

Análise de níveis de significância genômica na identificação de marcadores moleculares em característica de baixa herdabilidade*

Marcelo Jangarelli[†]

Resumo

Objetivou-se analisar diferentes níveis de significância na identificação de marcadores moleculares relacionados a uma característica quantitativa de baixa herdabilidade. Uma comparação entre os níveis de 1%, 5%, 10% e 20% foi realizada por meio do programa computacional de simulação genética (GENESYS), utilizando-se a seleção assistida por marcadores moleculares para avaliação desses níveis. Os resultados indicaram superioridade dos níveis de significância de maior magnitude (10% e 20%), em relação aos de menores valores (1% e 5%), quanto aos ganhos fenotípicos obtidos após a seleção, além de benefícios em alguns parâmetros genéticos (menor endogamia média; maior número de marcadores identificados e menor fixação de marcas). Assim, apesar de os níveis de 1% e 5% apresentarem uma maior precisão na detecção de marcadores – QTLs (*quantitative trait loci*), eles deixam a desejar no que diz respeito às melhorias genéticas, resultando em ganhos fenotípicos e genéticos inferiores.

Palavras-chave: herdabilidade; marcadores moleculares – níveis de significância – seleção; QTL.

INTRODUÇÃO

O melhoramento genético molecular (MGM) é visto como uma área que visa a integrar as metodologias e técnicas empregadas no melhoramento genético tradicional com as tecnologias e estratégias da biologia molecular. Mais recentemente, o MGM passou a considerar e a utilizar diferentes ferramentas, também disponibilizadas pela ciência genômica (DEKKERS, 1999).

Os marcadores moleculares são seqüências de DNA que podem ser identificadas e mapeadas, sendo utilizados para identificar e localizar genes específicos nos cromossomos (ANDERSON et al., 1994). Entre os vários tipos de marcadores existentes, destacam-se os marcadores moleculares de DNA, que permi-

tem ao geneticista “enxergar” os genes e o seu arranjo nos cromossomos, sem ter de confiar apenas na expressão da característica.

O ganho genético, para características de difícil mensuração, baixa herdabilidade e limitadas pelo sexo, poderá ser aumentado com a utilização de marcadores moleculares no auxílio à seleção. A identificação individual em nível molecular irá certamente contribuir para uma melhor utilização dos recursos genéticos. Essas novas ferramentas genômicas, baseadas na tecnologia do DNA, irão possibilitar entender a biologia dos genes envolvidos nas características de interesse.

A seleção assistida por marcadores moleculares (SAMB) é condicionada pela

[†] Este artigo é parte integrante da dissertação de mestrado do autor em Genética e Melhoramento Universidade Federal de Viçosa – UFV Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa – UFV

Correspondência para / Correspondence to:

Marcelo Jangarelli

Rua Pio X, 11 – Bairro Novo Horizonte.

29.902-090. Linhares – Espírito Santo – Brasil.

Tel.: (31) 9245-2042; (27) 3373-2417.

E-mail: gmejanga@hotmail.com

significância genômica exigida nas ligações ou associações entre os genótipos dos marcadores e os QTLs (*quantitative trait loci*), que são regiões cromossômicas relacionadas com a variação fenotípica das características quantitativas (HAYWARD et al., 1994). O uso dos marcadores em modernos programas de melhoramento baseia-se no princípio de que, se um gene ou conjunto de genes está associado a um marcador molecular de fácil identificação, então a seleção para esse marcador será mais eficiente do que para a própria característica (HAYWARD et al., 1994). A SAMM consiste de dois passos principais: identificação de associações entre locos marcadores e QTLs, e o uso dessas associações para o desenvolvimento de populações melhoradas (BULFIELD, 1997). Entretanto, a SAMM deve ser encarada como uma ferramenta auxiliar e não substituta dos métodos tradicionais de melhoramento (LANDE; THOMPSON, 1990).

A maioria das características quantitativas é determinada por muitos genes, cada um deles com pequeno efeito. Entretanto, alguns desses genes podem ter maior importância no controle de determinada característica fenotípica. Nesse contexto, é possível identificar o QTL através da utilização de marcadores genéticos em uma população. O mapeamento de QTL tem sido utilizado para mapear genes para várias características em diferentes espécies, em especial, para os caracteres de baixa herdabilidade, em que a avaliação fenotípica torna-se de menor precisão em função do baixo vínculo entre o genótipo e o fenótipo do indivíduo e, conseqüentemente, do elevado efeito ambiental sobre a expressão fenotípica do caráter. A capacidade de detecção de QTL é limitada pelo tamanho da população, exigência estatística para detecção dos locos (nível de significância genômica), número de marcadores utilizados no mapeamento e herdabilidade da característica em estudo (LIU, 1998).

Como poucos locos economicamente importantes são conhecidos, e os QTLs não têm suas bases moleculares definidas, eles atualmente têm sido referidos mais como uma associação estatística do que como uma entidade biológica, sendo a herança acompanhada pelos

marcadores (GUIMARÃES; PINHEIRO, 1996). Portanto, os QTLs têm sido identificados como associações estatísticas entre dados relativos a uma região genômica e a variabilidade fenotípica existente entre populações segregantes (LI, 1998).

Por serem assim caracterizados, eles podem ter a magnitude de seus efeitos mensurada e avaliada em diferentes níveis de significância. Os procedimentos para identificação e estimação de um QTL são tipicamente baseados em testes estatísticos, dentre eles a regressão linear simples, detectando-se alterações nas médias das características entre classes de indivíduos definidas por um marcador ou por um intervalo entre marcadores (BURROW; BLAKE, 1998). A localização de um dado QTL pode ser inferida pela identificação de marcadores mais fortemente associados com o surgimento de um determinado fenótipo (WILLIAM, 1998).

Dessa forma, o presente trabalho trata de assuntos relacionados à genética não só por meio de fundamentações biogenéticas, mas também se alicerça em associações estatísticas.

Em virtude dos argumentos apresentados, objetivou-se, com este trabalho, analisar a identificação ou detecção de marcadores moleculares associados aos QTLs, utilizando-se diferentes níveis de significância genômica, em populações submetidas à seleção assistida por marcadores moleculares, para característica de baixa herdabilidade de interesse no melhoramento genético.

MATERIAIS E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados via o programa computacional de simulação genética GENESYS (versão 2006), desenvolvido por Euclides (1996). Esse programa é escrito na linguagem de programação FORTRAN, permitindo a criação de genomas de certa complexidade, que podem ser utilizados para formação de populações de acordo com a estrutura desejada, sob influência de questionamentos propostos a serem analisados, através de métodos de seleção, pressuposições estatísticas, sistemas de acasalamentos, dentre

outros fatores, dispensando, portanto, animais e laboratórios.

Simulação do Genoma e das populações base e inicial

Para o presente estudo, foi simulado um genoma semelhante ao da espécie *Gallus gallus* (frango de corte), o que possibilitou estudar os efeitos de diferentes níveis de significância admitidos na SAMM em característica de baixa herdabilidade, sobre os seguintes parâmetros: valor fenotípico, endogamia média, número de marcadores usados na seleção e número de marcadores fixados.

Utilizando-se o programa GENESYS, foi simulado um genoma com 80 marcadores moleculares. O genoma era constituído de uma característica quantitativa, designada simplesmente como peso (kg), governada por 200 locos quantitativos (QTLs). Esse genoma foi utilizado para a construção de duas populações (população base e população inicial), nas quais a característica quantitativa possuía herdabilidade de 0,10.

O genoma simulado apresentava a seguinte constituição genética:

- a) genoma com 958 centimorgans de comprimento;
- b) 40 cromossomos de tamanho aleatório;
- c) os efeitos aditivos dos locos quantitativos foram simulados, segundo a distribuição normal;
- d) os locos quantitativos foram dialélicos e não possuíam desvios de dominância e nem interações entre si;
- e) não possuíam cromossoma sexual e as frequências gênicas iniciais eram iguais para ambos os sexos;
- f) as frequências gênicas iniciais para os locos quantitativos seguiam distribuição normal, apresentando valores próximos a 0,5;
- g) as frequências gênicas iniciais para os marcadores moleculares seguiam distribuição uniforme, apresentando valores próximos a 0,5;
- h) os efeitos de ambiente foram simulados, conforme a distribuição normal;

i) apresentava uma média e um desvio padrão fenotípico de 2,00 kg e 0,20 kg, respectivamente.

Para a estrutura genômica proposta, foi construída uma população base composta de 500 machos e 500 fêmeas. Com os 1000 descendentes escolhidos aleatoriamente nessa população base, obtidos do cruzamento de 10 machos e 10 fêmeas/macho, resultando 10 filhos/fêmea/macho, formou-se a população inicial que, por sua vez, foi submetida ao método de seleção assistida por marcadores moleculares. A partir da população inicial, os reprodutores eram selecionados com base nos genótipos de um número de marcadores moleculares, que estariam estatisticamente associados a locos quantitativos. Esse método de seleção foi praticado por vinte gerações consecutivas com dez repetições cada qual, visando a minimizar os erros e efeitos da oscilação ou flutuação genética.

A cada geração, os 10 machos e as 100 fêmeas (10 fêmeas/macho) que obtiveram os melhores desempenhos foram acasalados ao acaso, produzindo-se 1000 descendentes (dez filhos por acasalamento) que, por sua vez, formavam a geração seguinte.

Dessa forma, obtida a população inicial, foram praticadas quatro seleções assistidas por marcadores moleculares, em que a distinção de cada qual estava no nível de significância adotado para a identificação de marcadores associados aos QTLs de interesse, todas partindo do mesmo ponto (valor fenotípico) dessa população, sendo que a identificação se dava através de uma análise de regressão linear simples entre os genótipos dos marcadores com os valores fenotípicos dos descendentes dos acasalamentos, buscando-se verificar uma possível relação entre essas variáveis, em que se evidencia a influência dos genótipos dos marcadores sobre os valores fenotípicos observados nas progênes.

É válido lembrar que, a cada nova geração, a começar da geração zero ou população inicial, foram realizadas avaliações consecutivas, para se detectarem possíveis marcadores associados aos locos quantitativos, validando-se os

marcadores a cada nova geração, ao longo das 20 gerações analisadas.

Níveis de significância genômica utilizados na SAMM

Os níveis de significância que caracterizavam os quatro processos de SAMM foram:

Nível de significância de 1 % - Esse nível é considerado de alta significância, no qual somente os marcadores que estiverem mais fortemente relacionados ao genótipo dos QTLs e, conseqüentemente, ao fenótipo da característica de interesse, serão selecionados e usados na SAMM. O nível de 1 % trabalha com uma maior precisão, resultando, conseqüentemente, em um menor número de marcadores identificados na seleção, em função da forte ligação exigida entre as associações dos marcadores – QTLs.

Nível de significância de 5 % - Nesse caso, os resultados são ditos como significativos, selecionando-se os marcadores – QTLs até o nível de 5%, ou seja, compreendendo-se os marcadores altamente significativos no nível de 1 %, assim como os significativos para maiores valores de significância genômica, por exemplo, para 2%, 3%, 4% ou até 5%. Dessa forma, um número igual ou maior de marcadores será selecionado, em comparação ao nível de 1%, em virtude da menor precisão exigida na ligação entre o marcador – QTL.

Nível de significância de 10 % - Os marcadores – QTLs selecionados nesse nível são referidos como sugestivos, tornando-se indicadores de possíveis associações entre seu genótipo e as expressões fenotípicas nos indivíduos. Como conseqüência, um maior número de marcas será selecionado nesse nível, visto que ele irá compreender os marcadores que são altamente significativos ($\alpha = 1\%$), os significativos ($\alpha = 5\%$), assim como os sugestivos (α entre 5% e 10%).

Nível de significância de 20 % - Também nesse caso, os marcadores – QTLs selecionados serão referidos como sugestivos, sendo, assim, indicadores de possíveis associações do genótipo do marcador com o fenótipo da característica em questão. Entretanto, são menos preferidos do que os sugestivos no nível de 10 %, em fun-

ção do maior erro a ele associado (20%). O número de marcas associadas aos QTLs a serem selecionadas será igual ou, na maioria dos casos, superior ao número de marcas selecionadas nos níveis anteriores, pois, nesse caso, serão selecionados os marcadores moleculares que são significativos em relação a todos os níveis inferiores a 20 %. Ou seja, compreenderá um número de marcadores selecionados que representa a soma dos que foram significativos nos níveis de 1 %, 5 % e 10 %, disponibilizando assim, um maior número de informações, embora com uma menor precisão.

RESULTADOS

Valor fenotípico

Na Figura 1, são apresentados os valores fenotípicos médios obtidos pela seleção assistida por marcadores moleculares no decorrer de vinte gerações, realizando-se dez repetições com o objetivo de reduzir os efeitos da oscilação genética. A distinção dos quatro processos de seleção executados estava no nível de significância adotado, evidenciando ser a identificação de marcadores moleculares uma questão em que a estatística apresenta grande relevância, não se devendo restringir os resultados apenas aos aspectos biológicos dos marcadores – QTLs, já que os resultados foram diferentes de acordo com a significância genômica preestabelecida.

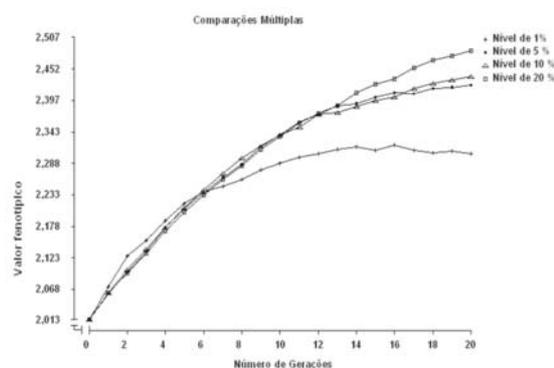


Figura 1 - Valores fenotípicos médios para a característica de baixa herdabilidade durante 20 gerações sob SAMM, de acordo com o nível de significância adotado (1%, 5%, 10% e 20%).

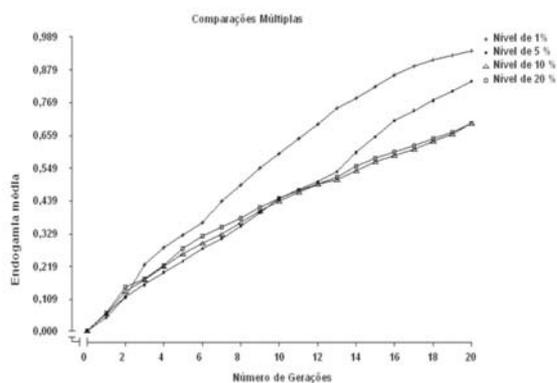


Figura 2 - Endogamia média para a característica de baixa herdabilidade durante 20 gerações sob SAMM de acordo com o nível de significância adotado (1%, 5%, 10% e 20%)..

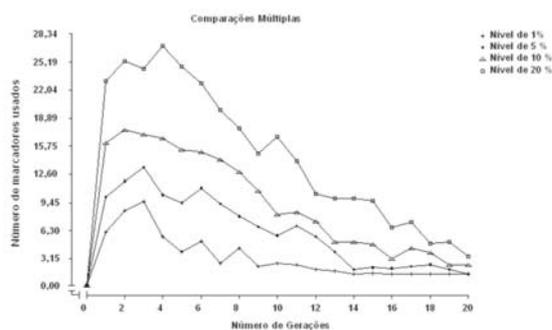


Figura 3 - Número médio de marcadores identificados e usados para a característica de baixa herdabilidade durante 20 gerações sob SAMM, de acordo com o nível de significância adotado (1%, 5%, 10% e 20%)..

Endogamia média

Na Figura 2, são apresentados os coeficientes médios de endogamia no decorrer de vinte gerações sob SAMM.

Em todos os quatro processos seletivos, observou-se uma tendência crescente do coeficiente de endogamia no decorrer das gerações, o que conduziu a valores elevados nas últimas gerações, sendo que, ao praticar seleção contínua sobre uma população, os coeficientes endogâmicos tendem a convergir para valores bem próximos de 1,0 (FALCONER, 1987).

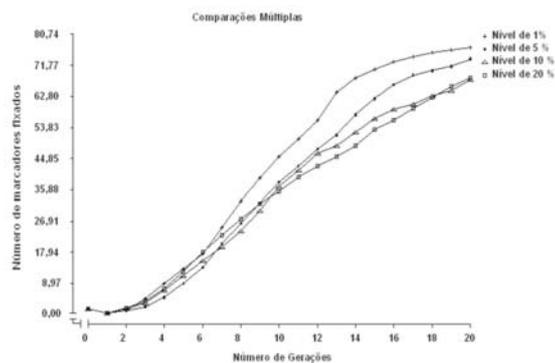


Figura 4 - Número médio de marcadores fixados para a característica de baixa herdabilidade durante 20 gerações sob SAMM, de acordo com o nível de significância adotado (1%, 5%, 10% e 20%)..

Número de marcadores identificados e fixados na SAMM

O resultado do número médio de marcadores identificados e utilizados na SAMM, dentre os 80 marcadores moleculares validados a cada nova geração, está apresentado na Figura 3. Já o número de marcadores fixados pode ser observado na Figura 4.

Considerando que a identificação de marcadores – QTLs depende do desequilíbrio de ligação entre alelos de locos marcadores e alelos segregantes nos locos que influenciam as características fenotípicas, da proximidade entre esses diferentes tipos de locos e da magnitude da diferença entre os efeitos genéticos dos alelos do loco quantitativo, espera-se que a SAMM com um maior número de marcadores selecionados apresente, em média, melhores respostas fenotípicas e genotípicas, que envolvam locos marcadores (EUCLYDES, 1996).

DISCUSSÃO

Valor fenotípico

Como pode ser observado na Figura 1, todos os quatro processos de seleção partiram de um mesmo valor fenotípico, que foi de 2,014 kg, referindo-se a característica peso de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,10$), progredindo no decorrer das gerações. A seleção visa a aumentar o

peso, objetivo alcançado em maior magnitude para os níveis de 5 %, 10% e, em especial, para o nível de 20 %. Nota-se que, a partir da 10ª geração, a significância de 1 % apresentou uma uniformidade no progresso fenotípico, resultante da aproximação do limite máximo da seleção, redução da variabilidade genética e diminuição do número de marcadores moleculares identificados e utilizados na seleção, em virtude da fixação da maioria dos locos alélicos.

É interessante notar que, a partir da 6ª / 7ª geração do processo de seleção, ao adotar níveis de significância de maior magnitude, obtêm-se os melhores resultados fenotípicos em relação ao nível de menor magnitude (1 %).

Para características de baixa herdabilidade, os processos de seleção mais indicados são aqueles que não se baseiam apenas no fenótipo do indivíduo, visto que, devido à herdabilidade baixa, o valor fenotípico não representa o valor genético do indivíduo de forma confiável.

Dessa forma, para otimizar o melhoramento genético, a seleção assistida por marcadores moleculares torna-se um bom indicativo para essas características, pois as avaliações são no nível de genoma, proporcionando uma maior precisão nos resultados. Contudo, apesar de maior precisão em relação aos outros métodos seletivos, sua eficiência não chega a ser muito superior, em função de a característica referida ser de baixa herdabilidade, em que a parte genética não chega a ser de grande importância, já que representa um caráter pouco herdável e altamente influenciado pelo ambiente.

Isso pode ser comprovado pelo baixo ganho fenotípico obtido ao término das vinte gerações sob seleção, mas diferente de acordo com a significância genômica admitida, diferença essa bem representativa, com uma superioridade de aproximadamente 62% no ganho fenotípico médio, ao adotar-se um nível de 20% (ganho de peso de 0,4701 kg) em comparação ao nível de 1% (ganho de peso de 0,2897 kg).

Assim, é aceitável que o nível de significância preestabelecido pelo pesquisador para a identificação e caracterização de marcadores moleculares – QTLs seja relevante

para a obtenção de melhorias na avaliação genômica, pois a detecção de marcas ligadas aos QTLs de interesse está mais associada à estatística do que a função biológica, em que o efeito do marcador – QTL sobre a expressão do caráter será estimado pela sua significância, uma vez que os marcadores selecionados sob níveis elevados de significância genômica (1% ou até mesmo 5%) terão grande efeito sobre o fenótipo em questão, ao passo que, para os níveis de maiores valores (10% e 20%), a exigência de uma relação entre o genótipo do marcador com a média fenotípica observada se reduz, tornando as marcas que forem selecionadas exclusivamente para os níveis de maior magnitude (marcas significativas entre 5% e 10% ao adotar o nível de 10% de significância e, marcas significativas entre 10% e 20% ao adotar o nível de 20% de significância) de baixo efeito. Contudo, quando consideradas em conjunto, terão um efeito coletivo benéfico sobre a característica fenotípica.

Ao adotar níveis de significância de menores valores (1% e 5%), também ditos erros do tipo I, o pesquisador estará trabalhando com uma maior precisão em seus resultados, visto que, de acordo com tais níveis, espera-se que, em 99% ou 95%, respectivamente, se esteja trabalhando com resultados representativos no nível de todo o genoma. Nesse caso, tem-se uma possibilidade baixa de erro, quando comparada aos níveis de maior magnitude (10% e 20%). Contudo, ao se ganhar em precisão, identificando realmente os genes que estejam relacionados com melhorias para a característica, poder-se-á estar perdendo em outros parâmetros importantes para a continuidade e o progresso do melhoramento, tais como o coeficiente de endogamia e o número de marcadores identificados e fixados na seleção.

Endogamia média

A Figura 2 evidencia uma distinção nos coeficientes endogâmicos médios ao término das vinte gerações sob SAMM, em que se observa uma maior média endogâmica para o nível de 1% já a partir da 3ª geração, que se perpetua no decorrer das demais. Já o nível de 5% mostrou-se superior em relação aos níveis de maio-

res valores a partir da 12ª geração. Os níveis de 10% e 20% não diferiram muito e apresentaram os menores valores endogâmicos médios. Essas médias endogâmicas menores podem ser fundamentais para benefícios fenotípicos futuros, como observado na Figura 1, visto que se faz necessária a existência de variabilidade genética para otimizar a detecção de marcadores ligados a QTLs, em que quanto maior for o nível endogâmico da população, menor será o número de marcas identificadas e posteriormente usadas na SAMM.

Admitindo-se níveis de significância de menores valores (1% e 5%), o rigor exigido na associação do genótipo do marcador com a expressão fenotípica do caráter poderá afetar a variabilidade genética da população. Ao ser criterioso na seleção de indivíduos que carregam apenas determinados genes de interesse com alta significância, o pesquisador favorecerá uma uniformidade genética entre eles, pois, de acordo com cada genoma animal, somente os que apresentam respectivos genes (marcas – QTLs) serão selecionados, uniformizando-se e propiciando-se a ocorrência de maiores coeficientes de endogamia (acasalamentos entre indivíduos aparentados), como pode ser observado na Figura 2. Assim, uma das razões da superioridade do valor fenotípico para seleções que adotaram níveis maiores (10% e 20%) está numa menor média endogâmica entre seus indivíduos, fator relevante para detecção de marcadores – QTLs de interesse.

Número de marcadores identificados e fixados na SAMM

Observa-se, na Figura 3, um maior número de marcadores identificados e usados na SAMM, ao se adotarem os níveis de maiores valores (10% e 20%) em virtude do efeito acumulativo, visto que, os marcadores que são significativos em nível de 1% também o serão para o nível de 5%. Os significativos no nível de 5% também o serão para o nível de 10%, e assim sucessivamente para os demais níveis.

Nota-se, na Figura 3, que o número de marcadores se reduz no decorrer das gerações, para os quatro processos de seleção praticados, de acordo com o nível de significância, como

conseqüência da fixação de marcadores que ocorre no decorrer das gerações, conforme apresentado na Figura 4. Os indivíduos selecionados com base nos marcadores – QTL significativos serão utilizados nas gerações seguintes de forma contínua, favorecendo-se a fixação e diminuído-se, assim, o número disponível de marcadores de interesse a serem utilizados na SAMM. A fixação de marcas foi superior para os níveis de 1% e 5%, devido à exigência de grande efeito entre o genótipo das marcas e a expressão fenotípica, assim como do número restrito de marcas selecionadas, o que favorece uma uniformidade entre os marcadores em relação ao seu genótipo e, conseqüentemente, o uso mais exaustivo dessas poucas marcas selecionadas.

Como características quantitativas são governadas por um grande número de genes, cada qual com pequeno efeito, em que a expressão do caráter é resultante do efeito coletivo de todos eles, ao se adotar um método de identificação de marcadores que use níveis de menores valores (1% ou 5%), poder-se-á prejudicar o efeito coletivo dos genes relacionados com a característica, pois somente os marcadores de alta significância, que apresentam marcadores – QTLs de elevado efeito, serão selecionados, desprezando-se demais marcas que não apresentam grande relevância. Já ao se adotarem os níveis de 10% e 20%, serão selecionados os marcadores – QTLs de maior efeito, assim como também os que apresentam efeitos de forma sugestiva sobre a expressão fenotípica, os quais, quando considerados de forma coletiva com outros marcadores – QTLs de menor significância (sugestivos), trariam resultados benéficos para o caráter, conforme pode ser observado na Figura 1.

Dessa forma, ao adotar níveis de menor significância (níveis de maior valor), o pesquisador estaria selecionando um maior número de marcadores possivelmente relacionados com a característica, maximizando a acurácia no que diz respeito às detecções gênicas no melhoramento genômico. Entretanto, a possibilidade de falhas na detecção de marcas ligadas a QTLs aumenta nesses níveis, em comparação com os níveis de 1% e 5%. Essas falhas observadas nas

detecções dos maiores níveis terão menor efeito, visto que os marcadores selecionados exclusivamente para esses níveis terão uma significância apenas sugestiva, ou seja, de baixo efeito. Já para os níveis de menores valores (alta significância), a detecção de marcas associadas ao fenótipo terá um efeito maior, em virtude da exigência estatística estabelecida, e uma possível falha atribuída à existência de erros na ordem de 1% ou 5% de probabilidade poderia resultar em maiores prejuízos, quando comparada às dos níveis de 10% e 20%, para o progresso fenotípico da característica.

CONCLUSÃO

Adotando-se diferentes níveis de significância na SAMM, foram obtidos ganhos fenotípicos distintos como resposta à seleção. Para os níveis de menores valores (1% e 5%), observaram-se os piores resultados; já para os níveis de 10% e 20%, as melhores respostas. Esses resultados mostram-se expressivos, pois a distinção entre os dois níveis extremos (1% e

20%) foi de aproximadamente 62% em relação aos valores fenotípicos, evidenciando ser de grande relevância a escolha de determinados níveis de significância genômica a serem utilizados na SAMM para as características de baixa herdabilidade.

Estudando os parâmetros genéticos, ao admitir níveis de alta significância (1% e 5%), um menor número de marcadores foi selecionado, assim como também se observou uma maior fixação de locos marcadores, o que leva a uma maior média endogâmica, minimizando as respostas a serem alcançadas com a SAMM. Em contrapartida, os níveis de baixa significância (10% e 20%) levaram a menores médias endogâmicas e a um menor número de marcadores fixados, além de um maior número de marcadores identificados na seleção, trazendo como consequência, maiores respostas (ganhos) na seleção.

Assim, o sucesso da implementação de estratégias para a seleção assistida por marcadores moleculares é dependente da ação conjunta de áreas como a biogenética e a estatística, que, quando assim consideradas, otimizarão os programas de melhoramento genômico.

Genomic significance level analysis on the identification of the molecular marker in low heritability characteristics

Abstract

The aim of this work was to analyze different significance levels in the identification of molecular markers related to a low heritability characteristic. A comparison among the levels of 1%, 5%, 10% and 20% was accomplished through a computer system of genetic simulation (GENESYS), using an assisted selection of molecular markers for their evaluation. The results indicated superiority of the higher magnitude significance levels (10% and 20%) compared to the lower values (1% and 5%), related to its phenotypic gains after the selection, besides the benefits in some genetic parameter (lower medium endogamy, higher number of identified markers and lower marker setting). This way, although the levels of 1% and 5% present a higher precision detecting the markers- QTLs (quantitative trait loci), they still need to improve the genetic benefits, resulting in phenotypic and lower genetics gains

Keywords: heritability; molecular markers - significance level - selection; QTL.

REFERÊNCIAS

ANDERSON, L. et al. Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in

pigs. ***Science***, Washington, DC, v.263, n.5154, p.1771-1774, 1994.

- BULFIELD, G. Strategies for the future. *Poult. Sci.*, Champaign, v.76, n.8, p.1071-1074, 1997.
- BURROW, M.D.; BLAKE, T.K. Molecular tools for the study of complex traits. In: PATERSON, A.H. (Ed.) *Molecular dissection of complex traits*. Boca Raton: CRC Press, 1998. p.13-30.
- DEKKERS, J.C.M. Breeding in the 21th century: application of molecular technology. In: ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF ANIMAL BREEDING AND GENETICS. *Proceedings*. Mandurah, 1999. v.13, p.1-16.
- EUCLYDES, R.F. *Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares*. 1996. 149f. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.
- FALCONER, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, 1987. 279p.
- GUIMARÃES, S.E.F.; PINHEIRO, L.E.L. Princípios básicos da utilização da genética molecular em melhoramento animal. In: PEREIRA, J.C.C. *Melhoramento genético aplicado à produção animal*. 2.ed. Belo Horizonte: Ed. da UFMG, 1996. p.354-373.
- HAYWARD, M.D. et al. Genetic markers and the selection of quantitative traits in forage grasses. *Euphytica*, Dordrecht, v.77, p.269-275, 1994.
- LANDE, R.; THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics*, Bethesda, v.124, p.743-756, 1990.
- LI, Z. Molecular analysis of epistasis. In: PATERSON, A.H. (Ed.) *Molecular dissection of complex traits*. Boca Raton: CRC Press, 1998. p.119-130.
- LIU, B.H. *Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis*. Boca Raton: CRC Press, 1998. 611p.
- WILLIAM, D.B. QTL analysis: power, precision and accuracy. In: PATERSON, A.H. (Ed.) *Molecular dissection of complex traits*. Boca Raton: CRC Press, 1998. p.145-162.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com o apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico

Recebido em / Received: 06/12/2007
Aceito em / Accepted: 07/04/2008