

Fixação de alelos e incremento fenotípico na seleção assistida por marcadores utilizando diferentes estratégias de acasalamento

Fixing of alleles and increment the phenotypic level selection assisted by markers using different mating strategies

JANGARELLI, Marcelo^{1*}, EUCLYDES, Ricardo Frederico²

¹Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Instituto de Ciências Exatas, Departamento de Matemática, Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil.

²Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

*Endereço para correspondência: gmejanga@hotmail.com

RESUMO

Objetivou-se com este trabalho avaliar o acasalamento seletivo mediante utilização da distribuição dos extremos, entre outras estratégias de acasalamento, na capacidade de beneficiar a fixação de alelos favoráveis e retardar a fixação de alelos desfavoráveis, bem como otimizar o incremento fenotípico da característica sob seleção assistida por marcadores. O sistema de simulação genética (*Genesys*) foi utilizado para a simulação de dois genomas (cada qual constituído de uma única característica com herdabilidade 0,10 e 0,40), e das populações base e inicial. Cada população inicial foi submetida à seleção assistida por marcadores, por dez gerações consecutivas. Para avaliação das estratégias de acasalamento foram estimadas as médias dos valores percentuais dos ganhos por fixação de alelos favoráveis, dos valores percentuais das perdas por fixação de alelos desfavoráveis e dos valores fenotípicos, em diferentes tamanhos de família, para as duas características. Em todos os cenários em que foram combinados herdabilidade e tamanho de família, o acasalamento seletivo foi superior aos demais, na capacidade de aumentar a fixação de alelos favoráveis e retardar a fixação de alelos desfavoráveis. Consequentemente, incrementos fenotípicos superiores foram obtidos. Este fato sinaliza maior detecção de locos de características quantitativas na seleção assistida por marcadores ao admitir o acasalamento seletivo, devido ao decréscimo gradual da variabilidade genética ao longo das gerações em decorrência da menor fixação de alelos desfavoráveis a característica.

Palavras-chave: acasalamento estratégico, genotipagem seletiva, simulação

SUMMARY

The objective of this work was to evaluate the selective mating using distribution of extremes, among other mating strategies, in its ability to benefit favorable setting alleles and delaying the unfavorable setting alleles, as well as optimize the phenotypic level feature under assisted selection by markers. The genetic simulation system (*Genesys*) was used to simulate of two genomes (each consisting of a single characteristic with heritability 0,10 and 0,40), and the base and original populations. Each initial population was submitted to assisted selection by markers for ten consecutive generations. For evaluation of mating strategies were estimated averages of the values as a percentage of earnings by fixing favorable alleles, percentage values of losses by setting unfavorable alleles and phenotypic values, in different family sizes, for the two characteristics. In all scenarios that used a combination heritability and family sizes, the selective mating was superior to others, having the ability to increase the setting of favorable alleles and delaying the unfavorable setting alleles. Consequently, phenotypic increments above were obtained. This fact signals major detection of quantitative trait loci in the assisted selection by markers for admitting selective mating, due to gradual decrease of genetic variability over the generations as a result of lower characteristics unfavorable alleles.

Keywords: selective genotyping, simulation, strategic mating

INTRODUÇÃO

A seleção possibilita aperfeiçoar o progresso genético no que diz respeito a produção animal (PIRES et al., 2010). Com a difusão de modernas metodologias de avaliação animal, como a seleção assistida por marcadores, procura-se potencializar os programas de melhoramento (ALZATE-MARIN et al., 2005). Todavia, pouca importância é atribuída aos impactos da seleção por marcadores na fixação de alelos, que está diretamente relacionado ao incremento fenotípico.

A quantificação da fixação de alelos é importante para estimar a resposta genética à seleção. Conforme Cunha et al. (2004), parâmetros como níveis de consanguinidade e variabilidade genética na população influenciam a fixação de alelos. A consanguinidade contribui para o acréscimo da homozigose, o que reduz a probabilidade de fixar genes favoráveis. O aumento da homozigose favorece o aparecimento de genes recessivos, o que corrobora para a fixação de alelos desfavoráveis. Os avanços ocorridos em programas de melhoramento contribuíram para o decréscimo da variabilidade genética na população, o que minimizou o incremento fenotípico obtido ao longo das gerações sob seleção (BREDA et al., 2004). Estratégias de acasalamento dirigido, a exemplo do acasalamento seletivo, podem contribuir para otimizar o valor fenotípico, por meio do aumento da fixação de alelos favoráveis e redução da fixação de alelos desfavoráveis, devido à capacidade em manter maior variabilidade genética e retardar o aumento da endogamia (LEE & VAN DER WERF, 2004).

Acasalamentos direcionados que permitem a utilização racional da variabilidade genética dos animais possibilitam avanços em programas de

melhoramento (SILVA et al., 2001; NEVES et al., 2009; PEREZ et al., 2010). O acasalamento seletivo, seguindo a metodologia da genotipagem seletiva que utiliza a distribuição dos extremos, é uma estratégia capaz de aumentar o poder de detecção de locos de características quantitativas (JIN et al., 2004; ROSA, 2007). No acasalamento seletivo são utilizados os indivíduos presentes nos extremos superior e inferior da distribuição normal de um parâmetro genético ou fenotípico avaliado na população experimental (BOVENHUIS & SPELMAN, 2000).

Neste trabalho, objetivou-se avaliar o acasalamento seletivo utilizando a distribuição dos extremos na capacidade de beneficiar a fixação de alelos favoráveis e retardar a fixação de alelos desfavoráveis, bem como otimizar o incremento fenotípico da característica sob seleção assistida por marcadores, via simulação de dados.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados para este trabalho dados simulados pelo programa de simulação genética *Genesys (Genetic System)*, versão 2009 (EUCLYDES, 1996). Esse sistema, escrito na linguagem de programação FORTRAN, foi desenvolvido para permitir a simulação de genomas complexos, e assim possibilitar o estudo de populações seguindo pressuposições genéticas e estatísticas de interesse. A possibilidade de simular diferentes estratégias de acasalamento contribui para o processo de tomada de decisão ao fornecer alicerce teórico para o desenvolvimento prático de pesquisas futuras (PAULA et al., 2010).

A simulação tem contribuído para o avanço da genômica e demais áreas do melhoramento genético, e pode ser empregada em qualquer etapa de um programa de melhoramento, para avaliar, comprovar ou refutar novas metodologias e técnicas. Em estudos relacionados à detecção de QTL, por exemplo, novas estratégias podem ser testadas em diferentes populações, tamanhos amostrais e características, entre outras pressuposições, sem o custo operacional e laboratorial que poderia ser gerado. A modelagem utilizada no processo de simulação deve ser suficientemente simples para ser operacionalizada e interpretada adequadamente, e seu desempenho deve ser incontestavelmente comparável com o modelo real.

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, em um total de 191 marcadores; 200 locos quantitativos associados a característica, distribuídos ao longo de 40 cromossomos de tamanho aleatório; os efeitos aditivos dos locos quantitativos 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; os dados fenotípicos simulados apresentaram média de 10,00 unidades e desvio padrão 2,00 unidades.

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 dez filhos/fêmea/macho (1.000 indivíduos), formaram-se as populações iniciais. Cada população inicial foi submetida à seleção assistida por marcadores, por dez gerações consecutivas com 20 repetições, a fim de minimizar os efeitos da flutuação genética. A utilização de marcadores moleculares nos programas de melhoramento, implementados pela seleção assistida por marcadores, pode beneficiar os processos de seleção quando se admite características de baixa e média herdabilidade, em que o ambiente tem considerável participação na expressão fenotípica (RODRIGUES et al., 2010). 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 estatisticamente 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. O número de progênies em cada cruzamento foi dependente do tamanho de família admitido. Esses descendentes formavam a geração seguinte.

Na seleção assistida por marcadores foram comparadas três estratégias de acasalamento, em cinco tamanhos 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. Avaliou-se o acasalamento seletivo entre os genitores, seguindo o princípio da genotipagem seletiva (distribuição dos extremos). Nessa estratégia, os machos e as fêmeas selecionados foram ranqueados separadamente, com base na informatividade dos marcadores. O acasalamento foi realizado entre os indivíduos posicionados nos extremos opostos, ou seja, procedeu-se o acasalamento entre os melhores machos (localizados no extremo superior de sua classificação) e as piores fêmeas (localizadas no extremo inferior de sua classificação), e vice versa (piores machos vs melhores fêmeas). Outras duas estratégias foram comparadas. Na primeira, entre os indivíduos selecionados, acasalaram-se os melhores machos com as melhores fêmeas e, também, os piores machos com as piores fêmeas. 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), foram simuladas 15 seleções assistidas por marcadores, combinando as três estratégias de acasalamento e os cinco tamanhos de família, todas partiram do mesmo valor fenotípico (10 unidades).

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.

A análise de associação entre marcadores e locos quantitativos pode ser estimada pela regressão dos valores da característica quantitativa em função dos escores relativos ao genótipo do marcador. Nesse caso, é necessário codificar os três genótipos do marcador (MM, Mm e mm) para se efetuar a análise de regressão. Em geral, são utilizados os códigos 1, 0 e -1 para efeito aditivo e 0, 1 e 0 para efeito atribuído a dominância, ou 2, 1 e 0 para efeito geral (quando se considera apenas o efeito aditivo), para os genótipos MM, Mm e mm, respectivamente (Tabela 1). Neste trabalho, os desvios de dominância foram desconsiderados, conforme relatado na caracterização genética dos genomas simulados. Dessa forma, para realizar a regressão linear simples na população, o seguinte modelo aditivo foi utilizado:

$$Y_j = \beta_0 + \beta_1 X_j + \varepsilon_j,$$

em que: Y_j = valor fenotípico da característica quantitativa avaliada no j -ésimo indivíduo da população; X_j = código do marcador (MM = 2, Mm = 1 e mm = 0); β_0 = intercepto da regressão (média da característica); β_1 = inclinação da reta para efeito aditivo; ε_j = erro aleatório manifestado na característica no j -ésimo indivíduo.

Assim, na avaliação de 100; 200; 300; 400 e 500 indivíduos em cada geração, para os tamanhos de família 10; 20; 30; 40 e 50, respectivamente, tem-se os dados a seguir:

Tabela 1. Codificação atribuída ao marcador de acordo com o seu genótipo

Genótipo	Número de indivíduos	Valores da característica	Código de X
MM	n_1	$y_{11}, y_{21}, \dots, y_{n_1,1}$	2
Mm	n_2	$y_{12}, y_{22}, \dots, y_{n_2,2}$	1
mm	n_3	$y_{13}, y_{23}, \dots, y_{n_3,3}$	0

As matrizes utilizadas no modelo $Y_j = \beta_0 + \beta_1 X_j + \varepsilon_j$ são descritas a seguir:

$$Y = \begin{bmatrix} y_{11} \\ y_{21} \\ \dots \\ y_{n_1,1} \\ y_{12} \\ y_{22} \\ \dots \\ y_{13} \\ y_{23} \\ \dots \\ y_{n_3,3} \end{bmatrix}_N \quad X = \begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 1 & 2 \\ \dots & \dots \\ 1 & 1 \\ 1 & 1 \\ \dots & \dots \\ 1 & 0 \\ 1 & 0 \end{bmatrix}_N \quad \beta = \begin{bmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \end{bmatrix} \quad \varepsilon = \begin{bmatrix} e_{11} \\ e_{21} \\ \dots \\ e_{12} \\ e_{22} \\ \dots \\ e_{n_3,3} \end{bmatrix}_N$$

Para comparação das estratégias de acasalamento adotadas na seleção assistida por marcadores foram estimadas as médias dos valores percentuais dos ganhos por fixação de alelos favoráveis, dos valores percentuais das perdas por fixação de alelos desfavoráveis e dos valores fenotípicos, em cada geração. As comparações entre os parâmetros estimados foram realizadas em cada nível de herdabilidade, de acordo com o tamanho de família.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas gerações iniciais observaram-se relativa equivalência nos valores percentuais dos ganhos por fixação de

alelos favoráveis entre as estratégias de acasalamento, para a característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,10$), em todos os tamanhos de família (Tabela 2). Entretanto, a partir das gerações intermediárias, especialmente para os menores tamanhos de família (10; 20 e 30), maiores percentuais foram observados ao adotar o acasalamento seletivo entre os melhores e os piores genitores selecionados (distribuição dos extremos). Nas famílias com 40 e 50 descendentes, os ganhos por fixação de alelos favoráveis foram semelhantes entre as estratégias de acasalamento ao longo das gerações, com pequena inferioridade para o acasalamento ao acaso nas gerações finais.

Tabela 2. Valores médios percentuais dos ganhos por fixação de alelos favoráveis e respectivos desvios padrão para característica de herdabilidade 0,10 ao longo de dez gerações sob seleção assistida por marcadores, de acordo com o tamanho de família (TF) e a estratégia de acasalamento (EA)

TF EA	Gerações									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
AA	1,50 ± 0,36	6,50 ± 2,45	12,05 ± 4,35	16,85 ± 5,80	20,35 ± 6,32	23,08 ± 6,27	26,75 ± 6,96	29,80 ± 6,92	32,55 ± 5,81	35,03 ± 5,96
10 MM	1,60 ± 0,34	6,32 ± 1,72	11,43 ± 4,44	17,33 ± 7,23	20,27 ± 6,07	24,48 ± 6,18	27,95 ± 6,15	31,42 ± 6,12	34,10 ± 6,42	36,40 ± 6,19
MP	1,52 ± 0,27	5,95 ± 0,97	10,45 ± 1,41	15,62 ± 2,96	19,90 ± 3,30	24,32 ± 3,64	27,88 ± 3,72	31,55 ± 3,50	34,30 ± 4,64	36,97 ± 4,18
AA	1,37 ± 0,31	7,73 ± 3,36	12,23 ± 3,62	15,77 ± 3,87	21,67 ± 5,19	26,25 ± 5,48	30,58 ± 3,73	33,60 ± 4,07	37,58 ± 4,67	39,85 ± 3,87
20 MM	1,62 ± 0,48	10,12 ± 3,35	12,90 ± 3,80	17,40 ± 4,39	21,98 ± 4,06	25,58 ± 4,03	29,35 ± 3,37	33,15 ± 3,20	35,95 ± 2,71	38,55 ± 2,76
MP	1,41 ± 0,25	8,65 ± 0,95	12,55 ± 2,28	17,10 ± 4,17	21,62 ± 4,14	26,17 ± 4,56	31,23 ± 4,95	35,00 ± 3,75	38,90 ± 3,63	41,17 ± 3,95
AA	1,48 ± 0,22	8,77 ± 3,12	13,62 ± 3,22	19,95 ± 4,51	26,08 ± 4,37	31,67 ± 4,26	36,45 ± 3,29	39,85 ± 3,40	43,38 ± 3,24	45,27 ± 2,64
30 MM	1,97 ± 0,29	11,55 ± 2,00	16,10 ± 3,22	21,45 ± 3,84	26,88 ± 3,64	31,55 ± 3,76	36,90 ± 3,56	39,62 ± 3,01	42,00 ± 1,77	44,90 ± 1,40
MP	1,86 ± 0,30	11,15 ± 1,36	17,18 ± 2,59	21,80 ± 3,64	27,88 ± 3,72	32,38 ± 3,36	37,12 ± 3,51	40,40 ± 3,17	43,77 ± 2,87	45,80 ± 3,35
AA	2,12 ± 0,31	12,62 ± 2,61	17,08 ± 3,08	22,02 ± 3,50	27,47 ± 3,11	31,15 ± 2,71	36,03 ± 2,22	40,60 ± 2,50	44,08 ± 2,29	47,42 ± 1,68
40 MM	2,31 ± 0,24	13,42 ± 2,31	18,55 ± 2,49	22,62 ± 1,91	28,72 ± 2,72	34,33 ± 3,40	38,47 ± 3,36	42,10 ± 2,62	45,55 ± 2,66	47,88 ± 2,78
MP	2,05 ± 0,19	12,68 ± 2,22	17,12 ± 2,69	22,60 ± 3,05	28,62 ± 3,45	33,95 ± 3,47	38,90 ± 3,46	42,60 ± 3,26	45,92 ± 2,82	48,22 ± 2,21
AA	2,04 ± 0,36	11,35 ± 2,51	18,55 ± 3,54	24,95 ± 3,97	30,08 ± 3,43	36,58 ± 3,40	40,67 ± 2,56	44,83 ± 2,30	47,38 ± 2,99	49,25 ± 2,62
50 MM	2,11 ± 0,32	12,15 ± 2,99	17,67 ± 2,39	25,60 ± 2,67	31,08 ± 2,51	37,65 ± 3,37	42,25 ± 2,67	44,53 ± 2,34	47,42 ± 2,01	49,08 ± 1,90
MP	2,09 ± 0,21	11,88 ± 1,29	18,58 ± 2,06	25,66 ± 2,91	30,95 ± 2,92	37,22 ± 2,09	42,47 ± 2,71	45,70 ± 2,16	47,93 ± 2,96	49,33 ± 2,55

AA = acasalamento ao acaso, MM = acasalamento melhores vs Melhores, MP = acasalamento seletivo (Distribuição dos Extremos).

Elevações nos percentuais por fixação de alelos desfavoráveis também foram observados para característica de baixa herdabilidade (Tabela 3). De acordo com Carneiro et al. (2007), a existência de correlações positivas entre os percentuais de alelos favoráveis e alelos desfavoráveis fixados, sugere que ao identificar locos quantitativos importantes, a fixação de alelos benéficos a característica promove perdas por fixação de alelos desfavoráveis de locos de menor importância. Desde o início das gerações, diferenças representativas foram observadas nos percentuais de alelos desfavoráveis fixados entre o acasalamento seletivo e as demais estratégias, com menores magnitudes para o primeiro, em todos os tamanhos de família. As maiores taxas de perdas por fixação de alelos desfavoráveis para os acasalamentos aleatórios e entre os melhores reduzem a variabilidade genética nas populações (CUNHA et al., 2004). A diminuição da diversidade genética nesses acasalamentos prejudica a detecção de locos quantitativos e, conseqüentemente, os ganhos a serem obtidos na seleção assistida por marcadores (ROCHA et al., 2008).

Maiores percentuais nos ganhos e perdas por fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis, respectivamente, foram notados nas famílias de maiores tamanhos. Nessas famílias, ao se considerar que o número de genitores selecionados foi mantido ao longo das gerações, o maior número de descendentes para os dez cruzamentos propicia maior probabilidade de acasalamento entre indivíduos aparentados, uma vez que o número de irmãos completos se eleva com o aumento do tamanho de família. Conforme Cunha et al. (2004), maiores percentuais na fixação de alelos, em especial quando atribuído à

fixação de alelos em locos quantitativos desfavoráveis, favorecem o esgotamento da variabilidade genética na população.

Ao se confrontarem os percentuais de ganhos e perdas, um saldo positivo de alelos favoráveis fixados é obtido, uma vez que a seleção é praticada no sentido de aumentar a frequência de alelos favoráveis à característica. Esse saldo é superior para o acasalamento seletivo em virtude de este proporcionar maior fixação de alelos favoráveis e menor de alelos desfavoráveis.

No início do processo seletivo (gerações iniciais) observou-se semelhança nos valores fenotípicos entre as estratégias de acasalamento para a característica de herdabilidade 0,10, em todos os tamanhos de família (Tabela 4). Contudo, a partir das gerações intermediárias, especialmente para as maiores famílias (30; 40 e 50), maior incremento fenotípico foi observado ao adotar o acasalamento seletivo. Entre as estratégias de acasalamento ao acaso e entre os melhores notam-se relativa similaridade no progresso fenotípico.

Como o poder de detecção de locos quantitativos na seleção assistida por marcadores está relacionado com o número de indivíduos e sua variabilidade genética, menores percentuais de fixação de alelos desfavoráveis resultantes em acasalamentos que envolvam indivíduos contrastantes, contribuem para melhorias nos programas de seleção (BHERING & CRUZ, 2008). Dessa forma, segundo Ruy et al. (2005) e Rosa (2007), é aceitável que a aplicação da distribuição dos extremos no acasalamento seletivo proporcione melhores resultados para a característica sobre a qual os indivíduos foram selecionados.

Tabela 3. Valores médios percentuais das perdas por fixação de alelos desfavoráveis e respectivos desvios padrão para característica de herdabilidade 0,10 ao longo de dez gerações sob seleção assistida por marcadores, de acordo com o tamanho de família (TF) e a estratégia de acasalamento (EA)

TF EA	Gerações									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
AA	1,42 ± 0,44	4,20 ± 1,99	7,88 ± 2,95	11,38 ± 3,97	12,98 ± 3,82	14,85 ± 3,67	16,99 ± 3,56	18,33 ± 3,44	19,90 ± 3,39	21,88 ± 3,75
10 MM	1,39 ± 0,41	3,80 ± 1,26	7,48 ± 3,20	11,58 ± 3,14	12,95 ± 3,72	15,05 ± 3,14	16,95 ± 3,19	18,38 ± 3,09	20,00 ± 3,28	21,08 ± 3,82
MP	0,88 ± 0,26	2,05 ± 0,83	3,47 ± 0,80	6,12 ± 1,92	8,30 ± 2,45	10,05 ± 3,06	11,45 ± 2,80	13,57 ± 2,90	15,42 ± 2,19	16,80 ± 2,34
AA	1,62 ± 0,47	8,28 ± 1,15	12,35 ± 2,52	14,73 ± 2,87	17,70 ± 3,36	20,25 ± 3,42	22,10 ± 2,54	23,90 ± 2,80	25,95 ± 2,82	27,18 ± 2,97
20 MM	1,84 ± 0,52	9,47 ± 2,05	12,48 ± 2,34	15,55 ± 3,33	18,23 ± 2,83	20,13 ± 2,97	22,03 ± 2,46	24,18 ± 2,18	25,83 ± 1,54	27,08 ± 1,68
MP	0,98 ± 0,33	2,43 ± 0,74	5,82 ± 1,35	8,35 ± 1,77	10,67 ± 1,32	13,47 ± 2,47	17,35 ± 2,43	20,90 ± 2,46	22,60 ± 2,40	23,95 ± 2,08
AA	1,56 ± 0,41	9,20 ± 2,09	13,10 ± 2,24	16,73 ± 2,86	20,30 ± 2,96	23,80 ± 2,89	26,40 ± 2,28	28,43 ± 2,57	30,30 ± 2,47	31,32 ± 2,37
30 MM	1,71 ± 0,42	10,17 ± 2,03	14,80 ± 2,43	17,83 ± 2,31	20,92 ± 2,27	23,88 ± 2,21	27,15 ± 2,28	28,35 ± 1,71	29,83 ± 1,45	31,45 ± 1,61
MP	1,04 ± 0,31	3,53 ± 0,84	6,60 ± 1,34	9,22 ± 1,59	12,63 ± 2,61	15,85 ± 2,26	18,57 ± 2,05	20,98 ± 2,05	22,80 ± 2,36	24,42 ± 2,28
AA	1,77 ± 0,52	12,78 ± 1,63	15,38 ± 1,14	18,29 ± 2,55	21,25 ± 2,50	23,23 ± 2,05	25,35 ± 1,94	28,00 ± 2,26	29,80 ± 2,06	30,93 ± 1,83
40 MM	1,92 ± 0,39	13,22 ± 1,50	16,45 ± 1,58	19,22 ± 1,07	21,68 ± 1,22	24,43 ± 1,61	25,98 ± 1,37	27,60 ± 1,09	28,90 ± 1,21	30,02 ± 1,99
MP	0,93 ± 0,30	4,46 ± 0,61	6,60 ± 1,55	11,27 ± 2,63	15,27 ± 2,24	17,95 ± 2,74	20,45 ± 2,29	23,55 ± 2,17	25,45 ± 2,02	27,10 ± 1,89
AA	1,75 ± 0,42	11,83 ± 1,35	16,15 ± 2,03	19,30 ± 2,79	21,43 ± 2,08	25,18 ± 2,03	27,23 ± 2,28	29,55 ± 2,10	31,10 ± 2,23	32,30 ± 2,13
50 MM	1,73 ± 0,46	11,97 ± 1,61	15,28 ± 1,72	20,20 ± 1,47	23,05 ± 1,91	26,33 ± 1,87	29,13 ± 1,82	29,95 ± 1,49	31,70 ± 1,67	32,33 ± 1,28
MP	1,01 ± 0,38	4,38 ± 0,99	9,15 ± 1,13	14,20 ± 2,13	16,57 ± 2,30	19,50 ± 1,95	21,85 ± 2,31	23,82 ± 1,65	25,80 ± 1,68	27,32 ± 1,35

AA = acasalamento ao acaso, MM = acasalamento melhores vs melhores, MP = acasalamento seletivo (Distribuição dos Extremos).

O acasalamento seletivo retarda a fixação de alelos desfavoráveis em até três gerações, em analogia às demais estratégias, o que mantém níveis mais altos de variabilidade genética entre os indivíduos. Indiretamente, esta estratégia otimiza a detecção de locos quantitativos, conforme a superioridade dos incrementos fenotípicos obtidos na seleção assistida por marcadores (Tabela 4). A estratégia seletiva de acasalamento pode reduzir o número de gerações para se obter incrementos fenotípicos similares quando comparado com os acasalamentos aleatórios, e entre os melhores. Como exemplo, a equivalência do valor fenotípico obtido para a família com 30 descendentes na 8ª geração ao adotar a distribuição dos extremos com os valores resultantes apenas na 10ª geração ao admitir os demais acasalamentos.

O acasalamento seletivo também possibilita melhores estimativas quando se compara famílias de diferentes tamanhos. Como exemplo, os valores fenotípicos obtidos nas gerações finais ao adotar acasalamento seletivo em famílias com 30 descendentes, superiores aos incrementos obtidos com os outros dois métodos de acasalamento, entretanto, admitindo famílias com 50 descendentes. Essa vantagem também se aplica à fixação de alelos desfavoráveis, pois menores percentuais das perdas por fixação foram estimados para a distribuição dos extremos nas maiores famílias (40 e 50), em analogia aos acasalamentos que não seguiram esta metodologia, contudo, admitindo tamanho de família com apenas 20 e 30 descendentes. Esse fato sugere que esse acasalamento estratégico favorece a variabilidade genética mesmo em grandes famílias. Os menores tamanhos de família que não adotaram essa estratégia assinalam maior detrimento da variância

genética, devido aos elevados percentuais das perdas por fixação de alelos desfavoráveis. Esses resultados corroboraram para reduzir o número de indivíduos requeridos na análise de locos quantitativos ao admitir o acasalamento seletivo na seleção assistida por marcadores, conforme relatado por Darvasi & Soller (1992) e Ruy et al. (2005).

Ao se submeter 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 ($h^2 = 0,40$), tem-se as estimativas dos percentuais dos ganhos por fixação de alelos favoráveis, dos percentuais das perdas por fixação de alelos desfavoráveis e dos valores fenotípicos nas Tabelas 5, 6 e 7, respectivamente. As diferenças entre os sistemas de acasalamento, de acordo com os tamanhos de família, foram mantidas para os percentuais dos ganhos por fixação (Tabela 5). Entretanto, a supremacia do acasalamento seletivo frente às demais estratégias foi mais elevada conforme as estimativas para esta característica ($h^2 = 0,40$), a partir das gerações intermediárias, o que otimizou a fixação de alelos favoráveis. As estimativas dos percentuais das perdas por fixação corroboraram para evidenciar a superioridade da distribuição dos extremos (Tabela 6). O acasalamento seletivo manteve a capacidade de retardar a fixação de alelos desfavoráveis em pelo menos uma geração, com maior relevância nas maiores famílias. Esse acasalamento mantém variabilidade genética semelhante aos demais acasalamentos quando se considera pelo menos uma geração a mais sob seleção assistida por marcadores.

Tabela 4. Valores fenotípicos médios e respectivos desvios padrão para característica de herdabilidade 0,10 ao longo de dez gerações sob seleção assistida por marcadores, de acordo com o tamanho de família (TF) e a estratégia de acasalamento (EA)

TF EA	Gerações									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
AA	10,82 ± 0,21	11,14 ± 0,25	11,42 ± 0,30	11,64 ± 0,34	11,84 ± 0,34	12,03 ± 0,37	12,20 ± 0,35	12,38 ± 0,33	12,43 ± 0,38	12,68 ± 0,44
10 MM	10,85 ± 0,21	11,10 ± 0,24	11,43 ± 0,30	11,63 ± 0,31	11,86 ± 0,34	12,17 ± 0,31	12,28 ± 0,33	12,48 ± 0,35	12,68 ± 0,31	12,80 ± 0,43
MP	10,83 ± 0,16	11,03 ± 0,18	11,27 ± 0,28	11,54 ± 0,26	11,84 ± 0,40	12,12 ± 0,36	12,26 ± 0,39	12,48 ± 0,47	12,70 ± 0,46	12,88 ± 0,43
AA	10,84 ± 0,13	11,25 ± 0,19	11,56 ± 0,25	11,76 ± 0,33	12,16 ± 0,37	12,31 ± 0,31	12,52 ± 0,37	12,74 ± 0,43	12,91 ± 0,51	13,01 ± 0,56
20 MM	10,81 ± 0,12	11,27 ± 0,22	11,45 ± 0,22	11,87 ± 0,28	12,03 ± 0,30	12,30 ± 0,31	12,46 ± 0,33	12,69 ± 0,34	12,89 ± 0,39	12,97 ± 0,48
MP	10,84 ± 0,12	11,19 ± 0,15	11,50 ± 0,18	11,86 ± 0,36	12,07 ± 0,45	12,30 ± 0,50	12,54 ± 0,57	12,80 ± 0,63	12,98 ± 0,72	13,09 ± 0,66
AA	10,83 ± 0,09	11,31 ± 0,21	11,59 ± 0,30	12,01 ± 0,44	12,22 ± 0,43	12,53 ± 0,48	12,75 ± 0,56	13,03 ± 0,52	13,07 ± 0,55	13,13 ± 0,53
30 MM	10,86 ± 0,11	11,32 ± 0,12	11,68 ± 0,29	12,07 ± 0,28	12,24 ± 0,37	12,55 ± 0,37	12,74 ± 0,50	12,93 ± 0,46	13,00 ± 0,44	13,13 ± 0,50
MP	10,82 ± 0,09	11,27 ± 0,19	11,58 ± 0,31	11,99 ± 0,30	12,23 ± 0,32	12,58 ± 0,37	12,84 ± 0,45	13,12 ± 0,52	13,21 ± 0,48	13,41 ± 0,52
AA	10,88 ± 0,08	11,34 ± 0,16	11,74 ± 0,33	12,15 ± 0,38	12,50 ± 0,34	12,70 ± 0,45	12,89 ± 0,50	13,10 ± 0,51	13,21 ± 0,48	13,33 ± 0,56
40 MM	10,80 ± 0,07	11,36 ± 0,18	11,82 ± 0,24	12,21 ± 0,30	12,53 ± 0,37	12,74 ± 0,41	12,96 ± 0,41	13,15 ± 0,48	13,29 ± 0,39	13,38 ± 0,45
MP	10,80 ± 0,10	11,29 ± 0,16	11,79 ± 0,33	12,18 ± 0,34	12,59 ± 0,33	12,78 ± 0,42	13,06 ± 0,46	13,23 ± 0,46	13,46 ± 0,49	13,54 ± 0,51
AA	10,84 ± 0,10	11,36 ± 0,18	11,87 ± 0,20	12,27 ± 0,25	12,52 ± 0,27	12,74 ± 0,27	12,86 ± 0,29	13,04 ± 0,30	13,20 ± 0,26	13,29 ± 0,41
50 MM	10,83 ± 0,07	11,36 ± 0,14	11,89 ± 0,31	12,32 ± 0,35	12,54 ± 0,42	12,80 ± 0,49	12,92 ± 0,50	13,09 ± 0,52	13,24 ± 0,57	13,31 ± 0,54
MP	10,86 ± 0,08	11,35 ± 0,18	11,89 ± 0,26	12,35 ± 0,30	12,64 ± 0,27	12,88 ± 0,33	13,03 ± 0,41	13,26 ± 0,41	13,47 ± 0,36	13,54 ± 0,44

AA = acasalamento ao acaso, MM = acasalamento melhores vs melhores, MP = acasalamento seletivo (Distribuição dos Extremos).

Tabela 5. Valores médios percentuais dos ganhos por fixação de alelos favoráveis e respectivos desvios padrão para característica de herdabilidade 0,40 ao longo de dez gerações sob seleção assistida por marcadores, de acordo com o tamanho de família (TF) e a estratégia de acasalamento (EA)

TF EA	Gerações									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
AA	1,21 ± 0,36	2,30 ± 1,07	4,65 ± 1,46	8,98 ± 2,11	12,10 ± 2,94	16,80 ± 3,21	21,33 ± 4,89	25,58 ± 6,42	29,80 ± 6,10	32,65 ± 6,12
10 MM	1,02 ± 0,28	1,83 ± 0,71	4,47 ± 2,10	8,35 ± 2,04	11,88 ± 2,61	16,02 ± 3,14	20,60 ± 3,47	25,08 ± 4,86	28,77 ± 4,14	32,03 ± 4,01
MP	1,17 ± 0,27	2,42 ± 0,82	4,57 ± 1,29	8,22 ± 1,94	11,95 ± 3,29	17,20 ± 4,08	21,60 ± 4,20	26,88 ± 5,37	30,55 ± 4,66	33,88 ± 5,33
AA	2,26 ± 0,49	5,62 ± 1,00	12,45 ± 3,10	17,67 ± 3,48	23,17 ± 3,69	27,90 ± 3,28	32,22 ± 3,51	37,62 ± 3,29	41,22 ± 4,22	43,33 ± 3,77
20 MM	2,35 ± 0,52	6,25 ± 1,55	12,95 ± 2,74	17,95 ± 2,64	23,08 ± 3,38	27,33 ± 3,94	31,38 ± 3,10	36,35 ± 2,63	40,72 ± 2,65	43,65 ± 2,26
MP	2,16 ± 0,41	5,20 ± 0,78	12,32 ± 1,46	18,70 ± 2,52	24,12 ± 2,80	31,08 ± 2,37	35,33 ± 2,74	38,95 ± 2,98	42,83 ± 3,30	46,42 ± 2,79
AA	3,01 ± 0,63	10,65 ± 2,66	16,92 ± 2,49	22,10 ± 2,68	27,45 ± 3,46	33,38 ± 2,92	37,20 ± 2,24	41,40 ± 2,68	44,58 ± 2,29	46,75 ± 2,53
30 MM	2,97 ± 0,54	9,25 ± 2,16	15,35 ± 2,48	21,52 ± 3,26	27,17 ± 3,39	32,58 ± 2,64	36,50 ± 2,73	41,95 ± 2,22	44,65 ± 2,95	47,25 ± 2,47
MP	3,04 ± 0,57	10,25 ± 1,50	15,60 ± 1,03	21,58 ± 2,42	27,73 ± 2,70	34,08 ± 2,34	39,22 ± 2,16	43,40 ± 2,11	47,05 ± 2,12	50,70 ± 1,96
AA	2,77 ± 0,34	12,70 ± 2,03	18,40 ± 1,96	23,08 ± 2,22	31,33 ± 3,03	37,75 ± 2,51	41,90 ± 2,34	45,78 ± 2,01	48,97 ± 2,09	51,15 ± 2,24
40 MM	2,87 ± 0,29	13,73 ± 3,38	19,25 ± 2,59	23,62 ± 2,68	30,98 ± 2,62	37,95 ± 2,57	41,12 ± 2,38	45,47 ± 2,56	48,83 ± 2,26	51,98 ± 2,34
MP	2,69 ± 0,25	10,25 ± 2,42	16,23 ± 2,30	22,90 ± 3,21	31,52 ± 3,50	38,17 ± 2,52	42,85 ± 2,26	48,42 ± 2,22	52,15 ± 2,16	54,40 ± 1,67
AA	3,10 ± 0,52	13,62 ± 2,49	19,65 ± 2,06	25,13 ± 2,20	30,65 ± 2,58	35,90 ± 2,25	40,53 ± 2,12	44,47 ± 2,05	48,40 ± 2,24	52,10 ± 1,87
50 MM	3,08 ± 0,55	13,43 ± 2,76	19,60 ± 2,46	26,73 ± 2,53	31,83 ± 2,31	37,15 ± 2,90	42,10 ± 2,44	45,83 ± 2,17	48,65 ± 2,30	52,35 ± 1,99
MP	3,09 ± 0,56	12,62 ± 1,63	18,68 ± 1,56	25,02 ± 2,50	33,17 ± 2,20	39,47 ± 2,06	43,15 ± 2,30	48,30 ± 2,15	53,20 ± 1,71	56,03 ± 1,82

AA = acasalamento ao acaso, MM = acasalamento melhores vs melhores, MP = acasalamento seletivo (Distribuição dos Extremos).

Tabela 6. Valores médios percentuais das perdas por fixação de alelos desfavoráveis e respectivos desvios padrão para característica de herdabilidade 0,40 ao longo de dez gerações sob seleção assistida por marcadores, de acordo com o tamanho de família (TF) e a estratégia de acasalamento (EA)

TF EA	Gerações									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
AA	0,43 ± 0,22	1,08 ± 0,78	2,50 ± 1,09	5,03 ± 1,22	6,55 ± 1,76	8,55 ± 1,59	10,85 ± 2,62	12,78 ± 3,46	14,75 ± 3,27	15,95 ± 3,25
10 MM	0,45 ± 0,21	1,03 ± 0,53	2,85 ± 0,92	4,48 ± 1,19	6,25 ± 2,16	8,23 ± 2,36	10,23 ± 2,09	12,63 ± 3,01	13,90 ± 3,07	15,18 ± 2,91
MP	0,41 ± 0,18	1,00 ± 0,49	1,95 ± 0,84	3,55 ± 1,32	5,47 ± 1,70	7,95 ± 2,51	10,05 ± 2,40	12,07 ± 3,21	13,65 ± 3,02	14,85 ± 3,18
AA	0,67 ± 0,31	3,40 ± 0,91	7,88 ± 2,96	11,55 ± 3,37	14,03 ± 2,89	16,83 ± 3,00	19,73 ± 3,37	22,45 ± 2,70	24,20 ± 2,66	26,00 ± 2,23
20 MM	0,72 ± 0,33	3,43 ± 0,95	9,05 ± 3,21	12,05 ± 2,22	14,68 ± 2,59	16,68 ± 2,34	19,09 ± 2,19	21,75 ± 2,37	23,95 ± 1,80	25,98 ± 1,85
MP	0,58 ± 0,24	2,70 ± 0,36	6,17 ± 1,17	9,20 ± 2,42	11,87 ± 3,06	14,72 ± 2,99	16,85 ± 2,84	18,82 ± 2,74	20,37 ± 3,05	22,55 ± 2,64
AA	1,16 ± 0,40	7,25 ± 2,25	11,62 ± 1,92	15,00 ± 1,99	18,08 ± 2,82	21,15 ± 2,33	23,00 ± 2,11	24,68 ± 2,28	26,05 ± 2,52	27,07 ± 2,46
30 MM	1,07 ± 0,37	5,88 ± 1,17	9,93 ± 1,27	12,88 ± 2,30	16,03 ± 2,70	18,90 ± 2,52	21,15 ± 2,78	24,15 ± 2,07	25,65 ± 2,48	26,98 ± 2,47
MP	0,98 ± 0,32	5,75 ± 1,07	7,77 ± 0,97	11,82 ± 1,92	14,52 ± 2,48	17,62 ± 2,50	20,12 ± 1,99	21,95 ± 1,89	23,12 ± 1,44	24,13 ± 1,19
AA	2,74 ± 0,46	11,20 ± 2,96	14,25 ± 1,85	17,50 ± 2,06	21,42 ± 2,05	24,07 ± 2,03	25,30 ± 1,74	27,22 ± 1,43	28,65 ± 1,29	29,42 ± 1,45
40 MM	2,18 ± 0,41	9,63 ± 2,74	13,20 ± 2,23	16,40 ± 2,17	19,55 ± 2,06	22,03 ± 2,03	23,90 ± 1,87	25,85 ± 1,26	27,38 ± 1,46	28,85 ± 1,41
MP	1,51 ± 0,40	5,85 ± 2,49	9,63 ± 2,19	13,00 ± 2,61	16,50 ± 2,73	19,20 ± 2,41	21,05 ± 1,47	23,35 ± 1,06	25,02 ± 1,26	25,85 ± 1,12
AA	2,02 ± 0,35	11,30 ± 2,76	14,73 ± 2,03	17,15 ± 1,95	20,25 ± 2,31	22,53 ± 2,28	24,53 ± 2,01	26,40 ± 1,97	27,83 ± 1,65	29,45 ± 1,55
50 MM	2,05 ± 0,38	10,38 ± 3,11	14,85 ± 2,01	17,73 ± 2,33	20,52 ± 1,84	22,88 ± 1,87	25,15 ± 2,20	26,58 ± 1,76	27,98 ± 1,54	29,50 ± 1,21
MP	1,24 ± 0,29	6,02 ± 1,62	9,82 ± 1,26	14,00 ± 1,78	17,00 ± 1,54	19,60 ± 1,45	21,25 ± 1,69	23,85 ± 1,68	25,20 ± 1,37	26,40 ± 1,36

AA = acasalamento ao acaso, MM = acasalamento melhores vs melhores, MP = acasalamento seletivo (Distribuição dos Extremos).

Tabela 7. Valores fenotípicos médios e respectivos desvios padrão para característica de herdabilidade 0,40 ao longo de dez gerações sob seleção assistida por marcadores, de acordo com o tamanho de família (TF) e a estratégia de acasalamento (EA)

TF	EA	Gerações									
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
10	AA	11,67 ± 0,19	12,33 ± 0,26	12,76 ± 0,32	13,38 ± 0,39	14,00 ± 0,46	14,53 ± 0,61	15,12 ± 0,65	15,70 ± 0,79	16,16 ± 0,79	16,58 ± 0,86
	MM	11,68 ± 0,19	12,24 ± 0,29	12,80 ± 0,34	13,46 ± 0,37	14,12 ± 0,47	14,73 ± 0,42	15,25 ± 0,40	15,87 ± 0,48	16,35 ± 0,51	16,87 ± 0,65
	MP	11,62 ± 0,23	12,59 ± 0,31	13,33 ± 0,43	13,98 ± 0,58	14,65 ± 0,59	15,23 ± 0,64	15,97 ± 0,61	16,49 ± 0,72	16,89 ± 0,69	17,26 ± 0,65
20	AA	11,72 ± 0,13	12,29 ± 0,33	13,15 ± 0,28	14,01 ± 0,44	14,69 ± 0,52	15,40 ± 0,61	16,11 ± 0,70	16,62 ± 0,70	17,07 ± 0,69	17,37 ± 0,82
	MM	11,70 ± 0,16	12,39 ± 0,26	13,21 ± 0,31	13,97 ± 0,28	14,57 ± 0,51	15,28 ± 0,67	16,03 ± 0,63	16,47 ± 0,66	17,04 ± 0,73	17,41 ± 0,81
	MP	11,68 ± 0,16	12,88 ± 0,24	13,85 ± 0,34	14,73 ± 0,45	15,59 ± 0,47	16,24 ± 0,61	16,94 ± 0,70	17,42 ± 0,82	17,94 ± 0,86	18,31 ± 1,00
30	AA	11,64 ± 0,10	12,28 ± 0,23	13,19 ± 0,36	14,10 ± 0,46	14,82 ± 0,44	15,43 ± 0,43	16,04 ± 0,53	16,69 ± 0,56	17,10 ± 0,67	17,33 ± 0,81
	MM	11,65 ± 0,11	12,36 ± 0,21	13,21 ± 0,38	14,30 ± 0,38	15,09 ± 0,51	15,77 ± 0,55	16,48 ± 0,57	17,06 ± 0,55	17,44 ± 0,75	17,72 ± 0,84
	MP	11,65 ± 0,10	12,89 ± 0,34	14,19 ± 0,45	15,15 ± 0,41	15,98 ± 0,52	16,70 ± 0,49	17,32 ± 0,60	17,86 ± 0,61	18,27 ± 0,56	18,69 ± 0,58
40	AA	11,66 ± 0,09	12,31 ± 0,24	13,36 ± 0,43	14,18 ± 0,52	14,89 ± 0,66	15,58 ± 0,77	16,07 ± 0,79	16,58 ± 0,89	17,04 ± 0,92	17,29 ± 0,90
	MM	11,66 ± 0,14	12,41 ± 0,19	13,50 ± 0,46	14,45 ± 0,60	15,32 ± 0,65	16,02 ± 0,69	16,62 ± 0,66	17,03 ± 0,76	17,46 ± 0,82	17,82 ± 0,93
	MP	11,65 ± 0,10	12,87 ± 0,41	14,21 ± 0,60	15,12 ± 0,67	16,12 ± 0,76	16,86 ± 0,74	17,44 ± 0,68	17,97 ± 0,69	18,42 ± 0,85	18,75 ± 0,84
50	AA	11,65 ± 0,08	12,43 ± 0,16	13,56 ± 0,32	14,49 ± 0,43	15,27 ± 0,46	16,04 ± 0,48	16,58 ± 0,66	17,11 ± 0,66	17,49 ± 0,82	17,88 ± 0,96
	MM	11,63 ± 0,08	12,35 ± 0,25	13,49 ± 0,53	14,45 ± 0,69	15,31 ± 0,80	16,03 ± 0,95	16,62 ± 1,15	17,07 ± 1,26	17,46 ± 1,36	17,84 ± 1,38
	MP	11,66 ± 0,07	12,94 ± 0,22	14,15 ± 0,50	15,12 ± 0,70	15,96 ± 0,73	16,72 ± 0,66	17,32 ± 0,77	17,87 ± 0,75	18,19 ± 0,85	18,44 ± 0,92

AA = acasalamento ao acaso, MM = acasalamento melhores vs melhores, MP = acasalamento seletivo (Distribuição dos Extremos).

Os incrementos fenotípicos evidenciam novamente a eficiência do acasalamento seletivo sobre as demais estratégias, face sua superioridade a partir das gerações intermediárias (Tabela 7). Maiores progressos fenotípicos foram obtidos com menor número de gerações sob seleção assistida por marcadores ao adotar este acasalamento.

Observa-se que o ganho fenotípico médio foi superior em analogia a característica anterior ($h^2 = 0,10$), por considerar um caráter com maior herdabilidade. Os demais resultados seguiram os padrões relatados na característica de baixa herdabilidade, com preeminência do acasalamento seletivo.

A busca por novas metodologias experimentais que visem retardar os impactos da fixação de alelos desfavoráveis permitirá melhor utilização da variabilidade genética disponível na população, otimizando os programas de melhoramento genético.

O acasalamento seletivo potencializa a fixação de alelos favoráveis e retarda a fixação de alelos desfavoráveis a característica. Esta estratégia otimiza o incremento fenotípico e, indiretamente, viabiliza a detecção de locos quantitativos na seleção assistida por marcadores por beneficiar a variabilidade genética entre os indivíduos.

REFERÊNCIAS

- ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGNI, G.D.L.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, n.4, p.333-342, 2005.
- 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.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, P.L.S.; SARMENTO, J.L.R.; TORRES FILHO, R.A.; MOITA, A.K.F. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.2017-2025, 2004.
- CARNEIRO, P.L.S.; MACHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F.; CARNEIRO, A.P.S.; CUNHA, E.E. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.2, p.369-375, 2007.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; RIBEIRO JUNIOR, J.I.; CARNEIRO, P.L.S. Variabilidade genética e limite da seleção em populações de diferentes tipos de acasalamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.56, n.2, p.242-250, 2004.
- DARVASI, A.; SOLLER, M. Selective genotyping for determination of linkage between a marker locus and a quantitative trait locus. **Theoretical and Applied Genetics**, v.85, n.2-3, p.353-359, 1992.

EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares.** 1996. 149p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

JIN, C.; LAN, H.; ATTIE, A.D.; CHURCHILL, G.A.; BULUTUGLO, D.; YANDELL, B.S. Selective phenotyping for increased efficiency in genetic mapping studies. **Genetics**, v.168, n.4, p.2285-2293, 2004.

LEE, S.H.; VAN DER WERF, J.H.J. The efficiency of designs for fine-mapping of quantitative trait loci using combined linkage disequilibrium and linkage. **Genetics Selection Evolution**, v.36, n.2, p.145-161, 2004.

NEVES, H.H.R.; CAVALHEIRO, R.; CARDOSO, V.; FRIES, L.A.; QUEIROZ, S.A. 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.

PAULA, E.J.H.; MAGNABOSCO, C.U.; VIU, M.A.O.; LOPES, D.T.; SAINZ, R.D.; SAUERESSIG, M.G.; MARTHA JUNIOR, G.B.; WILLIAMS, C. Simulação dos impactos da seleção para crescimento e habilidade materna sobre a eficiência reprodutiva de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.11, n.3, p.641-650, 2010.

PEREZ, H.L.; SILVA SOBRINHO, A.G.; MORENO, G.M.B.; LEÃO, A.G.; QUEIROZ, S.A.; ANDRADE, A.T.; BARROZO, D. Características de crescimento para avaliar o desempenho de ovelhas lanadas em cruzamento absorvente. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.11, n.3, p.662-771, 2010.

PIRES, B.C.; FARIA, C.U.; VIU, M.A.O.; TERRA, J.P.; LOPES, D.T.; MAGNABOSCO, C.U.; LÔBO, R.B. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.11, n.3, p.651-661, 2010.

ROCHA, J.L.; FERRAZ, J.B.S.; CAETANO, A.R.; SOUSA, W.H. Marcadores moleculares e lócus quantitativos: uma contribuição para a caprino-ovinocultura de corte no Nordeste do Brasil. **Tecnologia e Ciência Agropecuária**, v.2, n.3, p.1-6, 2008.

RODRIGUES, J.I.S.; MIRANDA, F.D.; FERREIRA, A.; BORGES, L.L.; FERREIRA, M.F.S.; GOOD-GOD, P.I.V.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, M.A. Mapeamento de QTL para conteúdos de proteína e óleo em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.5, p.472-480, 2010.

ROSA, G.J.M. Delineamento de experimentos em genética genômica. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, suplemento especial, p.211-218, 2007.

RUY, D.C.; NONES, K.; BARON, E.E.; LEDUR, M.C.; MELO, C.M.R.; AMBO, M.; CAMPOS, R.L.R.; COUTINHO, L.L. Strategic marker selection to detect quantitative trait loci in chicken. **Scientia Agricola**, v.62, n.2, p.111-116, 2005.

SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.; COBUCI, J.A.; GUARAGNA, G.P.; OLIVEIRA, P.R.P. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do Ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1236-1242, 2001.

Data de recebimento: 22/10/2010

Data de aprovação: 03/06/2011