

## Estimativa de parâmetros genéticos utilizando diferentes níveis de saturação no mapeamento genômico

### *Estimation of genetic parameters using different saturation levels in genomic mapping*

Marcelo Jangarelli<sup>1</sup>, Ricardo Frederico Euclides<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento – Universidade Federal de Viçosa (UFV);

<sup>2</sup>Professor do Departamento de Zootecnia – Universidade Federal de Viçosa (UFV); Linhares, ES, Brasil

#### Resumo

Foram simulados mapeamentos genéticos utilizando diferentes níveis de saturação por marcadores para estimar os parâmetros: valor fenotípico, endogamia, alelos favoráveis fixados e frequência de alelos da característica, na seleção assistida por marcadores (MAS). Procedeu-se à análise de agrupamento com os valores fenotípicos, com a finalidade de se obterem densidades que otimizassem os incrementos fenotípicos. O sistema de simulação genética *Genesys* foi utilizado para simular o genoma, constituído de uma característica quantitativa de herdabilidade 0,10, e as populações base e inicial. A população inicial foi submetida à MAS por vinte gerações consecutivas. Ela foi conduzida em diferentes níveis de saturação, representados pela distância, em centiMorgan (cM), entre marcadores adjacentes. Foram praticadas 15 MAS, cada qual correspondendo às densidades: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28 e 30 cM. O mapeamento, empregando de média a alta densidade de marcadores, assinalou eficiência nos progressos fenotípicos ao longo das gerações sob seleção. Essa alta saturação também beneficiou a fixação de alelos favoráveis, elevando a frequência de alelos relacionados à característica, apesar do acréscimo mais eminente na endogamia. A análise de agrupamento indicou otimização e correspondência nos valores fenotípicos ao admitir as densidades de 4 e 6 cM, além de ganhos expressivos para a saturação de 2, 8, 10, 12 e 14 cM.

**Palavras-chave:** Mapeamento genético – Densidade de marcadores – Análise de agrupamento – Seleção assistida por marcadores – QTL.

#### Abstract

Genetic mappings were simulated using different saturation levels by markers to estimate the following parameters: phenotypic value, endogamy, favorable fixed allele and frequency of allele of the trait, in the marker-assisted selection (MAS). Cluster analysis was realized, using the phenotypic values in order to obtain densities that could optimize the phenotypic increments. The genetic simulation system - *Genesys* was used to simulate the genome, consisting of a heritability quantitative characteristic (0.10), and the base and initial populations. The initial population was submitted to MAS for twenty consecutive generations. It was conducted at different saturation levels, represented by the distance in centiMorgan (cM) among adjacent markers. 15 MAS were realized, each one corresponding to densities: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28 and 30 cM. Mapping using medium to high density of markers indicated efficiency of phenotypic progress along generations under selection. This high saturation was also a benefit to the setting of favorable alleles, increasing the frequency of alleles related to the trait, although the most prominent increase in inbreeding. Cluster analysis indicated optimization and correlation in phenotypic values, when assuming the densities of 4 and 6 cM, and significant gains for the saturation of 2, 8, 10, 12 and 14 cM.

**Keywords:** Genetic mappings – Density of markers – Cluster analysis – Marker-assisted selection – QTL.

## INTRODUÇÃO

A maioria das características agrônômicas e zootécnicas de interesse econômico apresenta natureza quantitativa, em que os valores são obtidos por mensuração, resultando em distribuição contínua dos dados. Elas são controladas por vários genes, os quais podem apresentar pequeno efeito sobre a característica, cuja expressão pode receber considerável participação do ambiente. Lande (1981) sugeriu que esses genes poderiam explicar uma proporção considerável da variação genética das características quantitativas, sendo designados QTL (*Quantitative Trait Loci*).

Os QTL (*Quantitative Trait loci*) são regiões genômicas

associadas às características quantitativas. Essas regiões são identificadas a partir de associações estatísticas significativas entre valores genotípicos de marcadores moleculares e a variabilidade fenotípica existente em uma população.

Com o desenvolvimento da biotecnologia, tornou-se possível identificar grande número de marcadores genéticos, utilizados para genotipar indivíduos detentores das características de interesse. Esses marcadores demonstram grande potencial na localização de regiões genômicas que controlam as características quantitativas (QTL). Eles são utilizados como ferramentas para elucidar a arquitetura genética dos caracteres complexos em plantas e animais, com a construção de mapas genéticos e o mapeamento de QTL. Sua implementação em programas de melhoramento dá-se por meio da seleção assistida por marcadores (*Marker*

Recebido em 10 de setembro de 2009; revisado em 02 de fevereiro de 2010  
Correspondência / Correspondence: Dr. Marcelo Jangarelli.  
Universidade Federal de Viçosa (UFV). Rua Pio X, 11, Bairro Novo  
Horizonte. 29902-090 Linhares – Espírito Santo – Brasil. Tel.: (31)  
8737-8521; (27) 3373-2417. E-mail: gmejanga@hotmail.com

*Assisted Selection* – MAS) (LEE; VAN DER WERF, 2004). Essa seleção pode auxiliar e otimizar programas de melhoramento animal, especialmente aqueles em que as características sob seleção são de difícil mensuração, de elevado custo na avaliação, de baixa herdabilidade ou limitadas pelo sexo (LEDUR et al., 2004).

O número de marcadores utilizados no mapeamento é um fator relevante na identificação de ligações significativas entre marcador e QTL. A utilização de poucos marcadores distribuídos aleatoriamente diminui as chances de se encontrar desequilíbrio de ligação entre marcador e QTL, o que é fundamental para detectar lócus quantitativos. Já o uso de muitos marcadores genotipados e avaliados sob baixo rigor estatístico poderá levar a falsas ligações (QTL fantasmas).

Na tentativa de explorar e descrever padrões de similaridade em unidades amostrais, que podem ser representadas por tratamentos, genótipos ou indivíduos, a análise de agrupamento se destaca devido à sua versatilidade, o que permite sua aplicação em diversas áreas da ciência (EVERITT, 1993). Ela representa uma técnica estatística multivariada, cujo objetivo é estabelecer uma estrutura classificatória ou o reconhecimento de grupos distintos, dividindo-se as unidades amostrais em vários subgrupos, seguindo algum critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI, 1994).

Objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos em população submetida à seleção assistida por marcadores, avaliando a eficiência de diferentes densidades de marcadores (níveis de saturação) no mapeamento genômico, por meio de processo de simulação. Aplicou-se a análise de agrupamento para identificar densidades de marcadores similares em relação aos incrementos fenotípicos.

## MATERIAIS E MÉTODOS

Foram utilizados, neste trabalho, dados simulados pelo sistema de simulação genética Genesys (*Genetic System*), versão 2009, desenvolvido por Euclides (1996). Esse sistema foi escrito na linguagem de programação FORTRAN. Ele permite simulação de material genético, em que a expressão de uma característica é determinada pela contribuição de diversos genes e por efeitos ambientais, possibilitando simular genomas complexos, em diferentes cenários, de acordo com pressuposições genéticas e estatísticas de interesse.

Foi simulado um genoma hipotético, constituído de uma característica quantitativa com herdabilidade baixa ( $h^2 = 0,10$ ). O genoma proposto estava caracterizado geneticamente: apresentava 958 centiMorgan (cM) de extensão; os marcadores moleculares foram dispostos estrategicamente, cuja quantidade foi variável de acordo com a densidade/saturação desejada no mapeamento; 200 lócus 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

lócus quantitativos foram dialélicos e não possuíram desvios de dominância e nem epistasia; as frequências gênicas iniciais para os lócus quantitativos e para os marcadores moleculares seguiram distribuição normal, apresentando valores próximos a 0,5; os efeitos de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal; os valores fenotípicos simulados apresentaram média de 10,00 unidades e desvio padrão 2,00 unidades.

Para a estrutura genômica simulada, foi construída uma população-base composta de 500 machos e 500 fêmeas (1.000 indivíduos), não aparentados entre si. Com os 500 descendentes escolhidos aleatoriamente na população-base, obtidos do cruzamento de 50 machos e 50 fêmeas (1 fêmea/macho), produzindo 10 filhos/fêmea/macho (500 indivíduos), formou-se a população inicial, que foi submetida à seleção assistida por marcadores (MAS) por vinte gerações consecutivas com 20 repetições, visando-se a minimizar os efeitos da oscilação genética. A seleção foi conduzida com a finalidade de incrementar o valor fenotípico.

A partir da 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 lócus quantitativos. Dessa forma, os genitores eleitos em cada geração representavam os indivíduos detentores de maior informatividade nos marcadores, ou seja, aqueles que apresentavam maior número de marcadores ligados aos QTL. A cada geração, os 50 machos e as 50 fêmeas (1 fêmea/macho) que obtiveram o maior número de marcadores informativos foram acasalados. O número de progênies em cada cruzamento foi igual a dez (10). Esses descendentes formavam a geração seguinte. Na seleção assistida por marcadores, foi adotada a estratégia de acasalamento seletivo, acasalando-se os melhores machos com as piores fêmeas, e vice-versa, entre os 100 genitores selecionados (50 machos e 50 fêmeas). Essa estratégia visa a favorecer o poder de detecção de QTL, otimizando a variabilidade genética entre os genitores selecionados, segundo afirmam Lander e Botstein (1989), e Darvasi e Soller (1992).

A seleção assistida por marcadores foi conduzida em diferentes níveis de saturação. Eles foram representados pela distância, em centiMorgan (cM), entre marcadores adjacentes. Foram admitidas 15 densidades, que representavam 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28 e 30 cM, que correspondiam à utilização de 479, 239, 159, 119, 95, 79, 68, 59, 53, 47, 43, 39, 36, 34 e 31 marcadores moleculares, respectivamente. Dessa forma, obtida a população inicial, foram praticadas 15 seleções assistidas por marcadores, cada qual representada por uma densidade, em que a densidade de 2 cM correspondia à maior saturação, decrescendo até 30 cM (menor saturação).

A identificação de associações entre marcadores e QTL na MAS foi realizada por meio do método da marca simples, via análise de regressão linear entre os genótipos dos marcadores flanqueadores do QTL e os valores fenotípicos dos descendentes dos

acasalamentos. Adotou-se o nível de significância genômica de 5% na regressão linear.

Para comparação das diferentes densidades admitidas na MAS, foram estimados os parâmetros valor fenotípico, coeficiente de endogamia, porcentagem de alelos favoráveis fixados e a frequência de alelos da característica, em cada geração. Com base nos valores fenotípicos médios, procedeu-se à análise de agrupamento em que as densidades foram agrupadas utilizando-se o método de otimização de Tocher. Na aplicação desse método, os níveis de saturação foram considerados como tratamentos. Logo, os espaçamentos de 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28 e 30 cM representavam os tratamentos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 e 15, respectivamente. Cada geração representou uma variável, totalizando 20 variáveis. Elas foram utilizadas com a finalidade de propor uma estrutura classificatória para a formação de grupos similares entre as densidades. A análise estatística foi processada utilizando-se o Sistema para Análises Estatísticas e Genéticas (SAEG), descrito por Ribeiro Junior e Melo (2008).

## RESULTADOS

Nas Tabelas 1, 2, 3 e 4 são apresentadas as estimativas dos parâmetros valor fenotípico, coeficiente de endogamia, porcentagem de alelos favoráveis fixados e a frequência de alelos relacionados à característica, respectivamente, obtidos ao longo de 20 gerações sob seleção assistida por marcadores. A disposição dos marcadores foi fixa, de acordo com a distância em cM, possibilitando mapeamento genômico em distintas quantidades de marcadores moleculares.

A Tabela 5 estabelece a formação de cinco grupos distintos entre os tratamentos/níveis de saturação, resultante da análise de agrupamento com a aplicação do método proposto por Tocher.

## DISCUSSÃO

Todos os processos de seleção iniciaram-se no mesmo valor fenotípico na população experimental (10,00 unidades), possibilitando comparações entre os espaçamentos. Logo nas primeiras gerações, foram observado padrões de similaridade nos incrementos fenotípicos entre os mapeamentos que adotaram alta saturação (maior número de marcadores), estendendo-se até a 20ª geração (Tabela 1). Segundo Lande e Botstein (1989), quanto mais próximo o QTL estiver do marcador, maior será o poder de detecção do mapeamento. As densidades de 4 e 6 cM apresentaram desempenhos superiores, principalmente a partir das gerações intermediárias. Essa superioridade tornou-se de maior magnitude com as subseqüentes gerações sob MAS. Resultados expressivos também foram detectados nas seleções que utilizaram até 68 marcadores moleculares (MM). Todavia, os mapas de baixa saturação (26, 28 e 30 cM) proporcionaram os piores resultados ao longo

de todas as gerações, face ao seu baixo poder de detecção. Neles, a posição do QTL não poderá ser precisamente determinada, em virtude de confusão do seu efeito e da sua posição (LIU, 1998).

Ao se utilizar uma distribuição muito saturada em marcadores, espera-se grande poder de detecção. Entretanto, na prática, essa alta densidade, em algumas regiões genômicas, poderá não ter esse efeito. Marcadores muito próximos poderão apresentar uma junção em seus efeitos, ocasionando redução na capacidade de identificar associações entre marcadores e QTL. Dois ou mais marcadores minimamente espaçados poderão funcionar como único marcador (SCHUSTER; CRUZ, 2004). Dessa forma, a redução excessiva no espaçamento entre marcadores (elevada saturação) pode não resultar em ganhos ótimos na seleção genômica, conforme relatado para a densidade de 2 cM.

De acordo com Moreau e colaboradores (1998), estudos de simulação evidenciaram que 5 cM seria uma distância adequada entre os marcadores que contêm um QTL para uso na MAS. Trabalhos de simulação também foram realizados por Darvasi e colaboradores (1993), que avaliaram diversos fatores, entre eles o espaçamento entre marcadores no poder da ligação entre marcador e QTL. Neste estudo, constatou-se que o poder de detecção de QTL foi semelhante ao se usarem marcadores espaçados a uma distância igual ou inferior a 10 cM. Decréscimos na eficiência do poder de detecção foram observados ao se admitir espaçamento igual ou superior a 20 cM. Segundo Hillel (1997), a utilização de muitos marcadores estrategicamente espaçados na detecção de QTL maximiza a probabilidade de se identificarem ligações verdadeiras.

O padrão de semelhança indicado pelos valores fenotípicos ao longo das 20 gerações prevaleceu entre as médias dos parâmetros coeficiente de endogamia, porcentagem de alelos favoráveis fixados e frequência de alelos da característica. Assim, a identidade entre as seleções que admitiram mapeamento com alta saturação predominou nesses parâmetros. Apesar de a alta densidade de marcadores ter proporcionado níveis endogâmicos mais elevados (Tabela 2), ela beneficiou a fixação de alelos favoráveis (Tabela 3), bem como otimizou a frequência de alelos relacionados à característica sob seleção (Tabela 4), resultando em progressos fenotípicos de maiores magnitudes. Ressalta-se que a média da frequência alélica inicial entre os loci quantitativos foi de 0,50. A endogamia tende a fixar alelos, especialmente os que beneficiam a característica selecionada (Carneiro et al., 2007). Conseqüentemente, os maiores coeficientes endogâmicos estarão relacionados às maiores porcentagens de alelos favoráveis fixados, elevando a frequência gênica da característica.

Com a finalidade de estabelecer uma estrutura classificatória entre os níveis de saturação, foi aplicada a análise estatística multivariada de agrupamento. Ela foi realizada utilizando-se os valores fenotípicos médios

**Tabela 1.** Valores fenotípicos médios ( $\pm$  desvios padrão) para característica de baixa herdabilidade ( $h^2 = 0,10$ ) ao longo de 20 gerações sob seleção assistida por marcadores, para diferentes níveis de saturação no mapeamento genômico.

|    |    | Gerações |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
|----|----|----------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|--|--|
| T  | cM | NM       | 1                | 2                | 3                | 4                | 5                | 6                | 7                | 8                | 9                | 10               | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 |  |  |
| 1  | 2  | 479      | 10,21 $\pm$ 0,10 | 10,47 $\pm$ 0,12 | 10,75 $\pm$ 0,16 | 11,01 $\pm$ 0,16 | 11,36 $\pm$ 0,24 | 11,59 $\pm$ 0,26 | 11,82 $\pm$ 0,18 | 12,18 $\pm$ 0,18 | 12,42 $\pm$ 0,20 | 12,65 $\pm$ 0,26 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 2  | 4  | 239      | 10,28 $\pm$ 0,04 | 10,50 $\pm$ 0,09 | 10,86 $\pm$ 0,12 | 11,21 $\pm$ 0,20 | 11,61 $\pm$ 0,13 | 11,85 $\pm$ 0,26 | 12,20 $\pm$ 0,29 | 12,43 $\pm$ 0,38 | 12,73 $\pm$ 0,44 | 13,01 $\pm$ 0,45 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 3  | 6  | 159      | 10,39 $\pm$ 0,11 | 10,93 $\pm$ 0,12 | 11,21 $\pm$ 0,16 | 11,54 $\pm$ 0,23 | 11,91 $\pm$ 0,32 | 12,23 $\pm$ 0,37 | 12,44 $\pm$ 0,34 | 12,73 $\pm$ 0,29 | 13,05 $\pm$ 0,32 | 13,23 $\pm$ 0,41 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 4  | 8  | 119      | 10,45 $\pm$ 0,10 | 10,65 $\pm$ 0,14 | 10,95 $\pm$ 0,20 | 11,25 $\pm$ 0,14 | 11,50 $\pm$ 0,17 | 11,86 $\pm$ 0,22 | 12,02 $\pm$ 0,20 | 12,40 $\pm$ 0,13 | 12,53 $\pm$ 0,22 | 12,62 $\pm$ 0,27 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 5  | 10 | 95       | 10,14 $\pm$ 0,07 | 10,69 $\pm$ 0,08 | 10,87 $\pm$ 0,11 | 11,12 $\pm$ 0,10 | 11,56 $\pm$ 0,18 | 11,78 $\pm$ 0,26 | 12,00 $\pm$ 0,26 | 12,10 $\pm$ 0,38 | 12,49 $\pm$ 0,36 | 12,59 $\pm$ 0,32 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 6  | 12 | 79       | 10,25 $\pm$ 0,07 | 10,65 $\pm$ 0,10 | 11,04 $\pm$ 0,21 | 11,39 $\pm$ 0,33 | 11,74 $\pm$ 0,32 | 12,00 $\pm$ 0,43 | 12,19 $\pm$ 0,42 | 12,37 $\pm$ 0,52 | 12,61 $\pm$ 0,53 | 12,78 $\pm$ 0,45 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 7  | 14 | 68       | 10,30 $\pm$ 0,06 | 10,66 $\pm$ 0,14 | 11,16 $\pm$ 0,24 | 11,39 $\pm$ 0,29 | 11,59 $\pm$ 0,25 | 11,86 $\pm$ 0,30 | 12,07 $\pm$ 0,32 | 12,26 $\pm$ 0,32 | 12,49 $\pm$ 0,36 | 12,72 $\pm$ 0,48 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 8  | 16 | 59       | 10,38 $\pm$ 0,09 | 10,63 $\pm$ 0,08 | 10,81 $\pm$ 0,10 | 11,00 $\pm$ 0,17 | 11,22 $\pm$ 0,16 | 11,43 $\pm$ 0,32 | 11,73 $\pm$ 0,29 | 11,90 $\pm$ 0,30 | 12,18 $\pm$ 0,30 | 12,32 $\pm$ 0,40 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 9  | 18 | 53       | 10,18 $\pm$ 0,06 | 10,42 $\pm$ 0,17 | 10,72 $\pm$ 0,16 | 11,05 $\pm$ 0,19 | 11,23 $\pm$ 0,25 | 11,42 $\pm$ 0,29 | 11,58 $\pm$ 0,34 | 11,84 $\pm$ 0,20 | 12,03 $\pm$ 0,33 | 12,28 $\pm$ 0,33 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 10 | 20 | 47       | 10,32 $\pm$ 0,08 | 10,59 $\pm$ 0,12 | 10,73 $\pm$ 0,20 | 11,10 $\pm$ 0,18 | 11,24 $\pm$ 0,22 | 11,45 $\pm$ 0,18 | 11,64 $\pm$ 0,27 | 12,01 $\pm$ 0,30 | 12,23 $\pm$ 0,31 | 12,32 $\pm$ 0,35 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 11 | 22 | 43       | 10,29 $\pm$ 0,08 | 10,45 $\pm$ 0,13 | 10,80 $\pm$ 0,20 | 11,05 $\pm$ 0,21 | 11,29 $\pm$ 0,31 | 11,46 $\pm$ 0,24 | 11,70 $\pm$ 0,27 | 11,91 $\pm$ 0,29 | 12,11 $\pm$ 0,25 | 12,28 $\pm$ 0,33 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 12 | 24 | 39       | 10,20 $\pm$ 0,05 | 10,45 $\pm$ 0,13 | 10,72 $\pm$ 0,20 | 10,91 $\pm$ 0,15 | 11,04 $\pm$ 0,27 | 11,24 $\pm$ 0,29 | 11,40 $\pm$ 0,39 | 11,49 $\pm$ 0,46 | 11,77 $\pm$ 0,49 | 11,90 $\pm$ 0,45 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 13 | 26 | 36       | 10,05 $\pm$ 0,08 | 10,23 $\pm$ 0,11 | 10,36 $\pm$ 0,23 | 10,56 $\pm$ 0,19 | 10,80 $\pm$ 0,32 | 10,96 $\pm$ 0,27 | 11,12 $\pm$ 0,39 | 11,21 $\pm$ 0,37 | 11,36 $\pm$ 0,36 | 11,56 $\pm$ 0,38 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 14 | 28 | 34       | 10,09 $\pm$ 0,07 | 10,18 $\pm$ 0,10 | 10,44 $\pm$ 0,17 | 10,48 $\pm$ 0,20 | 10,69 $\pm$ 0,28 | 10,89 $\pm$ 0,28 | 11,09 $\pm$ 0,29 | 11,33 $\pm$ 0,47 | 11,38 $\pm$ 0,64 | 11,53 $\pm$ 0,63 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |
| 15 | 30 | 31       | 10,04 $\pm$ 0,07 | 10,28 $\pm$ 0,13 | 10,49 $\pm$ 0,20 | 10,56 $\pm$ 0,24 | 10,67 $\pm$ 0,28 | 10,88 $\pm$ 0,33 | 11,10 $\pm$ 0,30 | 11,32 $\pm$ 0,37 | 11,37 $\pm$ 0,40 | 11,50 $\pm$ 0,41 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |  |  |

  

|    |    | Gerações |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |                  |  |  |  |  |  |  |  |  |
|----|----|----------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|--|--|--|--|--|--|--|--|
| T  | cM | NM       | 11               | 12               | 13               | 14               | 15               | 16               | 17               | 18               | 19               | 20               |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 1  | 2  | 479      | 12,81 $\pm$ 0,29 | 13,01 $\pm$ 0,30 | 13,19 $\pm$ 0,32 | 13,39 $\pm$ 0,40 | 13,50 $\pm$ 0,39 | 13,61 $\pm$ 0,37 | 13,74 $\pm$ 0,37 | 13,83 $\pm$ 0,43 | 14,04 $\pm$ 0,47 | 14,22 $\pm$ 0,47 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 2  | 4  | 239      | 13,17 $\pm$ 0,45 | 13,48 $\pm$ 0,49 | 13,65 $\pm$ 0,40 | 13,94 $\pm$ 0,42 | 14,14 $\pm$ 0,51 | 14,34 $\pm$ 0,48 | 14,47 $\pm$ 0,54 | 14,65 $\pm$ 0,56 | 14,91 $\pm$ 0,55 | 15,06 $\pm$ 0,62 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 3  | 6  | 159      | 13,51 $\pm$ 0,40 | 13,75 $\pm$ 0,44 | 13,92 $\pm$ 0,48 | 14,14 $\pm$ 0,51 | 14,28 $\pm$ 0,47 | 14,47 $\pm$ 0,49 | 14,57 $\pm$ 0,47 | 14,74 $\pm$ 0,45 | 14,92 $\pm$ 0,46 | 15,03 $\pm$ 0,51 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 4  | 8  | 119      | 12,92 $\pm$ 0,26 | 13,24 $\pm$ 0,36 | 13,28 $\pm$ 0,40 | 13,42 $\pm$ 0,44 | 13,64 $\pm$ 0,44 | 13,77 $\pm$ 0,47 | 13,95 $\pm$ 0,46 | 14,13 $\pm$ 0,56 | 14,22 $\pm$ 0,50 | 14,40 $\pm$ 0,55 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 5  | 10 | 95       | 12,73 $\pm$ 0,30 | 13,17 $\pm$ 0,31 | 13,28 $\pm$ 0,32 | 13,39 $\pm$ 0,35 | 13,62 $\pm$ 0,35 | 13,79 $\pm$ 0,39 | 13,88 $\pm$ 0,44 | 14,14 $\pm$ 0,52 | 14,27 $\pm$ 0,53 | 14,43 $\pm$ 0,57 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 6  | 12 | 79       | 13,01 $\pm$ 0,43 | 13,20 $\pm$ 0,51 | 13,21 $\pm$ 0,52 | 13,31 $\pm$ 0,47 | 13,49 $\pm$ 0,40 | 13,63 $\pm$ 0,41 | 13,80 $\pm$ 0,40 | 13,91 $\pm$ 0,39 | 14,12 $\pm$ 0,42 | 14,21 $\pm$ 0,38 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 7  | 14 | 68       | 12,87 $\pm$ 0,41 | 13,07 $\pm$ 0,40 | 13,28 $\pm$ 0,45 | 13,35 $\pm$ 0,46 | 13,54 $\pm$ 0,47 | 13,69 $\pm$ 0,52 | 13,75 $\pm$ 0,51 | 13,85 $\pm$ 0,48 | 14,05 $\pm$ 0,53 | 14,19 $\pm$ 0,60 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 8  | 16 | 59       | 12,59 $\pm$ 0,44 | 12,70 $\pm$ 0,37 | 12,83 $\pm$ 0,34 | 12,97 $\pm$ 0,38 | 13,14 $\pm$ 0,42 | 13,32 $\pm$ 0,41 | 13,53 $\pm$ 0,42 | 13,61 $\pm$ 0,44 | 13,78 $\pm$ 0,45 | 13,84 $\pm$ 0,52 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 9  | 18 | 53       | 12,52 $\pm$ 0,32 | 12,63 $\pm$ 0,29 | 12,76 $\pm$ 0,27 | 12,96 $\pm$ 0,31 | 13,17 $\pm$ 0,34 | 13,35 $\pm$ 0,37 | 13,45 $\pm$ 0,27 | 13,58 $\pm$ 0,36 | 13,71 $\pm$ 0,31 | 13,82 $\pm$ 0,27 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 10 | 20 | 47       | 12,61 $\pm$ 0,41 | 12,80 $\pm$ 0,33 | 12,89 $\pm$ 0,40 | 13,10 $\pm$ 0,41 | 13,29 $\pm$ 0,43 | 13,43 $\pm$ 0,41 | 13,52 $\pm$ 0,46 | 13,70 $\pm$ 0,48 | 13,87 $\pm$ 0,51 | 13,97 $\pm$ 0,50 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 11 | 22 | 43       | 12,38 $\pm$ 0,38 | 12,54 $\pm$ 0,37 | 12,63 $\pm$ 0,40 | 12,75 $\pm$ 0,43 | 12,90 $\pm$ 0,37 | 13,01 $\pm$ 0,29 | 13,13 $\pm$ 0,28 | 13,15 $\pm$ 0,39 | 13,31 $\pm$ 0,39 | 13,42 $\pm$ 0,45 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 12 | 24 | 39       | 12,02 $\pm$ 0,46 | 12,17 $\pm$ 0,46 | 12,28 $\pm$ 0,52 | 12,42 $\pm$ 0,54 | 12,54 $\pm$ 0,60 | 12,58 $\pm$ 0,56 | 12,82 $\pm$ 0,68 | 12,87 $\pm$ 0,70 | 13,01 $\pm$ 0,70 | 13,11 $\pm$ 0,72 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 13 | 26 | 36       | 11,74 $\pm$ 0,40 | 11,83 $\pm$ 0,36 | 12,03 $\pm$ 0,41 | 12,14 $\pm$ 0,41 | 12,27 $\pm$ 0,44 | 12,40 $\pm$ 0,44 | 12,45 $\pm$ 0,50 | 12,48 $\pm$ 0,54 | 12,54 $\pm$ 0,51 | 12,64 $\pm$ 0,55 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 14 | 28 | 34       | 11,75 $\pm$ 0,70 | 11,97 $\pm$ 0,66 | 11,99 $\pm$ 0,70 | 12,10 $\pm$ 0,65 | 12,26 $\pm$ 0,70 | 12,33 $\pm$ 0,72 | 12,36 $\pm$ 0,76 | 12,42 $\pm$ 0,72 | 12,45 $\pm$ 0,64 | 12,62 $\pm$ 0,69 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 15 | 30 | 31       | 11,63 $\pm$ 0,41 | 11,72 $\pm$ 0,53 | 11,87 $\pm$ 0,49 | 11,97 $\pm$ 0,52 | 12,15 $\pm$ 0,63 | 12,22 $\pm$ 0,66 | 12,38 $\pm$ 0,70 | 12,49 $\pm$ 0,76 | 12,57 $\pm$ 0,63 | 12,60 $\pm$ 0,66 |  |  |  |  |  |  |  |  |

Nota: T = tratamento; cM = distância em centiMorgan; NM = número de marcadores.

**Tabela 2.** Coeficiente de endogamia médio para característica de baixa herdabilidade ( $h^2 = 0,10$ ) ao longo de 20 gerações sob seleção assistida por marcadores, para diferentes níveis de saturação no mapeamento

| cM | NM  | Gerações |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
|----|-----|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
|    |     | 1        | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    |
| 2  | 479 | 0,020    | 0,035 | 0,059 | 0,090 | 0,124 | 0,138 | 0,178 | 0,196 | 0,209 | 0,225 | 0,255 | 0,269 | 0,291 | 0,312 | 0,333 | 0,341 | 0,364 | 0,383 | 0,399 | 0,415 |
| 4  | 239 | 0,021    | 0,029 | 0,058 | 0,088 | 0,115 | 0,124 | 0,160 | 0,179 | 0,199 | 0,216 | 0,237 | 0,256 | 0,286 | 0,303 | 0,315 | 0,331 | 0,351 | 0,370 | 0,384 | 0,402 |
| 6  | 159 | 0,018    | 0,034 | 0,063 | 0,097 | 0,128 | 0,139 | 0,178 | 0,194 | 0,211 | 0,231 | 0,263 | 0,278 | 0,293 | 0,315 | 0,330 | 0,343 | 0,367 | 0,382 | 0,401 | 0,417 |
| 8  | 119 | 0,015    | 0,028 | 0,058 | 0,086 | 0,111 | 0,127 | 0,149 | 0,163 | 0,184 | 0,202 | 0,215 | 0,235 | 0,254 | 0,287 | 0,306 | 0,319 | 0,336 | 0,356 | 0,377 | 0,392 |
| 10 | 95  | 0,015    | 0,027 | 0,056 | 0,082 | 0,105 | 0,118 | 0,145 | 0,165 | 0,188 | 0,206 | 0,225 | 0,246 | 0,260 | 0,291 | 0,313 | 0,327 | 0,346 | 0,364 | 0,387 | 0,399 |
| 12 | 79  | 0,010    | 0,037 | 0,055 | 0,083 | 0,121 | 0,135 | 0,173 | 0,181 | 0,198 | 0,216 | 0,230 | 0,250 | 0,268 | 0,297 | 0,309 | 0,330 | 0,354 | 0,366 | 0,386 | 0,396 |
| 14 | 68  | 0,012    | 0,025 | 0,053 | 0,077 | 0,095 | 0,119 | 0,127 | 0,140 | 0,172 | 0,191 | 0,208 | 0,221 | 0,244 | 0,271 | 0,285 | 0,298 | 0,313 | 0,331 | 0,357 | 0,382 |
| 16 | 59  | 0,013    | 0,025 | 0,036 | 0,058 | 0,070 | 0,091 | 0,103 | 0,120 | 0,140 | 0,161 | 0,180 | 0,197 | 0,209 | 0,227 | 0,236 | 0,250 | 0,263 | 0,282 | 0,311 | 0,321 |
| 18 | 53  | 0,015    | 0,022 | 0,035 | 0,060 | 0,077 | 0,097 | 0,116 | 0,129 | 0,141 | 0,162 | 0,186 | 0,199 | 0,208 | 0,220 | 0,241 | 0,257 | 0,267 | 0,286 | 0,314 | 0,327 |
| 20 | 47  | 0,014    | 0,020 | 0,030 | 0,051 | 0,066 | 0,094 | 0,103 | 0,116 | 0,140 | 0,166 | 0,185 | 0,197 | 0,209 | 0,223 | 0,255 | 0,271 | 0,284 | 0,302 | 0,321 | 0,331 |
| 22 | 43  | 0,014    | 0,023 | 0,042 | 0,065 | 0,081 | 0,094 | 0,117 | 0,128 | 0,147 | 0,173 | 0,192 | 0,206 | 0,218 | 0,229 | 0,258 | 0,274 | 0,282 | 0,296 | 0,315 | 0,328 |
| 24 | 39  | 0,010    | 0,024 | 0,041 | 0,060 | 0,080 | 0,099 | 0,114 | 0,127 | 0,148 | 0,171 | 0,198 | 0,209 | 0,220 | 0,230 | 0,257 | 0,276 | 0,286 | 0,303 | 0,319 | 0,333 |
| 26 | 36  | 0,013    | 0,022 | 0,041 | 0,066 | 0,090 | 0,106 | 0,117 | 0,129 | 0,147 | 0,172 | 0,187 | 0,206 | 0,223 | 0,231 | 0,250 | 0,266 | 0,279 | 0,292 | 0,309 | 0,320 |
| 28 | 34  | 0,008    | 0,021 | 0,032 | 0,057 | 0,071 | 0,091 | 0,114 | 0,130 | 0,145 | 0,176 | 0,191 | 0,200 | 0,219 | 0,235 | 0,253 | 0,267 | 0,289 | 0,302 | 0,314 | 0,331 |
| 30 | 31  | 0,005    | 0,018 | 0,031 | 0,054 | 0,065 | 0,087 | 0,107 | 0,115 | 0,133 | 0,155 | 0,166 | 0,188 | 0,200 | 0,213 | 0,235 | 0,252 | 0,273 | 0,287 | 0,298 | 0,307 |

Nota: cM = distância em centiMorgan; NM = número de marcadores.

**Tabela 3.** Porcentagem média de alelos favoráveis fixados para característica de baixa herdabilidade ( $h^2 = 0,10$ ) ao longo de 20 gerações sob seleção assistida por marcadores, para diferentes níveis de saturação no mapeamento genômico.

| cM | NM  | Gerações |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
|----|-----|----------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
|    |     | 1        | 2    | 3    | 4    | 5    | 6    | 7    | 8    | 9    | 10   | 11   | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    |
| 2  | 479 | 0,50     | 0,85 | 1,10 | 1,30 | 2,20 | 2,85 | 4,10 | 5,10 | 6,35 | 7,75 | 9,05 | 10,95 | 13,15 | 14,80 | 17,10 | 18,90 | 20,15 | 21,95 | 23,60 | 25,40 |
| 4  | 239 | 0,55     | 0,69 | 0,95 | 1,16 | 1,80 | 2,20 | 3,40 | 4,95 | 5,75 | 6,85 | 7,60 | 9,55  | 11,65 | 13,15 | 15,10 | 16,85 | 19,20 | 20,75 | 22,60 | 24,65 |
| 6  | 159 | 0,65     | 0,80 | 0,98 | 1,35 | 2,30 | 3,25 | 4,20 | 5,25 | 6,75 | 8,00 | 9,35 | 11,15 | 13,65 | 15,30 | 17,40 | 18,95 | 20,50 | 22,05 | 23,95 | 26,20 |
| 8  | 119 | 0,62     | 0,88 | 1,05 | 1,45 | 1,95 | 2,35 | 3,90 | 4,70 | 5,80 | 6,40 | 7,40 | 9,85  | 11,30 | 12,70 | 13,85 | 16,20 | 18,05 | 19,75 | 22,15 | 23,70 |
| 10 | 95  | 0,45     | 0,72 | 0,95 | 1,15 | 1,80 | 2,75 | 3,05 | 4,40 | 5,60 | 6,85 | 8,10 | 9,75  | 11,75 | 12,60 | 14,95 | 16,45 | 17,95 | 19,45 | 21,90 | 23,95 |
| 12 | 79  | 0,50     | 0,58 | 0,85 | 1,05 | 1,70 | 2,15 | 2,95 | 4,05 | 4,85 | 6,75 | 8,05 | 10,05 | 11,90 | 13,15 | 14,70 | 16,55 | 18,45 | 20,15 | 21,95 | 23,35 |
| 14 | 68  | 0,55     | 0,79 | 0,98 | 1,15 | 1,80 | 2,10 | 2,85 | 3,45 | 4,85 | 5,55 | 6,20 | 7,90  | 9,50  | 10,60 | 11,70 | 12,80 | 13,75 | 14,80 | 17,05 | 18,20 |
| 16 | 59  | 0,45     | 0,65 | 0,80 | 1,05 | 1,35 | 1,75 | 2,55 | 2,95 | 3,40 | 4,45 | 5,00 | 5,85  | 6,55  | 7,55  | 8,60  | 9,70  | 10,65 | 11,55 | 13,05 | 14,20 |
| 18 | 53  | 0,52     | 0,71 | 0,85 | 0,95 | 1,25 | 1,60 | 1,85 | 2,35 | 2,65 | 3,20 | 3,95 | 4,85  | 5,55  | 6,75  | 7,60  | 9,90  | 10,60 | 11,75 | 13,65 | 15,05 |
| 20 | 47  | 0,48     | 0,57 | 0,85 | 1,02 | 1,30 | 1,80 | 2,00 | 2,25 | 2,95 | 3,85 | 4,50 | 5,10  | 5,80  | 7,85  | 9,65  | 10,00 | 11,10 | 12,05 | 13,45 | 15,30 |
| 22 | 43  | 0,45     | 0,70 | 0,75 | 0,85 | 1,20 | 1,70 | 2,10 | 2,60 | 3,15 | 3,90 | 4,35 | 5,20  | 6,05  | 7,45  | 8,35  | 9,60  | 10,55 | 11,90 | 13,40 | 14,55 |
| 24 | 39  | 0,40     | 0,50 | 0,65 | 0,95 | 1,30 | 1,45 | 1,70 | 2,40 | 2,85 | 3,50 | 4,65 | 5,10  | 6,70  | 7,55  | 8,45  | 9,05  | 11,20 | 11,90 | 12,90 | 14,50 |
| 26 | 36  | 0,45     | 0,60 | 0,70 | 0,80 | 0,95 | 1,45 | 1,85 | 2,40 | 3,00 | 3,55 | 4,30 | 5,10  | 5,75  | 6,95  | 8,20  | 9,25  | 10,55 | 11,70 | 12,45 | 13,60 |
| 28 | 34  | 0,30     | 0,48 | 0,75 | 0,85 | 0,90 | 1,25 | 1,45 | 2,00 | 2,45 | 3,45 | 4,25 | 4,90  | 5,45  | 7,20  | 8,05  | 8,95  | 10,40 | 11,05 | 12,40 | 14,20 |
| 30 | 31  | 0,42     | 0,55 | 0,60 | 0,75 | 1,00 | 1,40 | 1,65 | 2,10 | 2,50 | 2,85 | 3,25 | 3,92  | 4,95  | 6,00  | 7,50  | 8,70  | 10,00 | 11,25 | 12,50 | 13,70 |

Nota: cM = distância em centiMorgan; NM = número de marcadores.

**Tabela 4.** Frequência média de alelos da característica de baixa herdabilidade ( $h^2 = 0,10$ ) ao longo de 20 gerações sob seleção assistida por marcadores, para diferentes níveis de saturação no mapeamento genômico.

| cM | NM  | Gerações |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
|----|-----|----------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
|    |     | 1        | 2    | 3    | 4    | 5    | 6    | 7    | 8    | 9    | 10   | 11   | 12   | 13   | 14   | 15   | 16   | 17   | 18   | 19   | 20   |
| 2  | 479 | 0,51     | 0,52 | 0,53 | 0,53 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,60 | 0,60 | 0,61 | 0,61 | 0,62 | 0,62 | 0,63 | 0,63 | 0,64 |
| 4  | 239 | 0,51     | 0,52 | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,56 | 0,56 | 0,57 | 0,58 | 0,59 | 0,60 | 0,61 | 0,62 | 0,63 | 0,63 | 0,64 | 0,64 | 0,65 | 0,66 | 0,66 |
| 6  | 159 | 0,52     | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,58 | 0,59 | 0,60 | 0,61 | 0,61 | 0,62 | 0,63 | 0,64 | 0,64 | 0,65 | 0,66 | 0,66 | 0,67 | 0,67 | 0,68 |
| 8  | 119 | 0,52     | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,60 | 0,61 | 0,62 | 0,63 | 0,64 | 0,64 | 0,65 | 0,65 | 0,66 |
| 10 | 95  | 0,51     | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,60 | 0,61 | 0,62 | 0,63 | 0,63 | 0,63 | 0,64 | 0,65 | 0,65 |
| 12 | 79  | 0,51     | 0,53 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,60 | 0,60 | 0,61 | 0,61 | 0,62 | 0,62 | 0,63 | 0,63 | 0,64 | 0,64 |
| 14 | 68  | 0,51     | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,60 | 0,61 | 0,61 | 0,62 | 0,62 | 0,63 | 0,63 | 0,64 | 0,64 |
| 16 | 59  | 0,51     | 0,51 | 0,52 | 0,53 | 0,53 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,60 | 0,60 | 0,60 | 0,61 | 0,62 | 0,62 | 0,62 |
| 18 | 53  | 0,51     | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,56 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,60 | 0,61 | 0,61 | 0,61 | 0,62 | 0,62 | 0,62 | 0,62 |
| 20 | 47  | 0,51     | 0,52 | 0,52 | 0,53 | 0,53 | 0,54 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,60 | 0,60 | 0,61 | 0,61 | 0,61 | 0,61 |
| 22 | 43  | 0,51     | 0,52 | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,55 | 0,55 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,59 | 0,59 | 0,59 | 0,60 | 0,60 |
| 24 | 39  | 0,51     | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,55 | 0,55 | 0,56 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,59 | 0,60 | 0,60 | 0,60 | 0,61 | 0,61 |
| 26 | 36  | 0,50     | 0,51 | 0,52 | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,54 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,56 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,58 | 0,58 | 0,58 | 0,59 | 0,59 | 0,59 |
| 28 | 34  | 0,50     | 0,51 | 0,52 | 0,52 | 0,53 | 0,54 | 0,54 | 0,54 | 0,55 | 0,56 | 0,56 | 0,56 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,57 | 0,57 | 0,57 | 0,58 | 0,58 |
| 30 | 31  | 0,51     | 0,52 | 0,52 | 0,53 | 0,53 | 0,53 | 0,53 | 0,54 | 0,54 | 0,55 | 0,55 | 0,55 | 0,56 | 0,56 | 0,56 | 0,56 | 0,56 | 0,57 | 0,57 | 0,58 |

Nota: cM = distância em centiMorgan; NM = número de marcadores.

**Tabela 5.** Grupos, limite e distâncias obtidas entre os tratamentos (níveis de saturação) pela aplicação do método de Tocher para característica de baixa herdabilidade ( $h^2 = 0,10$ ).

| Número do grupo | Limite ( $\theta$ ) | Distância obtida | Número de tratamentos | Tratamentos pertencentes | Densidades / saturações (cM) |
|-----------------|---------------------|------------------|-----------------------|--------------------------|------------------------------|
| 1               | 0,2562              | 0,07             | 2                     | 13; 14                   | 26; 28                       |
| 1               | 0,2562              | 0,10             | 3                     | 13; 14; 15               | 26; 28; 30                   |
| 2               | 0,2562              | 0,08             | 2                     | 8; 10                    | 16; 20                       |
| 2               | 0,2562              | 0,11             | 3                     | 8; 10; 9                 | 16; 20; 18                   |
| 3               | 0,2562              | 0,09             | 2                     | 6; 7                     | 12; 14                       |
| 3               | 0,2562              | 0,14             | 3                     | 6; 7; 4                  | 12; 14; 8                    |
| 3               | 0,2562              | 0,15             | 4                     | 6; 7; 4; 1               | 12; 14; 8; 2                 |
| 3               | 0,2562              | 0,14             | 5                     | 6; 7; 4; 1; 5            | 12; 14; 8; 2; 10             |
| 4               | 0,2562              | 0,13             | 2                     | 11; 12                   | 22; 24                       |
| 5               | 0,2562              | 0,25             | 2                     | 2; 3                     | 4; 6                         |

obtidos ao longo das 20 gerações (Tabela 1), em que cada geração representou uma variável. Foi utilizado o método de otimização proposto por Tocher. Em sua aplicação, a distância euclidiana média foi usada para quantificar as dissimilaridades entre os tratamentos (níveis de saturação).

O método de Tocher indicou a formação de cinco grupos distintos (Tabela 5). No grupo 1, foram classificados os espaçamentos de 26, 28 e 30 cM. No grupo 2, os de 16, 18 e 20 cM. O terceiro grupo foi formado pelas densidades de 2, 8, 10, 12 e 14 cM. As distâncias de 22 e 24 cM agruparam-se no quarto grupo. Já o grupo 5 compreendeu os níveis de saturação com um marcador a cada 4 e 6 cM. Evidenciaram-se, com base nos incrementos fenotípicos médios (Tabela 1), a inferioridade do grupo 1 e a superioridade do grupo 5. Ganhos fenotípicos expressivos também foram obtidos pelas densidades que constituíram o grupo 3. Salienta-se que o aumento na saturação genômica por marcadores propicia otimização nos valores fenotípicos até determinadas densidades, existindo um limiar a partir do qual os incrementos não são justificados pela maior demanda por marcadores, conforme foi apresentado para a densidade que adotou um marcador a cada 2 cM. Nessa elevada saturação, alguns marcadores podem ter apresentado junção em seus efeitos, diminuindo o número de marcadores utilizados no mapeamento de QTL em relação ao número disponibilizado efetivamente, além de demandar maiores recursos e tempo na análise.

Em populações cuja característica sob seleção é de baixa herdabilidade, a utilização de mapeamento fino (alta saturação) proporciona maior poder de detecção de QTL e, conseqüentemente, melhores incrementos fenotípicos ao longo das gerações sob MAS. Santos, Nicolas e Hungria (2006) relatam o relacionamento do efeito do QTL e a herdabilidade da característica. Assim, a identificação de QTL de pequeno efeito requer grande quantidade de marcadores estrategicamente ordenados, pois o caráter considerado apresentou herdabilidade baixa ( $h^2 = 0,10$ ). Resultados comparáveis e superiores foram observados entre os níveis de saturação que admitiram distribuição agregada de um marcador a cada 2, 4, 6, 8, 10, 12 e 14 cM, maximizando os ganhos na seleção genômica, especialmente ao considerar os espaçamentos de 4 e 6 cM.

## CONCLUSÕES

Semelhanças entre os parâmetros genéticos estimados foram observadas entre os mapeamentos que adotaram altos níveis de saturação por marcadores, bem como similaridade entre os menores níveis. Espaçamentos de até 14 cM entre marcadores adjacentes propiciaram incrementos genéticos e fenotípicos superiores, embora tenham resultado em níveis endogâmicos mais eminentes. A análise de agrupamento pelo método de Tocher indicou que as densidades de 4 e 6 cM evidenciaram equivalência na

detecção de QTL, otimizando os ganhos fenotípicos para a característica considerada e implementando as inferências acerca dos níveis de saturação análogos em relação às respostas fenotípicas à seleção assistida por marcadores.

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa (UFV) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio financeiro.

## REFERÊNCIAS

- CARNEIRO, P.L.S. et al. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. *R. Bras. Zootec.*, Viçosa, v.36, n.2, p.369-375, mar./abr. 2007.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Ed. UFV, 1994.
- DARVASI, A. et al. Detecting marker-QTL linkage and estimating QTL gene effect and map location using a saturated genetic map. *Genetics*, Bethesda, v.134, n.3, p.943-951, July 1993.
- DARVASI, A.; SOLLER, M. Selective genotyping for determination of linkage between a marker locus and a quantitative trait locus. *Theor. Appl. Genet.*, Berlin, v.85, n.2/3, p.353-359, Nov. 1992.
- 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) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.
- EVERITT, B.S. Cluster analysis. 3<sup>rd</sup> ed. London: Heinemann Educational Books, 1993.
- HILLEL, J. Map-based quantitative trait locus identification. *Poult. Sci.*, Champaign, v.76, n.8, p.1115-1120, Aug. 1997.
- LANDE, R. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. *Genetics*, Bethesda, v.99, n.3/4, p.541-553, Nov./Dec. 1981.
- LANDER, E.S.; BOTSTEIN, D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics*, Bethesda, v.121, n.1, p.185-199, Jan. 1989.
- LEDUR, M.C. et al. A importância do conhecimento do genoma para a produção de aves. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. Anais... Campo Grande: SBZ, 2004. p.379-389.
- LEE, S.H.; VAN DER WERF, J.H. The efficiency of designs for fine-mapping of quantitative trait loci using combined linkage disequilibrium and linkage. *Genet. Sel. Evol.*, London, v.36, n.2, p.145-161, Mar./Apr. 2004.
- LIU, B.H. Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis. Boca Raton: CRC Press, 1998.
- MOREAU, L. et al. Marker-assisted selection efficiency in populations of finite size. *Genetics*, Bethesda, v.148, n.3, p.1353-1365, Mar. 1998.
- RIBEIRO JUNIOR, J.I.; MELO, A.L.P. Guia prático para utilização do SAEG. Viçosa: Ed. UFV, 2008.
- SANTOS, M.A.; NICOLÁS, M.F.; HUNGRIA, M. Identificação de QTL associados à simbiose entre *Bradyrhizobium japonicum*, *B. elkanii* e soja. *Pesq. Agropec. Bras.*, Brasília, DF, v.41, n.1, p.67-75, jan. 2006.
- SCHUSTER, I.; CRUZ, C.D. Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados. Viçosa: Ed. UFV, 2004.