valores extremos. Nele são utilizados os indivíduos presentes nos extremos superior e inferior da distribuição normal de um parâmetro genético ou fenotípico avaliado na população experimental (Ruy *et al.*, 2005).

No melhoramento genético, diversos programas foram delineados com a finalidade de maximizar a difusão de material genético superior. Entretanto, o desenvolvimento e a intensificação na utilização de novas técnicas e métodos de seleção contribuíram não apenas para acelerar o progresso genético, mas também para o acréscimo dos níveis endogâmicos na população, o que minimizou o incremento fenotípico obtido ao longo das gerações sob seleção (Jacometo *et al.*, 2010). Estratégias de acasalamento podem contribuir para maximizar o valor fenotípico em programas de seleção por meio da manutenção de maior variabilidade genética entre os indivíduos.

Na busca pela avaliação e identificação de estratégias de acasalamento similares podem-se empregar métodos de agrupamento. A análise de agrupamento é uma técnica da estatística multivariada que permite classificar unidades amostrais (indivíduos/tratamentos) em categorias similares (Ferreira, 2008). As mensurações provenientes da estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos poderão ser utilizadas como medidas de variáveis classificatórias, possibilitando o agrupamento de unidades que resultem em estimativas semelhantes nos parâmetros considerados. O processo de agrupamento requer a estimação prévia de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre as unidades amostrais (Nascimento *et al.*, 2011).

Objetivou-se com este trabalho avaliar o acasalamento seletivo utilizando a distribuição dos valores extremos, entre outras estratégias de acasalamento, quanto à capacidade de otimizar o incremento fenotípico na seleção assistida por marcadores, via processo de simulação, por meio da aplicação da análise multivariada de agrupamento nos valores fenotípicos estimados em características de baixa, média e alta herdabilidade.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados neste trabalho dados simulados pelo programa de simulação genética Genesys (*Genetic System*, versão 2009) (Euclides, 2009). Esse sistema, escrito na linguagem de programação FORTRAN, permite a simulação de genomas complexos, o que possibilita o estudo de populações seguindo pressuposições genéticas e estatísticas de interesse, no que se refere à avaliação de novas metodologias e técnicas de seleção.

Foram simulados três genomas hipotéticos, separadamente, cuja distinção estava no valor da herdabilidade da característica. Cada genoma foi constituído de uma única característica quantitativa com herdabilidade de 0,10; 0,40 e 0,70. Cada genoma proposto estava caracterizado geneticamente: apresentava 958 centiMorgan (cM) de extensão; os marcadores moleculares foram dispostos estrategicamente a cada cinco cM, totalizando 191 marcadores; 200 locos quantitativos (QTL) associados à característica, distribuídos ao longo de 40 cromossomos de tamanho aleatório; os efeitos aditivos dos QTL foram simulados seguindo a distribuição normal dos dados fenotípicos; os locos quantitativos foram dialélicos e não possuíam desvios de dominância e nem epistasia; os efeitos de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal; os dados fenotípicos simulados apresentaram média de 10,00 unidades e desvio padrão de 2,00 unidades. Conforme a caracterização do genoma, na tentativa de simplificar a ação gênica pela não ocorrência de dominância e epistasia, o valor da herdabilidade da característica mencionado refere-se à herdabilidade no sentido restrito.

Para cada estrutura genômica simulada foi construída uma população base composta de 500 machos e 500 fêmeas (1.000 indivíduos), não aparentados entre si. Com os 1.000 descendentes escolhidos aleatoriamente em cada população base, obtidos do cruzamento de 100 machos e 100 fêmeas (uma fêmea/macho), produzindo 10 filhos/fêmea/macho (1.000 indivíduos), formaram-se as populações iniciais. Cada população inicial foi submetida à seleção assistida por marcadores por 20 gerações consecutivas com 20 repetições, visando minimizar os efeitos da flutuação genética. A seleção foi conduzida com a finalidade de incrementar o valor fenotípico.

A partir de cada população inicial, os reprodutores foram selecionados com base em seus genótipos, de acordo com o número de marcadores moleculares identificados que estariam associados aos locos quantitativos. Dessa forma, os genitores eleitos em cada geração representavam os indivíduos com maior número de marcadores estatisticamente associados aos QTL, de acordo com o método estatístico e o nível de significância preestabelecido na análise de QTL. O algoritmo de simulação gené-

tica Genesys utiliza o método da marca simples para identificar associações entre marcadores e locos quantitativos na seleção assistida por marcadores moleculares. Esse método verifica a associação entre cada marcador e a característica de interesse, por meio da análise de regressão linear entre os genótipos dos marcadores e os valores fenotípicos dos descendentes dos acasalamentos. Adotou-se a significância de 0,05 na regressão linear simples.

A cada geração, os dez machos e as dez fêmeas (uma fêmea/macho) que obtiveram os melhores desempenhos (maior número de marcadores associados aos QTL) foram acasalados. O número de progênies em cada cruzamento foi dependente do tamanho de família: 10, 20, 30, 40 e 50, o que correspondeu a 10, 20, 30, 40 e 50 descendentes em dez acasalamentos (uma fêmea/macho), respectivamente. Esses descendentes formavam a geração seguinte.

Na seleção assistida por marcadores foram comparadas três estratégias de acasalamento nos cinco tamanhos de família mencionados. Avaliou-se o acasalamento seletivo entre os genitores, seguindo o princípio da genotipagem seletiva (distribuição dos valores extremos). Nessa estratégia, os machos e as fêmeas selecionados foram ordenados separadamente, com base no número de marcadores associados aos locos quantitativos. O acasalamento foi realizado entre os indivíduos posicionados nos extremos opostos. Procedeu-se o acasalamento entre os machos com os melhores desempenhos com relação à identificação de marcadores ligados aos QTL, referidos como os melhores (localizados no extremo superior de sua classificação) e as fêmeas com os piores desempenhos na identificação de marcadores, referidas como as piores (localizadas no extremo inferior de sua classificação), e vice versa (piores machos *versus* melhores fêmeas). Outras duas estratégias foram comparadas. Na primeira, entre os indivíduos selecionados, acasalaram-se os machos e as fêmeas com melhores desempenhos na identificação de marcadores e, também, os machos e as fêmeas com desempenhos inferiores na detecção de marcadores associados aos QTL, mencionados como os piores. Na segunda estratégia os reprodutores selecionados foram acasalados aleatoriamente.

O número de genitores selecionados (20 – dez machos e dez fêmeas) foi mantido ao longo das gerações sob seleção assistida por marcadores. Dessa forma, obtida a população inicial para cada genoma (por nível de herdabilidade da característica), combinaram-se as três estratégias de acasalamento e os cinco tamanhos de família mencionados, o que totalizou quinze estratégias, ou seja, avaliou-se cada acasalamento nos cinco tamanhos considerados. A seleção assistida por marcadores foi simulada para cada estratégia, resultando em 15 seleções, todas partindo do mesmo valor fenotípico (10 unidades).

Para comparação das estratégias de acasalamento adotadas na seleção assistida por marcadores foram estimadas as médias dos valores fenotípicos. Entre as 20 gerações foram estimadas quatro médias, correspondendo aos valores fenotípicos médios entre a 1^a e 5^a, 6^a e 10^a, 11^a e 15^a, e 16^a e 20^a geração.

Com o propósito de identificar grupos homogêneos entre as estratégias de acasalamento foi utilizada a análise multivariada de agrupamento, por meio da aplicação do método de otimização de Tocher, separadamente, em cada nível de herdabilidade. No método de Tocher, realizou-se a partição das unidades amostrais (tratamentos/estratégias de acasalamento), em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de um critério preestabelecido. Adotou-se o critério de manter a distância média intragrupos (dentro de cada grupo) sempre inferior a qualquer distância intergrupos (entre grupos) (Ferreira, 2008; Nascimento *et al.*, 2011). As 15 estratégias de acasalamento representavam os tratamentos. Cada intervalo médio estimado do valor fenotípico representou uma variável, o que totalizou quatro variáveis. As médias dos intervalos foram utilizadas com a finalidade de reunir estratégias de acasalamento similares, com semelhança no padrão de comportamento/resposta em relação às gerações sob seleção assistida por marcadores. A distância euclidiana média foi utilizada no método de Tocher para quantificar as dissimilaridades entre os tratamentos (estratégias de acasalamento). Essa medida de dissimilaridade não é influenciada pelo número de variáveis consideradas, sendo bastante difundida em programas de melhoramento genético.

Foi utilizado o Sistema para Análises Estatísticas e Genéticas (SAEG), descrito por Ribeiro Junior & Melo (2008), para as análises multivariadas processadas em cada nível de herdabilidade (0,10; 0,40 e 0,70).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos valores fenotípicos médios nas gerações iniciais (1-5^a geração) evidenciaram semelhança entre as estratégias de acasalamentos para a característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,10$), em todos os tamanhos de família (Tabela 1). Contudo, a partir das gerações intermediárias, ganhos fenotípicos superiores foram observados ao adotar o acasalamento seletivo entre os melhores e os piores genitores selecionados (distribuição dos valores extremos – MP), independente do tamanho de família. A longo prazo (gerações finais – 16-20^a geração) essa superioridade do acasalamento seletivo tornou-se mais expressiva em analogia às demais estratégias. A comparação dos acasalamentos ao acaso (AA) com os acasalamentos entre os melhores (MM) permitiu observar uma relativa correspondência no incremento fenotí-

pico, com pequena vantagem para o acasalamento entre os melhores, especialmente nas gerações intermediárias/ finais (11-20ª geração).

O número de indivíduos e a variabilidade genética da população interferem no poder de detecção de locos quantitativos em um programa de melhoramento. Acasalamentos que envolvam indivíduos divergentes geneticamente, a exemplo da distribuição dos valores extremos, contribuem para otimizar os programas de seleção (Bhering & Cruz, 2008). Segundo Bovenhuis & Spelman (2000), Ruy *et al.* (2005) e Rosa (2007), é aceitável que a aplicação da distribuição dos valores extremos no acasalamento seletivo proporcione melhores resultados para a característica sobre a qual os indivíduos foram selecionados por favorecer a divergência genotípica. Indivíduos geneticamente divergentes são mais informativos para detecção de locos quantitativos. Na distribuição normal para determinado caráter quantitativo, as progênies com valores fenotípicos de mais de um desvio padrão da média representam aproximadamente 33% de toda a população. Esse percentual contribui com 81% de toda a informação necessária para a ligação de marcador e locos quantitativos (van Gestel *et al.*, 2000). Em contrapartida, indivíduos centrados em posição próxima à média fenotípica da população pouco contribuem (Jin *et al.*, 2004).

Dessa forma, o acasalamento seletivo seguindo a metodologia da genotipagem seletiva favorece a variabilidade genética entre os indivíduos e, indiretamente, beneficia a detecção de locos quantitativos na seleção assistida por marcadores, face aos incrementos fenotípicos superiores. Mesmo em tamanhos de família com grande número de descendentes (40 e 50), em que se tem o acrés-

cimo no número de indivíduos aparentados, essa estratégia seletiva mostrou-se eficiente na tentativa de manter maior variabilidade genética, minimizando o seu decréscimo ao longo das gerações.

A distribuição dos valores extremos (MP) requer menor número de gerações sob seleção assistida por marcadores para se obter ganhos fenotípicos equivalentes aos alcançados com os acasalamentos aleatório e entre os melhores (Tabela 1). Esse acasalamento estratégico também possibilita melhores incrementos fenotípicos quando se compara tamanhos de família diferentes, pois valores fenotípicos obtidos nas gerações finais ao adotar o acasalamento seletivo em famílias com 10 ou 20 descendentes foram similares ou superiores aos incrementos alcançados com as outras duas estratégias de acasalamento, contudo, admitindo famílias com 30, 40 ou 50 descendentes (Tabela 1). Esse fato evidencia a capacidade da distribuição dos valores extremos em reduzir o tamanho da população (número de indivíduos) em programas de melhoramento sem comprometer a detecção de locos quantitativos e o progresso genético na seleção assistida por marcadores, conforme Ruy *et al.* (2005).

Seis grupos distintos foram formados pelo método de Tocher (Tabela 2). Evidenciou-se, com base nos intervalos médios estimados dos valores fenotípicos, a superioridade do terceiro grupo. Ressalta-se que nesse grupo os ganhos fenotípicos foram otimizados por acasalamentos que representavam estratégias envolvendo a distribuição dos valores extremos (MP), em diferentes tamanhos de família (30, 40 e 50 descendentes). Mesmo em famílias com 20 descendentes o acasalamento seletivo foi capaz de distinguir-se das outras duas estratégias, o que de-

Tabela 1. Valores fenotípicos médios e desvios padrão para característica de herdabilidade 0,10

| T | TF | EA | Gerações | | | |
|----|----|----|----------------|----------------|----------------|----------------|
| | | | 1-5 | 6-10 | 11-15 | 16-20 |
| 1 | 10 | AA | 11,372 ± 0,255 | 12,344 ± 0,350 | 12,818 ± 0,421 | 13,198 ± 0,563 |
| 2 | | MM | 11,374 ± 0,252 | 12,482 ± 0,316 | 13,090 ± 0,478 | 13,324 ± 0,554 |
| 3 | | MP | 11,262 ± 0,204 | 12,488 ± 0,394 | 13,180 ± 0,523 | 13,508 ± 0,547 |
| 4 | 20 | AA | 11,514 ± 0,196 | 12,700 ± 0,373 | 13,208 ± 0,631 | 13,440 ± 0,656 |
| 5 | | MM | 11,486 ± 0,192 | 12,662 ± 0,326 | 13,232 ± 0,519 | 13,498 ± 0,650 |
| 6 | | MP | 11,446 ± 0,152 | 12,734 ± 0,569 | 13,402 ± 0,660 | 13,796 ± 0,633 |
| 7 | 30 | AA | 11,592 ± 0,217 | 12,906 ± 0,510 | 13,340 ± 0,594 | 13,502 ± 0,553 |
| 8 | | MM | 11,634 ± 0,187 | 12,870 ± 0,425 | 13,286 ± 0,550 | 13,414 ± 0,583 |
| 9 | | MP | 11,538 ± 0,211 | 13,026 ± 0,435 | 13,764 ± 0,550 | 14,018 ± 0,546 |
| 10 | 40 | AA | 11,722 ± 0,216 | 13,044 ± 0,477 | 13,560 ± 0,540 | 13,652 ± 0,573 |
| 11 | | MM | 11,748 ± 0,177 | 13,140 ± 0,403 | 13,598 ± 0,495 | 13,782 ± 0,576 |
| 12 | | MP | 11,666 ± 0,219 | 13,144 ± 0,447 | 13,778 ± 0,543 | 14,000 ± 0,563 |
| 13 | 50 | AA | 11,772 ± 0,165 | 13,026 ± 0,273 | 13,418 ± 0,528 | 13,584 ± 0,573 |
| 14 | | MM | 11,788 ± 0,200 | 13,090 ± 0,496 | 13,542 ± 0,563 | 13,744 ± 0,561 |
| 15 | | MP | 11,786 ± 0,188 | 13,216 ± 0,368 | 13,792 ± 0,430 | 14,068 ± 0,427 |

T = tratamento; TF = tamanho de família; EA = estratégia de acasalamento (AA = acasalamento ao acaso; MM = acasalamento melhores vs melhores; MP = acasalamento seletivo - distribuição dos extremos).

monstra sua eficiência. Somente para as famílias de menores tamanhos (10) a estratégia seletiva não se diferenciou exclusivamente das demais, resultando em médias compatíveis com o acasalamento entre os melhores (quarto grupo). A distinção na classificação do acasalamento seletivo frente às demais estratégias corrobora a supremacia da distribuição dos valores extremos no sentido de potencializar o progresso fenotípico em um programa de melhoramento genético assistido por marcadores, em especial quando se dispõem de populações com indivíduos consanguíneos, ou seja, populações compostas por famílias com maior número de descendentes.

Submetendo uma população inicial com a mesma estrutura genômica às estratégias de acasalamento sob seleção assistida por marcadores, porém considerando uma característica quantitativa de média herdabilidade ($h^2 =$

0,40), estimaram-se os intervalos médios do parâmetro valor fenotípico (Tabela 3). Os incrementos fenotípicos evidenciaram novamente a eficiência do acasalamento seletivo (MP) sobre as demais estratégias. Ressalta-se que essa superioridade foi iniciada já nas primeiras gerações sob seleção assistida por marcadores. O ganho fenotípico médio foi superior em analogia a característica anterior ($h^2 = 0,10$) por considerar um caráter com maior herdabilidade.

Pela análise multivariada, quatro grupos foram formados pelo método de Tocher (Tabela 4). O acasalamento seletivo mostrou-se eficiente na tentativa de otimizar o valor fenotípico, tendo em vista a superioridade e a constituição do terceiro grupo formado pelo método de Tocher. Diferentemente da característica anterior ($h^2 = 0,10$), no tamanho de família com dez descendentes, a distribuição

Tabela 2. Grupos, limite e distâncias obtidas entre os tratamentos (estratégias de acasalamento) pelo método de Tocher para herdabilidade 0,10

| Número do grupo | Límite (θ) | Distância obtida | Número de tratamentos | Tratamentos pertencentes |
|-----------------|---------------------|------------------|-----------------------|--------------------------|
| 1 | 0,1764 | 0,04 | 2 | 4 ; 5 |
| 1 | 0,1764 | 0,12 | 3 | 4 ; 5 ; 8 |
| 1 | 0,1764 | 0,11 | 4 | 4 ; 5 ; 8 ; 7 |
| 2 | 0,1764 | 0,05 | 2 | 11 ; 14 |
| 2 | 0,1764 | 0,07 | 3 | 11 ; 14 ; 10 |
| 2 | 0,1764 | 0,11 | 4 | 11 ; 14 ; 10 ; 13 |
| 3 | 0,1764 | 0,08 | 2 | 12 ; 15 |
| 3 | 0,1764 | 0,12 | 3 | 12 ; 15 ; 9 |
| 4 | 0,1764 | 0,12 | 2 | 2 ; 3 |
| 5 | 0,1764 | 0,46 | 1 | 1 |
| 6 | 0,1764 | *** | 1 | 6 |

Tabela 3. Valores fenotípicos médios e desvios padrão para característica de herdabilidade 0,40

| T | TF | EA | Gerações | | | |
|----|----|----|----------------|----------------|----------------|----------------|
| | | | 1-5 | 6-10 | 11-15 | 16-20 |
| 1 | 10 | AA | 12,828 ± 0,262 | 15,618 ± 0,650 | 17,798 ± 0,880 | 19,084 ± 0,866 |
| 2 | | MM | 12,860 ± 0,280 | 15,814 ± 0,434 | 18,096 ± 0,756 | 19,368 ± 0,740 |
| 3 | | MP | 13,234 ± 0,333 | 16,368 ± 0,601 | 18,340 ± 0,747 | 19,600 ± 0,846 |
| 4 | 20 | AA | 13,172 ± 0,260 | 16,514 ± 0,634 | 18,062 ± 0,901 | 18,672 ± 1,156 |
| 5 | | MM | 13,168 ± 0,239 | 16,546 ± 0,653 | 18,206 ± 0,966 | 18,826 ± 1,080 |
| 6 | | MP | 13,746 ± 0,257 | 17,370 ± 0,678 | 19,044 ± 1,063 | 19,606 ± 1,150 |
| 7 | 30 | AA | 13,206 ± 0,253 | 16,518 ± 0,509 | 18,070 ± 1,016 | 18,508 ± 1,340 |
| 8 | | MM | 13,322 ± 0,258 | 16,894 ± 0,556 | 18,618 ± 0,960 | 19,034 ± 1,113 |
| 9 | | MP | 13,972 ± 0,312 | 17,768 ± 0,544 | 19,494 ± 0,653 | 20,018 ± 0,776 |
| 10 | 40 | AA | 13,380 ± 0,289 | 16,712 ± 0,783 | 18,272 ± 0,943 | 18,754 ± 0,986 |
| 11 | | MM | 13,468 ± 0,298 | 16,990 ± 0,704 | 18,406 ± 0,940 | 18,762 ± 0,983 |
| 12 | | MP | 13,994 ± 0,377 | 17,888 ± 0,703 | 19,240 ± 0,873 | 19,626 ± 0,923 |
| 13 | 50 | AA | 13,480 ± 0,211 | 17,020 ± 0,605 | 18,428 ± 1,202 | 18,648 ± 1,416 |
| 14 | | MM | 13,446 ± 0,290 | 17,004 ± 1,056 | 18,320 ± 1,358 | 18,532 ± 1,573 |
| 15 | | MP | 13,966 ± 0,266 | 17,708 ± 0,728 | 18,922 ± 1,050 | 19,208 ± 1,103 |

T = tratamento; TF = tamanho de família; EA = estratégia de acasalamento (AA = acasalamento ao acaso; MM = acasalamento melhores vs melhores; MP = acasalamento seletivo - distribuição dos extremos).

dos valores extremos também se distinguiu favoravelmente da mesma distribuição das demais estratégias, sinalizado pela exclusividade na constituição do grupo quatro, que se opõe ao segundo grupo formado pelas outras duas estratégias de acasalamento. O método de Tocher confirma a equivalência entre os acasalamentos ao acaso e os acasalamentos entre os melhores, conforme o tamanho de família.

Os valores fenotípicos médios entre os intervalos de gerações foram estimados ao considerar a seleção assistida por marcadores para a característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,70$) (Tabela 5). Os resultados seguiram os padrões relatados para as características de baixa e média herdabilidade, com superioridade do acasalamento seletivo e correspondência entre os acasalamentos ao

acaso e entre os melhores, no que diz respeito ao progresso fenotípico ao longo das gerações sob seleção.

O método de Tocher estabeleceu cinco grupos (Tabela 6). Maior incremento fenotípico foi observado nos grupos dois e cinco, cujos acasalamentos seguiram a distribuição dos valores extremos. Apesar do acasalamento seletivo no tamanho de família com 10 descendentes não evidenciar exclusividade pelo método de Tocher, como observado para a característica de média herdabilidade, as estimativas dos valores fenotípicos assinalaram sua supremacia em analogia aos outras duas estratégias.

Os padrões de agrupamento pelo método de Tocher demonstraram maior analogia entre as características de média ($h^2 = 0,40$) e alta ($h^2 = 0,70$) herdabilidade. Entretanto, a combinação da distribuição dos valores extremos

Tabela 4. Grupos, limite e distâncias obtidas entre os tratamentos (estratégias de acasalamento) pelo método de Tocher para herdabilidade 0,40

| Número do grupo | Limite (θ) | Distância obtida | Número de tratamentos | Tratamentos pertencentes |
|-----------------|---------------------|------------------|-----------------------|-----------------------------------|
| 1 | 0,3742 | 0,06 | 2 | 11 ; 13 |
| 1 | 0,3742 | 0,10 | 3 | 11 ; 13 ; 14 |
| 1 | 0,3742 | 0,18 | 4 | 11 ; 13 ; 14 ; 10 |
| 1 | 0,3742 | 0,24 | 5 | 11 ; 13 ; 14 ; 10 ; 8 |
| 1 | 0,3742 | 0,27 | 6 | 11 ; 13 ; 14 ; 10 ; 8 ; 5 |
| 1 | 0,3742 | 0,28 | 7 | 11 ; 13 ; 14 ; 10 ; 8 ; 5 ; 4 |
| 1 | 0,3742 | 0,27 | 8 | 11 ; 13 ; 14 ; 10 ; 8 ; 5 ; 4 ; 7 |
| 2 | 0,3742 | 0,23 | 2 | 1 ; 2 |
| 3 | 0,3742 | 0,24 | 2 | 9 ; 12 |
| 3 | 0,3742 | 0,34 | 3 | 9 ; 12 ; 6 |
| 3 | 0,3742 | 0,35 | 4 | 9 ; 12 ; 6 ; 15 |
| 4 | 0,3742 | *** | 1 | 3 |

Tabela 5. Valores fenotípicos médios e desvios padrão para característica de herdabilidade 0,70

| T | TF | EA | Gerações | | | |
|----|----|----|----------------|----------------|----------------|----------------|
| | | | 1-5 | 6-10 | 11-15 | 16-20 |
| 1 | 10 | AA | 15,332 ± 0,225 | 19,388 ± 0,522 | 21,924 ± 0,908 | 23,220 ± 1,050 |
| 2 | | MM | 15,374 ± 0,295 | 19,822 ± 0,744 | 22,320 ± 1,133 | 23,696 ± 1,160 |
| 3 | | MP | 15,778 ± 0,364 | 20,134 ± 0,786 | 22,606 ± 1,013 | 23,932 ± 1,330 |
| 4 | 20 | AA | 15,688 ± 0,281 | 20,274 ± 0,927 | 22,478 ± 1,447 | 23,156 ± 1,640 |
| 5 | | MM | 15,628 ± 0,296 | 20,364 ± 0,844 | 22,448 ± 1,031 | 23,190 ± 1,290 |
| 6 | | MP | 16,542 ± 0,325 | 21,226 ± 0,655 | 23,160 ± 0,916 | 23,950 ± 1,204 |
| 7 | 30 | AA | 15,854 ± 0,360 | 20,640 ± 1,274 | 22,668 ± 1,924 | 23,188 ± 2,073 |
| 8 | | MM | 15,784 ± 0,496 | 20,480 ± 1,478 | 22,474 ± 1,927 | 23,034 ± 2,030 |
| 9 | | MP | 16,852 ± 0,404 | 21,208 ± 0,680 | 22,860 ± 0,842 | 23,346 ± 1,140 |
| 10 | 40 | AA | 15,950 ± 0,351 | 20,896 ± 1,008 | 22,646 ± 1,507 | 23,164 ± 1,843 |
| 11 | | MM | 15,862 ± 0,372 | 20,544 ± 1,073 | 22,386 ± 1,417 | 22,878 ± 1,533 |
| 12 | | MP | 16,844 ± 0,397 | 21,348 ± 0,936 | 22,876 ± 1,433 | 23,328 ± 1,430 |
| 13 | 50 | AA | 15,926 ± 0,474 | 20,854 ± 1,303 | 22,536 ± 1,563 | 22,944 ± 1,730 |
| 14 | | MM | 15,982 ± 0,355 | 20,800 ± 1,258 | 22,344 ± 1,423 | 22,758 ± 1,503 |
| 15 | | MP | 17,030 ± 0,301 | 21,488 ± 0,431 | 22,778 ± 0,734 | 23,068 ± 0,883 |

T = tratamento; TF = tamanho de família; EA = estratégia de acasalamento (AA = acasalamento ao acaso; MM = acasalamento melhores vs melhores; MP = acasalamento seletivo - distribuição dos extremos).

Tabela 6. Grupos, limite e distâncias obtidas entre os tratamentos (estratégias de acasalamento) pelo método de Tocher para herdabilidade 0,70

| Número do grupo | Limite (θ) | Distância obtida | Número de tratamentos | Tratamentos pertencentes |
|-----------------|---------------------|------------------|-----------------------|-----------------------------------|
| 1 | 0,3787 | 0,06 | 2 | 4 ; 5 |
| 1 | 0,3787 | 0,13 | 3 | 4 ; 5 ; 8 |
| 1 | 0,3787 | 0,18 | 4 | 4 ; 5 ; 8 ; 11 |
| 1 | 0,3787 | 0,20 | 5 | 4 ; 5 ; 8 ; 11 ; 7 |
| 1 | 0,3787 | 0,24 | 6 | 4 ; 5 ; 8 ; 11 ; 7 ; 13 |
| 1 | 0,3787 | 0,24 | 7 | 4 ; 5 ; 8 ; 11 ; 7 ; 13 ; 10 |
| 1 | 0,3787 | 0,26 | 8 | 4 ; 5 ; 8 ; 11 ; 7 ; 13 ; 10 ; 14 |
| 2 | 0,3787 | 0,07 | 2 | 9 ; 12 |
| 2 | 0,3787 | 0,20 | 3 | 9 ; 12 ; 15 |
| 3 | 0,3787 | 0,32 | 2 | 2 ; 3 |
| 4 | 0,3787 | 1,31 | 1 | 1 |
| 5 | 0,3787 | *** | 1 | 6 |

com a utilização de marcadores moleculares, implementados por meio do acasalamento seletivo e da seleção assistida por marcadores, pode contribuir para incrementar o progresso fenotípico em características de baixa, média e alta herdabilidade. Além disso, os acréscimos fenotípicos superiores ao utilizar a distribuição dos valores extremos demonstra, indiretamente, que essa estratégia favorece a detecção de locos quantitativos na seleção assistida por marcadores, por meio do uso racional da variabilidade genética dos indivíduos, retardando o seu decréscimo ao longo das gerações (Lee & van der Werf, 2004; Neves *et al.*, 2009). Ressalta-se que esses resultados foram obtidos em condições simplificadas de herança genética, o que requer estudos adicionais na tentativa de validar os resultados em condições mais complexas de ação gênica (dominância e epistasia). A busca por novos delineamentos experimentais que utiliza de modo coerente acasalamentos estratégicos consentirá melhor uso da variabilidade genética disponível na população sob seleção, o que corrobora com os programas de melhoramento genético.

CONCLUSÕES

Pelas condições de herança genética em que foram pressupostas às características, a análise multivariada de agrupamento assinalou otimização do progresso fenotípico na seleção assistida por marcadores ao admitir o acasalamento estratégico utilizando a distribuição dos valores extremos.

O método de Tocher implementou e validou as inferências sobre o benefício do acasalamento seletivo no incremento fenotípico em características de baixa, média e alta herdabilidade, em especial quando se dispõe de populações com indivíduos aparentados (famílias de maior tamanho).

Estudos suplementares em condições mais complexas de ação gênica (dominância e epistasia) são requeridos, tendo em vista a relevância no conhecimento do controle gênico do caráter para que se possam estabelecer estratégias de acasalamento mais eficientes na seleção.

REFERÊNCIAS

- Bhering LL & Cruz CD (2008) Tamanho de população ideal para mapeamento genético em famílias de irmãos completos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43:379-385.
- Bovenhuis H & Spelman RJ (2000) Selective genotyping to detect quantitative trait loci for multiple traits in outbred populations. *Journal of Dairy Science*, 83:173-180.
- Cardoso V, Roso VM, Severo JLP, Queiroz AS & Fries LA (2003) Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 32:834-842.
- Carneiro PLS, Machado CHM, Euclides RF, Carneiro APS & Cunha EE (2007) Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 36:369-375.
- Euclides RF (2009) Genesys: Sistema de Simulação Genética. Viçosa, Fundação Arthur Bernardes. CD-ROM.
- Ferreira DF (2008) Estatística multivariada. Lavras, Editora UFLA. 662p.
- Jacometo CB, Barrero NML, Rodriguez-Rodriguez MDP, Gomes PC, Povh JA, Streit Junior DP, Vargas L, Resende EK & Ribeiro RP (2010) Variabilidade genética em tabaquis (Teleostei: Characidae) de diferentes regiões do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45:481-487.
- Jin C, Lan H, Attie AD, Churchill GA, Bulutuglo D & Yandell BS (2004) Selective phenotyping for increased efficiency in genetic mapping studies. *Genetics*, 168:2285-2293.
- Lee SH & Van Der Werf JHJ (2004) The efficiency of designs for fine-mapping of quantitative trait loci using combined linkage disequilibrium and linkage. *Genetics Selection Evolution*, 36:145-161.
- Nascimento M, Sáfiadi T & Silva FF (2011) Aplicação da análise de agrupamento de dados de expressão gênica temporal a dados em painel. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46:1489-1495.

- Neves HHR, Cavalheiro R, Cardoso V, Fries LA & Queiroz AS (2009) Acasalamento dirigido para aumentar a produção de animais geneticamente superiores e reduzir a variabilidade da progênie em bovinos. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 38:1201-1204.
- Ribeiro Junior JI & Melo ALP (2008) Guia prático para utilização do SAEG. Viçosa, Editora UFV. 288 p.
- Rosa GJM (2007) Delineamento de experimentos em genética genômica. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 36:211-218.
- Ruy DC, Nones K, Baron EE, Ledur MC, Melo CMR, Ambo M, Campos RLR & Coutinho LL (2005) Strategic marker selection to detect quantitative trait loci in chicken. *Scientia Agricola*, 62:111-116.
- Van Gestel S, Houwing-Duistermaat JJ, Adolfsson R, Van Duijn CM & Van Broeckhoven C (2000) Power of selective genotyping in genetic association analyses of quantitative traits. *Behavior Genetics*, 30:141-146.