

**Abordagem multivariada em estratégias de acasalamento
na seleção assistida por marcadores¹**

Multivariate approach to mating strategies
in assisted selection by markers

Marcelo Jangarelli^{2*}

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar o acasalamento seletivo utilizando a distribuição dos extremos e identificar estratégias de acasalamento similares, na capacidade de otimizar o número de marcadores informativos utilizados na seleção assistida por marcadores. Foram utilizadas técnicas de análise multivariada para comparar estratégias de acasalamento, por meio da aplicação das análises de agrupamento e de componentes principais. Dados simulados foram utilizados para avaliar as estratégias em diferentes cenários relacionados ao tamanho de família e herdabilidade da característica, no decorrer de 20 gerações. Na avaliação foi estimado o número de marcadores utilizados na seleção assistida por marcadores. Em todos os cenários, combinando herdabilidade e tamanho de família, o acasalamento seletivo foi superior aos demais, na capacidade de maximizar o número de marcadores informativos. As análises de agrupamento e de componentes principais indicaram correspondência na formação de grupos com estratégias homogêneas, além de diferenciar o acasalamento seletivo de acordo com o tamanho de família admitido ao longo das gerações sob seleção. A análise multivariada convalidou a otimização de marcadores informativos para o acasalamento seletivo, em características quantitativas com valores de herdabilidade de 0,10 e 0,40.

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

ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate selective mating using distribution of extremes and identify similar mating strategies, on its ability to optimize the number of informative markers used in the assisted selection by markers. Techniques of multivariate analysis had been used to compare mating strategies, through the application of grouping and analysis of main components. Simulated data were used to evaluate the strategies in different scenarios related to family size and heritability of feature, over 20 generations. The assessment was estimated the number of markers used in the assisted selection by markers. In all scenarios, combining heritability and family sizes, the selective mating was superior to the others, in the ability to maximize the number of informative markers. The grouping and analysis of main components indicated correspondence in the formation of groups with homogeneous strategies, in addition to differentiate the selective mating according to the size of the family admitted over generations under selection. Multivariate analysis convalidated the optimization of informative markers for selective mating, in quantitative traits with heritability values of 0.10 and 0.40.

Keywords: cluster analysis, principal components analysis, selective mating, simulation.

INTRODUÇÃO

A seleção desempenha papel relevante na busca pela eficiência do melhoramento genético

¹ Financiado pela FAPERJ.

² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Instituto de Ciências Exatas, Departamento de Matemática (Área Estatística) – *Campus* Seropédica. Rodovia Br-465, km 7, CEP: 23890-000, Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil.

* Autor para correspondência: gmejanga@hotmail.com

animal. Por meio de um delineamento genético a seleção permite estabelecer estratégias de acasalamento visando à criação e a identificação de genótipos superiores, no que se refere à determinação dos melhores indivíduos para a seleção (CARDOSO et al., 2003; RESENDE et al., 2008).

A variabilidade genética das características de importância econômica em animais depende dos efeitos dos genes e suas interações e das herdabilidades (PAIXÃO et al., 2012). Estratégias de acasalamento podem otimizar essa variabilidade entre os indivíduos e favorecer a identificação dos locos gênicos envolvidos no controle das características quantitativas (QTL). Por meio de associações estatísticas entre marcadores moleculares e a característica de interesse, QTL podem ser detectados e utilizados para auxiliar programas de seleção (MIYATA et al., 2007; NEVES et al., 2009).

A utilização de técnicas da análise multivariada para avaliação de dados pode representar uma ferramenta adicional no auxílio do melhoramento genético animal. A análise de agrupamento permite reunir unidades amostrais (estratégias de acasalamento) em grupos que apresentam similaridade no padrão de comportamento em relação a um conjunto de p variáveis mensuradas. A análise de componentes principais tem sido de grande utilidade no melhoramento por permitir simplificação no conjunto de dados. Essa técnica possibilita o resumo das informações originalmente contidas em um grupo de variáveis em poucos componentes, os quais apresentam as propriedades de reter o máximo da variação original disponível e ser independentes entre si (FERREIRA, 2008).

O objetivo deste trabalho foi aplicar técnicas da estatística multivariada com o propósito de avaliar a eficiência de estratégias de acasalamento, na capacidade de otimizar o número de marcadores informativos utilizados na seleção assistida por marcadores, em características de baixa e média herdabilidade.

MATERIAL E MÉTODOS

Foi utilizado neste trabalho dados simulados pelo programa de simulação genética Genesys (*Genetic System*, versão 2009) (EUCLYDES, 2009).

Foram simulados dois 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 e 0,40. 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 possuíram desvios de dominância e nem epistasia; os efeitos de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal.

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 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 detentores de maior informatividade dos marcadores, ou seja, aqueles que apresentavam maior número de marcadores ligados aos locos quantitativos. A cada geração, os dez machos e as dez fêmeas (uma fêmea/macho) que obtiveram o maior número de marcadores informativos foram acasalados, adotando-se o esquema de acasalamento de um genitor masculino com apenas uma fêmea, o que assegura somente famílias de irmãos completos. 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 extremos). Nessa estratégia, os

Abordagem multivariada em estratégias de acasalamento na seleção assistida por marcadores

machos e as fêmeas selecionados foram ordenados separadamente, com base no número de marcadores associados aos locos quantitativos (informatividade dos marcadores). 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 locos quantitativos, 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, combinaram-se as três estratégias de acasalamento e os cinco tamanhos de família, o que totalizou quinze estratégias, ou seja, avaliou-se cada acasalamento nos cinco tamanhos considerados. Em cada estratégia procedeu à seleção assistida por marcadores, separadamente, o que resultou em 15 seleções, todas utilizando o mesmo número de marcadores (191), dispostos a cada 5 cM.

O algoritmo de simulação genética 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 o nível de significância de 0,05 na regressão linear simples.

Para comparação das estratégias de acasalamento foram estimadas as médias do número de marcadores informativos utilizados na seleção assistida por marcadores, ou seja, dos marcadores que apresentaram associação significativa com os locos quantitativos da característica. Entre as 20 gerações foram estimadas quatro médias, correspondendo ao

número médio de marcadores informativos entre os intervalos da 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 uma estrutura classificatória entre as estratégias de acasalamento foi aplicado o método de otimização de Tocher. A aplicação dessa técnica de agrupamento foi processada nos intervalos médios estimados do número de marcadores utilizados na seleção assistida, separadamente, em cada nível de herdabilidade. Cada intervalo médio estimado representou uma variável, o que totalizou quatro variáveis. As 15 estratégias admitidas representavam os tratamentos. As médias dos intervalos foram utilizadas com a finalidade de reunir estratégias de acasalamento similares que apresentavam semelhança no padrão de comportamento/resposta em relação às gerações sob seleção assistida por marcadores. A distância euclidiana média foi utilizada para quantificar as dissimilaridades entre os tratamentos.

A investigação pela análise de componentes principais objetiva implementar o propósito da análise de agrupamento na busca pela identificação de estratégias de acasalamento similares no que se refere à capacidade de utilizar marcadores informativos na seleção assistida. Os componentes principais possibilitam reduzir a dimensionalidade do conjunto original p de variáveis (média de cada intervalo), redimensionando e assinalando as variáveis que de fato caracterizam e diferenciam as estratégias de acasalamento. Nesse sentido, os componentes sinalizam as principais gerações responsáveis pela distinção das estratégias de acasalamento, além de possibilitar a formação de grupos similares que poderão ser avaliados quanto à correspondência com os grupos formados pelo método de agrupamento de Tocher.

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 e 0,40).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas do número médio de marcadores utilizados na seleção assistida por marcadores evidenciaram superioridade do acasalamento seletivo em relação às demais estratégias (Tab. 1). O delineamento adotado nessa estratégia por meio do acasalamento entre os melhores e os piores genitores selecionados (distribuição dos extremos – MP) favorece a identificação de marcadores informativos,

independente do tamanho de família, para as características de baixa (0,10) e média (0,40) herdabilidade. Apesar de admitir uma mesma densidade de marcadores no mapeamento (disposição a cada 5 cM, o que totalizou 191 marcadores) entre as estratégias de acasalamento, a distribuição dos extremos sinalizou maior informatividade dos marcadores a partir das gerações iniciais (1-5^a geração), mantendo essa vantagem a médio prazo (6-15^a geração). Ressalta-se maior otimização na detecção de marcadores informativos no acasalamento seletivo ao adotar famílias com maior número de descendentes (40 e 50). Analogia entre os acasalamentos foi observada a longo prazo (16-20^a geração) devido a provável fixação de determinados marcadores e à perda da variabilidade de alguns genes na população (REIS et al., 2011).

Entre os acasalamentos ao acaso (AA) e entre os melhores (MM) observaram-se relativa correspondência no número de marcadores utilizados na seleção, com pequena vantagem para o acasalamento entre os melhores, especialmente nas gerações iniciais/intermediárias (1-10^a geração) em famílias com menor número de descendentes.

O número de indivíduos e a variabilidade genética da população interferem no poder de detecção de locos quantitativos em um programa de melhoramento animal (COUTINHO & ROSÁRIO, 2010). A seleção de indivíduos com maior divergência genotípica, a exemplo da distribuição dos extremos, contribui para otimizar os locos polimórficos, apresentando relação direta com a informatividade dos marcadores e sua utilização na seleção assistida por marcadores (SILVA et al., 2011). Segundo BOVENHUIS & SPELMAN (2000) é aceitável que a aplicação da distribuição dos extremos proporcione melhores resultados para a característica sobre a qual os indivíduos foram selecionados por favorecer a divergência genotípica e a heterozigosidade entre os locos. O acasalamento seletivo pode aumentar o poder de detecção de QTL devido à seleção e utilização de maior número de marcadores informativos, pois os indivíduos geneticamente divergentes são os 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 próximo a média fenotípica da população pouco contribuem.

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 ao maior número de marcadores identificados e utilizados na seleção (Tab. 1). Mesmo em tamanhos de família com grande número de descendentes (40 e 50), em que se tem o acréscimo no número de indivíduos aparentados, essa estratégia seletiva mostrou-se eficiente na tentativa de manter maior variabilidade genética nas gerações iniciais/intermediárias (1-10^a geração). O decréscimo de marcadores informativos utilizados na seleção a longo prazo (16-20^a geração) evidencia uma tendência em minimizar o progresso genético em virtude da fixação de alelos e de marcadores, pela provável redução da variabilidade genética na população (REIS et al. 2011).

Sete grupos distintos foram formados pelo método de Tocher para a característica de baixa herdabilidade (Tab. 2a). No grupo um foram classificados os tratamentos 7, 8, 10, 11, 13 e 14. O segundo, terceiro e quarto grupo foram constituídos por apenas dois tratamentos, 2 e 4, 9 e 12, e 1 e 3, respectivamente. Enquanto que os grupos cinco, seis e sete compreenderam apenas um tratamento, 5, 6 e 15, respectivamente. Embora comparações entre os quinze tratamentos não seja pertinente devido ao tamanho diferenciado das populações, evidenciou-se, com base no número médio de marcadores utilizados na seleção, a capacidade do acasalamento seletivo (distribuição dos extremos) em distinguir-se das demais estratégias. Os grupos 3, 6 e 7 foram representados por estratégias de acasalamento que seguiam a distribuição dos extremos, demonstrando superioridade na identificação e utilização de marcadores informativos, conforme o tamanho de família considerado. Apenas no tamanho de família menor a estratégia seletiva não se diferenciou exclusivamente das demais. A distinção atribuída ao acasalamento seletivo frente às demais estratégias corrobora a supremacia da distribuição dos extremos no sentido de potencializar o progresso fenotípico em um programa de melhoramento genético animal assistido por marcadores, no sentido de manter uma variabilidade entre os indivíduos que permita retardar o decréscimo do número de marcadores informativos passíveis de utilização na seleção.

Para a característica de média herdabilidade cinco grupos foram formados pelo

Abordagem multivariada em estratégias de acasalamento na seleção assistida por marcadores

método de Tocher (Tab. 2b). No grupo um foram classificados os tratamentos 4, 6, 8, 9, 11, 12, 13 e 15. O segundo grupo foi formado pelos tratamentos 2 e 3. O terceiro grupo compreendeu os acasalamentos assinalados pelos tratamentos 7, 10 e 14. Enquanto que os grupos quatro e cinco foram constituídos pelos tratamentos 1 e 5, respectivamente. Apesar do menor poder de diferenciação do acasalamento seletivo nessa característica, este acasalamento manteve comportamento correspondente ao admitir tamanhos de família desiguais. Quatro tratamentos que seguiam a distribuição dos extremos (6, 9, 12 e 15) compunham o grupo um, o que evidencia correspondência na adequação das estimativas de

marcadores informativos, bem como sua otimização.

O tamanho da população é um dos fatores relevantes na identificação de marcadores polimórficos e sua utilização em estudos de mapeamento de QTL. De acordo com BHERING & CRUZ (2008), populações pequenas apresentam baixa resolução no mapeamento, o que minimiza a identificação e associação de marcadores aos locos quantitativos em gerações sob seleção assistida por marcadores. É admissível que esse fato tenha interferência na relativa semelhança de comportamento entre as três estratégias de acasalamento adotadas em famílias com apenas 10 descendentes (100 indivíduos) (Tab. 1).

Tabela 1. Número médio de marcadores utilizados na seleção assistida por marcadores e desvios padrão para características de herdabilidade 0,10 (a) e 0,40 (b).

T	TF	EA	(a) – Gerações			
			1-5	6-10	11-15	16-20
1	10	AA	15,44 ± 4,99	7,98 ± 4,80	4,74 ± 3,11	3,42 ± 1,80
2		MM	17,14 ± 7,00	7,04 ± 3,85	4,60 ± 2,00	2,84 ± 1,57
3		MP	17,60 ± 4,84	8,26 ± 4,10	5,96 ± 3,11	3,24 ± 1,58
4	20	AA	17,72 ± 7,40	7,36 ± 2,85	3,64 ± 1,66	2,52 ± 2,19
5		MM	19,78 ± 5,33	6,58 ± 3,05	3,92 ± 2,29	1,98 ± 1,13
6		MP	19,72 ± 4,60	9,58 ± 4,40	4,62 ± 1,93	2,50 ± 1,46
7	30	AA	20,38 ± 9,03	6,86 ± 4,00	2,40 ± 2,15	2,22 ± 1,90
8		MM	20,76 ± 6,77	6,16 ± 3,22	2,50 ± 1,34	1,40 ± 0,46
9		MP	20,96 ± 7,26	9,34 ± 4,68	3,66 ± 2,11	1,76 ± 0,77
10	40	AA	22,38 ± 5,60	6,94 ± 2,99	2,94 ± 1,60	1,58 ± 1,01
11		MM	22,74 ± 8,20	7,70 ± 2,02	2,62 ± 1,86	1,74 ± 0,87
12		MP	24,28 ± 7,30	9,30 ± 3,78	3,24 ± 0,81	1,50 ± 0,68
13	50	AA	23,80 ± 5,70	6,18 ± 4,10	2,22 ± 0,80	1,50 ± 0,67
14		MM	24,34 ± 8,24	6,56 ± 2,15	2,18 ± 0,77	1,52 ± 0,60
15		MP	27,04 ± 6,73	7,54 ± 2,59	3,08 ± 1,26	1,54 ± 0,50

T	TF	EA	(b) – Gerações			
			1-5	6-10	11-15	16-20
1	10	AA	22,78 ± 6,60	13,88 ± 4,44	8,14 ± 4,33	4,20 ± 2,82
2		MM	23,00 ± 4,20	15,62 ± 7,77	8,80 ± 5,60	4,32 ± 1,77
3		MP	23,10 ± 7,10	15,58 ± 4,99	8,92 ± 3,70	5,18 ± 2,90
4	20	AA	29,46 ± 11,77	15,92 ± 8,10	5,22 ± 2,56	1,78 ± 0,55
5		MM	28,26 ± 9,36	14,16 ± 7,20	5,26 ± 2,04	2,36 ± 1,23
6		MP	30,82 ± 8,90	15,96 ± 6,66	5,32 ± 2,94	2,40 ± 1,00
7	30	AA	33,26 ± 10,80	13,38 ± 3,10	4,32 ± 2,33	1,76 ± 0,90
8		MM	33,70 ± 10,44	14,66 ± 3,66	4,78 ± 2,18	1,70 ± 1,00
9		MP	38,24 ± 8,75	15,70 ± 8,29	5,00 ± 1,61	1,66 ± 1,00
10	40	AA	34,08 ± 8,77	12,80 ± 5,00	3,34 ± 1,80	1,54 ± 0,91
11		MM	38,06 ± 7,15	14,58 ± 4,81	4,00 ± 2,43	1,58 ± 0,77
12		MP	42,74 ± 6,80	15,22 ± 5,74	4,20 ± 1,80	1,58 ± 0,50
13	50	AA	41,68 ± 7,90	14,36 ± 5,61	3,44 ± 1,18	1,34 ± 0,66
14		MM	39,26 ± 9,90	13,12 ± 5,50	3,68 ± 1,77	1,74 ± 0,91
15		MP	46,26 ± 8,20	15,00 ± 3,93	3,72 ± 1,33	1,38 ± 0,78

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).

A análise de componentes principais permitiu reduzir a dimensão de quatro variáveis originais para dois componentes principais, na tentativa de identificar estratégias de acasalamento similares na capacidade de identificação e utilização de marcadores na seleção assistida. Com base no princípio de que a importância relativa dos componentes principais decresce do primeiro para o último, observa-se que os dois

primeiros componentes para as características de baixa (a) e média (b) herdabilidade foram responsáveis por mais de 93% e 95% da variação total, respectivamente (Tab. 3).

A dispersão dos escores referentes à posição de cada tratamento (15 estratégias de acasalamento) permite visualizar estratégias que são mais semelhantes ou discrepantes com relação

aos dois primeiros componentes principais (CP₁ e CP₂) para as características de herdabilidade 0,10 (a) e 0,40 (b) (Fig. 1). Com a finalidade de manter o número de grupos propostos pelo método de Tocher e avaliar a adequação das análises de agrupamento e de componentes principais na

configuração das partições, tratamentos mais próximos (similares) foram circundados para representar os grupos.

O ajustamento na constituição dos grupos de ambas as técnicas multivariadas convalidou a distinção da distribuição dos extremos

Tabela 2. Grupos, limites e distâncias obtidas entre os tratamentos pela aplicação do método de Tocher para características de herdabilidade 0,10 (a) e 0,40 (b).

(a) – h ² = 0,10				
Número do grupo	Limite (θ)	Distância obtida	Número de tratamentos	Tratamentos pertencentes
1	0,7345	0,19	2	13 ; 14
1	0,7345	0,51	3	13 ; 14 ; 10
1	0,7345	0,53	4	13 ; 14 ; 10 ; 8
1	0,7345	0,63	5	13 ; 14 ; 10 ; 8 ; 11
1	0,7345	0,72	6	13 ; 14 ; 10 ; 8 ; 11 ; 7
2	0,7345	0,52	2	2 ; 4
3	0,7345	0,59	2	9 ; 12
4	0,7345	0,67	2	1 ; 3
5	0,7345	1,31	1	5
6	0,7345	1,77	1	6
7	0,7345	***	1	15
(b) – h ² = 0,40				
Número do grupo	Limite (θ)	Distância obtida	Número de tratamentos	Tratamentos pertencentes
1	0,8605	0,27	2	4 ; 6
1	0,8605	0,60	3	4 ; 6 ; 9
1	0,8605	0,67	4	4 ; 6 ; 9 ; 8
1	0,8605	0,71	5	4 ; 6 ; 9 ; 8 ; 11
1	0,8605	0,71	6	4 ; 6 ; 9 ; 8 ; 11 ; 12
1	0,8605	0,79	7	4 ; 6 ; 9 ; 8 ; 11 ; 12 ; 13
1	0,8605	0,79	8	4 ; 6 ; 9 ; 8 ; 11 ; 12 ; 13 ; 15
2	0,8605	0,35	2	2 ; 3
3	0,8605	0,40	2	7 ; 10
3	0,8605	0,43	3	7 ; 10 ; 14
4	0,8605	1,14	1	1
5	0,8605	***	1	5

Tabela 3. Componentes principais (CP_i), autovalores (λ_i) e percentual da variância explicada pelos componentes (%VCP) para características de herdabilidade 0,10 (a) e 0,40 (b).

(a) – Marcadores Utilizados na Seleção				(b) – Marcadores Utilizados na Seleção			
CP _i	λ _i	%VCP	%VCP (Acumulada)	CP _i	λ _i	%VCP	%VCP (Acumulada)
CP ₁	2,7473	0,6868	0,6868	CP ₁	2,8822	0,7206	0,7206
CP ₂	0,9768	0,2442	0,9310	CP ₂	0,9229	0,2307	0,9513
CP ₃	0,1845	0,0461	0,9771	CP ₃	0,1785	0,0446	0,9959
CP ₄	0,0914	0,0229	1,0000	CP ₄	0,0164	0,0041	1,0000

em maximizar a probabilidade de identificar e utilizar marcadores polimórficos na seleção assistida. A estratégia de acasalar genitores com genótipos contrastantes para a característica de interesse possibilita maximizar o efeito da substituição alélica nos locos associados a

caracteres quantitativos, o que otimiza o número médio de marcadores associados aos locos quantitativos e, indiretamente, favorece incrementos no progresso genético das características sob seleção assistida por marcadores (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998).

Abordagem multivariada em estratégias de acasalamento na seleção assistida por marcadores

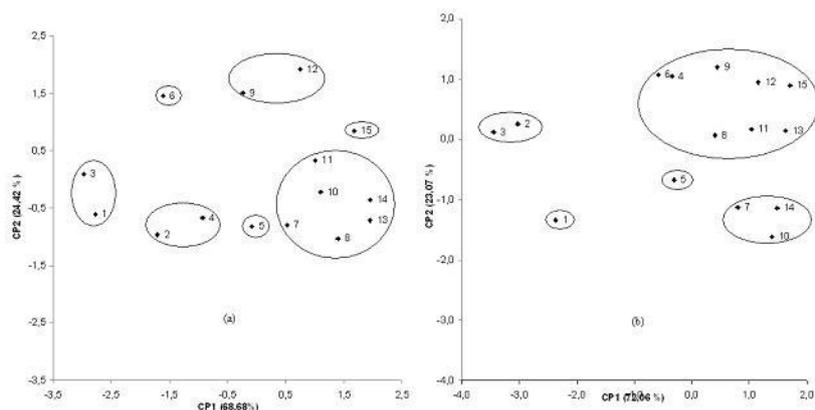


Figura 1. Dispersão de quinze tratamentos em relação aos dois primeiros componentes principais (CP₁ e CP₂) para características de herdabilidade 0,10 (a) e 0,40 (b).

CONCLUSÃO

As técnicas da estatística multivariada foram válidas para avaliar e distinguir a distribuição dos extremos (acasalamento seletivo) das demais estratégias de acasalamento, na capacidade de potencializar o número de marcadores informativos utilizados na seleção assistida por marcadores. Partições correspondentes entre as estratégias de acasalamento foram assinaladas pelas análises de agrupamento e de componentes principais, o que implementa e valida as inferências a cerca das estruturas de classificação.

Estudos de simulação forneceram resultados preliminares relevantes em acasalamentos dirigidos com o propósito de maximizar o progresso genético animal. Estudos adicionais são requeridos para avaliar o acasalamento seguindo a distribuição dos extremos em outros métodos de seleção, seja com dados simulados ou dados reais.

AGRADECIMENTOS

A Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) pelo apoio financeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BHERING, L.L. & CRUZ, C.D. Tamanho de população ideal para mapeamento genético em famílias de irmãos completos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.3, p.379-385, 2008.

BOVENHUIS, H. & SPELMAN, R.J. Selective genotyping to detect quantitative trait loci for

multiple traits in outbred populations. **Journal of Dairy Science**, v.83, n.1, p.173-180, 2000.

CARDOSO, V. et al. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.834-842, 2003.

COUTINHO, L.L. & ROSÁRIO, M.F. Biotecnologia animal. **Estudos Avançados**, v.24, n.70, p.123-147, 2010.

EUCLYDES, R.F. **Genesys: Sistema de Simulação Genética**. Fundação Arthur Bernardes – UFV: Viçosa – MG, 2009. (CD-ROM).

FERREIRA, D.F. **Estatística multivariada**. Editora UFLA: Lavras - MG, 662p, 2008.

FERREIRA, M.E. & GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. EMBRAPA-CENARGEN: Brasília, 220p, 1998.

MIYATA, M. et al. Quantitative trait loci (QTL) mapping for growth traits on bovine chromosome 14. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.364-369, 2007.

NEVES, H.H.R. et al. Acasalamento dirigido para aumentar a produção de animais geneticamente superiores e reduzir a variabilidade da progênie em bovinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.7, p.1201-1204, 2009.

PAIXÃO, D.M. et al. Mapeamento de QTL nos cromossomos 1, 2, 3, 12, 14, 15 e X em suínos: características de carcaça e qualidade de carne. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.4, p.974-982, 2012.

Jangarelli, M.

REIS, R.V. et al. Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro-amarelo detectada por marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.1, p.51-57, 2011.

RESENDE, M.D.V. et al. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v.56, n.1, p.63-77, 2008.

RIBEIRO JUNIOR, J.I. & MELO, A.L.P. **Guia prático para utilização do SAEG**. Editora UFV: Viçosa – MG, 288p, 2008.

SILVA, F.E.J. et al. Regiões genômicas associadas a características de desempenho e carcaça no cromossomo 5 de linhagens brasileiras de galinhas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.3, p.229-238, 2011.

VAN GESTEL, S. et al. Power of selective genotyping in genetic association analyses of quantitative traits. **Behavior Genetics**, v.30, n.2, p.141-146, 2000.