

José W. da Silva¹

Daniel F. Ferreira²

Kleyton D. da S. Costa¹

Islan D. E. de Carvalho¹

Jorge L. X. L. Cunha^{1*}

Paulo R. dos Santos¹



Simulação do número ideal de indivíduos no método bulk em autógamias

RESUMO

O método *bulk* apresenta como principal limitação perdas de progênies durante a amostragem. Estudos para entender ou minimizar o seu efeito são escassos. O objetivo deste estudo foi verificar o efeito da amostragem no método *bulk* em plantas autógamias. Para isso, foram simuladas várias configurações considerando as gerações F_4 e F_{24} e as famílias $F_{4;5}$, $F_{4;6}$ e $F_{24;25}$. Os efeitos no número médio de locos favoráveis, da variância genética e do número de alelos favoráveis, foram mensurados ao longo das 1000 simulações de cada configuração. As simulações contemplaram diferentes herdabilidades, interações alélicas e números de locos. O efeito da amostragem foi avaliado com diferentes tamanhos de *bulk* os quais foram 50, 200, 1000, 2000 e 5000 indivíduos. Conclui-se que na determinação do número de indivíduos no método *bulk* deve-se considerar a herdabilidade do caráter. O *bulk* de 2000 indivíduos nas condições simuladas mostrou-se eficiente.

Palavras-chave: Amostragem, herdabilidade, número de indivíduos.

Simulation the optimal number of individuals in the bulk breeding method for autogamous

ABSTRACT

The bulk method presents as the main limitation the loss of progenies during sampling. Studies to understand and minimize this limitation are scarce. This study aimed to verify the effect of sampling and natural selection on the bulk method in self-pollinated plants. Many configurations were simulated using the F_4 and F_{24} generations and families $F_{4;5}$, $F_{4;6}$ and $F_{24;25}$. The effects on the average, minimum and maximum numbers favorable of loci, the genetic variance and the number of favorable alleles were measured through 1000 simulations for each configuration. The simulations considered different heritabilities, allelic interactions and number of loci. The sampling effect was evaluated with different bulk size of 50, 200, 1000, 2000 e 5000 individuals. It was concluded that to determine the number of individuals for the bulk method the heritability should be considered. The *bulk* size 2000 of individuals in the simulated conditions were efficient.

Keywords: Sampling, heritability, number of individuals.

*Autor para correspondência

Recebido para publicação em 13/08/2012. Aprovado em 04/03/2013.

¹Universidade Federal de Alagoas - UFAL, Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade – AL, Brasil. E-mail: Jorge.cunha.xavier@gmail.com.

² Universidade Federal de Lavras – UFLA, Departamento de Biologia. Lavras – MG, Brasil.

INTRODUÇÃO

O melhoramento do feijoeiro baseia-se, principalmente, na hibridação de cultivares e linhagens, gerando populações segregantes, em que se procede à seleção de linhagens superiores. Em vista disso, é importante a escolha do método que irá conduzir as populações geradas, sabendo que desta escolha depende a eficiência do programa.

Dentre as metodologias disponíveis para o avanço de populações segregantes está o método *bulk*. É um dos métodos mais utilizados no avanço de populações de plantas autógamas e se destaca pela facilidade de condução, destaca-se o efeito da seleção natural que mantém os indivíduos mais adaptados, e também apresenta a vantagem de adiar a abertura do *bulk*, tornando seu uso bastante flexível. (Corte et al., 2002; Fehr, 1987; Gonçalves et al., 2001; Pirola et al., 2002; Silva et al., 2004).

Contudo, na condução de populações segregantes pelo método *bulk*, o melhorista se depara com o questionamento de quantos indivíduos serão necessários em cada geração de avanço. Este aspecto deve ser realçado, pois a impossibilidade de avançar com todas as sementes colhidas a cada geração constitui a principal limitação do método *bulk* (Fouilloux & Bannerot, 1988), provocando perdas substanciais de progênes promissoras de uma geração para outra. As consequências da amostragem foram estimadas por Kervella & Fouilloux (1992), que observaram grandes perdas, especialmente nas gerações mais avançadas e quando há grande variação no número de descendentes produzidos por planta. Diversos trabalhos usando simulação foram realizados (Casali & Tigchelaar, 1975; Hamblin, 1977; Muehlbauer et al., 2004; Oeveren & Stam, 1992; Wang & Wolfgang, 2007). Apesar de informativos, os resultados simulados não mencionam o problema da amostragem e apresentam limitações as quais estão ligadas à escolha dos modelos que não incluem aspectos como a seleção natural, a herdabilidade, a variância e variação no tamanho do *bulk*. Não há muitos relatos sobre número de indivíduos em cada geração.

Dessa forma, o objetivo do trabalho foi de determinar o efeito da amostragem na condução de populações segregantes no método *bulk*, em plantas autógamas usando simulação.

MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização da simulação computacional, foi realizado um cruzamento entre duas linhagens P_1 e P_2 homozigotas e contrastantes. Foram obtidas as gerações filiais F_1, F_2, \dots, F_ℓ , as quais foram conduzidas em *bulk*. Na ℓ -ésima geração, foram obtidas famílias $F_{\ell:(\ell+1)}$ e estimados diferentes parâmetros. A média, variabilidade dessas medidas foram computados em um total de 1.000 simulações Monte Carlo de cada configuração. Diferentes tamanhos das populações

(n) conduzidas em *bulk* foram considerados para que fossem avaliados efeitos da amostragem no método. Além disso, foram considerados diferentes números de locos segregantes g independentes, ou seja, sem ligação e sem efeito epistáticos ou pleotrópicos. Também foram consideradas diferentes interações alélicas, diferentes herdabilidades.

Os genótipos dos indivíduos foram constituídos de g locos independentes, sendo $g = 5, 50, 100$ e 200 . Inicialmente, foram gerados os genótipos de duas linhagens contrastantes para g locos e obtida a geração F_1 , cujos indivíduos eram heterozigotos para todos os locos. A partir daí eram geradas as populações F_2, F_3, \dots, F_ℓ conduzidas em *bulk*. Foi considerado que cada indivíduo em uma dada geração, inicialmente, poderia gerar, em média, 80 sementes (descendentes). No entanto, o número de sementes de cada indivíduo foi gerado de uma Poisson, com média $\lambda = 80$. O valor 80 foi motivado por resultados experimentais, envolvendo plantas de feijoeiro comum.

Com a geração filial obtida, o processo é repetido para se obter a próxima geração. Foram considerados tamanhos da população *bulk* de $n = 50, 200, 1000, 2000, 5000$. Foram consideradas três situações para interações alélicas, as quais sejam, ausência de dominância ($d_m = 0$), dominância parcial ($d_m = 0,5$) e dominância completa ($d_m = a_m = 1$). Para cada situação, os valores de d_m , ao longo dos g locos foram todos iguais, ou seja, $d_1 = d_2 = \dots = d_g = d$.

O *bulk* simulado foi conduzido nas gerações F_4 e F_{24} , de onde foram obtidas famílias.

A simulação da geração $F_{4:5}$ foi realizada a partir de famílias obtidas de cada planta da geração F_4 e F_{24} . Como foram realizados experimentos com r repetições, sendo cada parcela constituída de k_1 plantas, então, as famílias $F_{4:5}$ foram formadas de rk_1 indivíduos cada.

Cada planta da geração F_4 originou rk_1 indivíduos, cuja autofecundação foi realizada da mesma forma como descrito para a condução do *bulk*. Cada grupo k_1 descendente dessa planta constituiu uma parcela experimental. Assim, r parcelas de cada família foram simuladas. Um total de nrk_1 plantas foi obtido no experimento da geração $F_{4:5}$ e $F_{24:25}$.

Experimentos simulados e parâmetros avaliados

O valor genotípico de cada planta, referente a i -ésima família, j -ésima planta da k -ésima repetição, foi calculado de acordo com a expressão (3), exceto pelo fato de que ele é representado nesse instante por g_{ijk} , sendo $i = 1, 2, \dots, n$, $j = 1, 2, \dots, k_1$ ou k_2 e $k = 1, 2, \dots, r$. Os valores de k_1, k_2 e r foram fixados em 15 plantas nas gerações $F_{4:5}$ e $F_{24:25}$, 60 plantas $F_{4:6}$ e 3 repetições. O valor fenotípico de cada indivíduo foi obtido por:

$$F_{ijk} = \mu + g_{ijk} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que μ foi fixado em 1800 kg/ha, tomando-se por referência a produtividade média do feijoeiro, sem perda de generalidade e ε_{ijk} é o erro experimental associado à i -ésima família, à j -ésima planta e à k -ésima repetição. O erro foi considerado normal dependente e identicamente distribuído com média zero e variância σ^2 .

O valor de σ^2 foi determinado em função da h^2 tomando-se por referência a população F_2 . O valor de h^2 foi fixado em 1, 0,8, 0,5 e 0,1. Assim, considerando que a variância genética total σ_G^2 de F_2 é dada por:

$$\sigma^2 = 1/2 ga^2 + 1/4 gd^2$$

Pode-se determinar σ^2 da relação:

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma^2}$$

Resultando em:

$$\sigma^2 = \frac{1-h^2}{h^2} \sigma_G^2$$

De cada indivíduo da geração $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ $F_{24:25}$ foi determinado o número total de alelos favoráveis (δ_i), cujo valor máximo é igual a $2g$. Em cada simulação, foi obtido o valor médio do número de alelos favoráveis, considerando as progênies $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{24:25}$. Também foram realizadas análises de variâncias em nível de famílias. Para isso, foram obtidas as médias dos valores fenotípicos para k_1 ou k_2 plantas das parcelas. Esse valor médio Y_{ik} foi modelado por:

$$Y_{ik} = \mu + f_i + \varepsilon_{i\delta}$$

Em que f_i é o efeito da i -ésima família e $\varepsilon_{i\delta}$ é o erro médio entre parcelas, imposto normal com média 0 e variância σ^2/k_1 ou σ^2/k_2 .

O componente de variância entre famílias foi determinado utilizando o seguinte estimador:

$$\sigma_F^2 = \frac{QMF - QME}{r}$$

Em que QMF e QME são os quadrados médios obtidos na análise de variância entre famílias e residual, respectivamente.

Como foram realizadas $N = 1000$ simulações Monte Carlo de cada configuração, pode-se determinar o número médio de alelos favoráveis e a variância genética.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da Tabela 1 referem-se aos valores médios na distribuição gerada por simulação, a qual considerou 1.000 simulações Monte Carlo, do número de locos favoráveis (AA e Aa) no indivíduo do *bulk* de tamanho n que continha o maior valor fenotípico. Neste ponto, convém mencionar que se tomou por base uma

planta de feijoeiro contendo 80 sementes por planta. É necessário observar que quando a herdabilidade é igual a 1, a relação fenotípica é idêntica à relação genotípica. Nesse caso, o indivíduo de maior número de locos favoráveis é selecionado. Essa situação foi utilizada como referência.

Numa geração $F_{4:5}$ ou $F_{4:6}$, espera-se, em média, 9/16 (56,25%) de locos favoráveis na geração como um todo. Se considerarmos $n = 100$ locos e probabilidade de sucesso igual a 9/16, então, a variável x que se refere à contagem do número de locos favoráveis, impondo locos independentes, tem distribuição binomial. Utilizando-se uma aproximação normal da binomial, pode-se ver que 99% dos indivíduos de uma dada geração são esperados com valores entre 43,48 e 69,02 locos favoráveis. Assim, apenas 0,5% superam 69,02 locos favoráveis. Isso quer dizer que, selecionando o melhor indivíduo com herdabilidade igual a 0,1, corresponderia a ter uma média próxima do limite de 69 locos favoráveis, se o *bulk* fosse de tamanho 200 indivíduos. Isso decore do fato de 0,5% dos indivíduos superarem o limite superior do intervalo e 0,5% corresponder, em média, a um indivíduo a cada 200 com essa característica.

Na Tabela 1, as médias do número de locos favoráveis no melhor indivíduo com $h^2 = 1$ foram próximas desse limite teórico nas gerações $F_{4:5}$ ou $F_{4:6}$. Os valores médios obtidos para as estimativas de locos favoráveis nas simulações estudadas foram próximas aos valores teóricos definidos. É importante observar quando se realiza simulação computacional verificar se o programa implementado foi eficaz e, mais ainda, se os resultados refletem o que se espera que ocorra em condições reais (FERREIRA, 2001).

Na Tabela 1 são apresentados os valores médios, de locos favoráveis ao longo das 1.000 simulações do melhor indivíduo selecionado fenotipicamente, as quais dependem da herdabilidade, do tamanho do *bulk* e das gerações consideradas, fixado o $a = d = 1$, ou seja, uma situação de dominância completa.

Assim, o valor de 56,25% de locos favoráveis deverá ser utilizado nas discussões a seguir como referência para a média na comparação do efeito do tamanho de *bulks*. Os limites de 99% de confiança podem ser usados como valores de referência para mínimo e máximo; neste caso, o tamanho de *bulks* correspondente seria o de 200 (valor de referência).

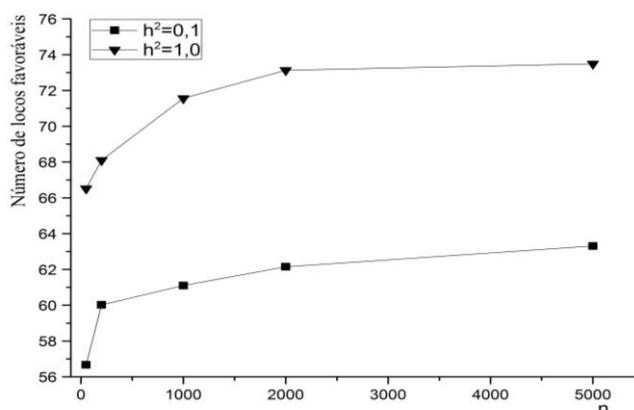
Para um tamanho fixo do *bulk* e da geração, observam-se ganhos maiores à medida que o *bulk* aumenta, quando se compara a média do número de locos favoráveis entre a herdabilidade 0,1 a 1,0. A partir de *bulks* de tamanho 1000, os ganhos no número de locos favoráveis de $h^2 = 1$ para $h^2 = 0,1$ ficam praticamente estáveis, próximos de 10 locos favoráveis por tamanho de *bulk*.

Tabela 1. Número médio de locos favoráveis dentro das famílias $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$, nos 100 locos segregando com interação alélica de dominância completa $a=d=1$.

Valores	n	h^2							
		0,1		0,5		0,8		1,0	
		$F_{4:5}$	$F_{4:6}$	$F_{4:5}$	$F_{4:6}$	$F_{4:5}$	$F_{4:6}$	$F_{4:5}$	$F_{4:6}$
	50	56,67	56,68	63,50	62,63	66,16	64,42	66,52	65,98
	200	60,02	58,90	65,64	64,86	67,52	66,80	68,10	68,52
Média	1000	61,10	60,00	66,18	66,12	69,68	67,69	71,56	69,86
	2000	62,15	61,00	68,39	67,15	69,89	68,71	73,13	72,00
	5000	63,31	62,20	68,41	67,54	71,38	70,03	73,49	73,20

Considerando os resultados da Tabela 1 fixado um valor de h^2 , verifica-se que existem ganhos acentuados com o aumento do *bulk*. Se a herdabilidade é grande, os ganhos com o aumento de n são menores. Este fato é esperado, pois, o número de locos favoráveis com herdabilidade crescente está em um patamar superior. Por exemplo, de $n = 2000$ para 5000 com $h^2 = 0,1$, o número médio de locos favoráveis aumenta de 62,15 para 63,31, enquanto com $h^2 = 1$, os valores aumentaram de 73,13 para 73,49, na $F_{4:5}$. Outro fato que merece ser destacado é que, em condições de herdabilidade baixas exigem-se *bulks* muito grandes em comparação a um *bulk* bem menor se a herdabilidade for alta. Tomando-se como exemplo $h^2 = 0,5$, um *bulk* de

aproximadamente $n = 2000$ indivíduos seria necessário para equivaler a um *bulk* de tamanho $n = 200$ com $h^2 = 1$. Este fato realça a importância da herdabilidade. O que se percebe também é que o aumento no tamanho da amostragem provoca acréscimos que vão diminuindo de magnitude na medida em que aumenta o tamanho de *bulk*. Uma inspeção na Tabelas 1 permite inferir que um *bulk* de tamanho 2000 indivíduos, fixada a h^2 em qualquer valor, e se o *bulk* for além deste tamanho os ganhos são inexpressivos. Isto pode ser verificado no gráfico da Figura 1 para $h^2 = 0,1$ e $h^2 = 1$, situações extremas escolhidas para ilustrar o fato.

Figura 1. Número de locos favoráveis versus tamanho de *bulk* com $h^2 = 0,1$ e 1 para 100 locos segregando $d = a = 1$ em famílias $F_{4:5}$ 

Na Tabela 2 estão apresentados resultados idênticos aos das situações da Tabela 1 para a média, exceto pelo fato de que a família considerada foi a $F_{24:25}$. Assim, a dominância é praticamente inexpressiva nessa geração. Os tamanhos de *bulk* e a h^2 tiveram o mesmo padrão de resposta. A ressalva é a de que o número de locos favoráveis, na melhor situação, $n = 5000$ e $h^2 = 1$ (65,12), está bem aquém do valor observado nessa mesma situação em $F_{4:5}$ (73,49). Nesse caso,

a média da geração é de praticamente 50% dos locos favoráveis (AA), com queda de 6,25 pontos percentuais em relação à média da geração $F_{4:5}$. O tamanho do *bulk* de 2.000 indivíduos com $h^2 = 0,1$ praticamente reproduz o potencial igual ou superior a 2000 com $h^2 = 1$. O aumento do tamanho do *bulk* de 2.000 para 5.000, praticamente não teve efeito no número médio de locos favoráveis do melhor indivíduo avaliado fenotipicamente.

Tabela 2. Número médio de locos favoráveis dentro das famílias $F_{24:25}$, nos 100 locos segregando com interação alélica de dominância completa $a=d=1$.

Valores	n	h^2			
		0,1	0,5	0,8	1,0
Média	50	42,96	46,78	47,89	47,89
	200	70,22	70,17	70,15	70,06
	1000	89,86	89,58	89,65	89,98
	2000	89,86	89,63	89,85	89,98
	5000	89,90	89,73	89,75	89,89

Para o tamanho do *bulk*, o efeito foi pronunciado na média. Novamente, valores entre 1.000 e 2.000 parecem ser adequados, pois há uma aproximação dos valores para o limite estabelecidos com $n = 5000$, que se considera um

tamanho adequado o suficiente para servir de referência. Há um maior indício, pelos resultados, de que o tamanho adequado $n = 2000$ seja o melhor.

Tabela 3. Variância genética nas famílias $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$, nos 100 locos segregando com interação alélica de dominância completa $a=d=1$

Valores	n	h^2			
		0,1	0,5	0,8	1,0
Méd	50	56,87	57,86	58,17	58,32
	200	61,16	61,43	61,62	61,86
	1000	63,45	63,45	63,78	64,50
	2000	65,00	65,00	65,00	65,00
	5000	65,00	65,00	65,02	65,12

Para uma geração mais avançada de endogamia $F_{24:25}$, os mesmos resultados apresentados na Tabela 3 foram reproduzidos com essa população (Tabela 4). Para essa situação, houve um pronunciado efeito do tamanho do *bulk* na média das estimativas da variância genética nas famílias $F_{24:25}$, para todos os valores de h^2 . Observando o de *bulk* de 2.000 indivíduos, nota-se que houve estabilização dos valores, comparado com os do *bulk* de tamanho 5.000. Para $h^2 = 0,1$, observou-se que, com $n = 50$, o valor da variância genética média foi de 43,70 e, para $n = 5000$, de 98,00. A diferença é muito grande quando se comparam os valores para $n = 50$ e $n = 5000$. É oportuno salientar que os resultados dos componentes de variância são provenientes de experimentos em uma estrutura experimental casualizada. Assim, os resultados estão sujeitos ao erro experimental. Outra importante constatação é que, mesmo com herdabilidades altas, mas com amostras pequenas $n \leq 200$, há uma perda muito grande na variabilidade média.

Importantes resultados, que confirmam todo o padrão de resposta encontrado para $g = 100$ locos, estão apresentados na Tabela 5. Nesse caso, várias outras situações foram investigadas em função de g e de n . O efeito do *bulk* é consistentemente para $g = 5, 50$ e 200 . Um importante fato, que merece ser destacado, é que

com $g = 200$ locos, os ganhos no número de locos favoráveis não estabilizaram com aumento no tamanho do *bulk*, mesmo para *bulk* de tamanho $n = 5000$. Isso indica que, se o caráter é controlado por mais de 100 genes, *bulks* de tamanhos iguais ou maiores que 5.000 indivíduos devem ser utilizados, se houver viabilidade prática e econômica para isso.

Tabela 4. Variância genética nas famílias $F_{24:25}$ com 100 locos segregando com interação alélica de dominância completa $a=d=1$.

Valores	n	variância
Média	50	43,70
	200	70,00
	1000	98,00
	2000	98,02
	5000	99,08

O efeito da amostragem teve grande magnitude no desempenho do *bulk*. Esse efeito foi mais pronunciado nas situações de baixa herdabilidade. Verificou-se que o ganho no número de locos favoráveis do melhor indivíduo, praticamente não apresentou acréscimo expressivo para *bulks* de tamanhos iguais ou superiores a 2.000.

Tabela 5. Número de locos favoráveis médios em função de g e n para $h^2 = 1,0$ e $d = a = 1$ em famílias $F_{4:5}$

Valores	n	g		
		5	50	200
	50	1,98	23,60	97,40
	200	2,03	24,62	98,50
Média	1000	2,98	27,58	106,50
	2000	3,47	33,15	116,18
	5000	3,50	34,33	120,20

CONCLUSÃO

A utilização da simulação computacional demonstrou eficiência e foi informativa no estudo da amostragem no método *bulk*. Na determinação do tamanho do *bulk* em autógamas, a herdabilidade deve ser considerada. O tamanho de *bulk* de 2.000 indivíduos mostrou-se adequado.

REFERÊNCIAS

- CASALI, V. W. D.; TIGCHELAAR, E. Computer simulation studies comparing pedigree, bulk, and single seed descent selection in self pollinated populations. **Journal of American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 100, n. 4, p. 364-367, July 1975.
- CORTE, H. R.; RAMALHO, M. A. P.; GONÇALVES, F. M. A.; ABREU, A. de F. B. A. Natural selection for grain yield in dry bean populations bred by the bulk method. **Euphytica**, Wageningen, v. 123, n. 3, p. 287-393, 2002.
- FEHR, W. R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Mamillann, 1987. v. 1, 525 p.
- FERREIRA, D. F. Simulação no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C.; MELO, I. S. de.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 1119-1141.
- FOIULLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPS, P. **Genetics resources of phaseolus beans**. Drecht: Kluwer Academic, 1988. p. 503-541.
- GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Natural selection in four common bean traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 3, p. 213-220, jul./set.2001.
- HAMBLIN, J. Plant breeding interpretations of the effects of bulk breeding on four populations of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) **Euphytica**, Wageningen, v. 26, n.1, p. 157-168, Feb. 1977.
- KERVELLA, J.; FOIULLOUX, G. A theoretical study of bulk breeding method: importance and consequences of losses due to sampling. **Euphytica**, Wageningen, v. 60, n. 3, p. 185-195, Apr. 1992.
- MUEHLBAUER, F. J.; BURNELL, D. G.; BOGYO, M. T. Simulated comparisons of single descent and bulk populations breeding methods. **Crop Science**, Madison, v. 21, n. 4, p. 572-577, Jul./Aug. 2004.
- OEVEREN, A. J. van; STAM, P. Comparative simulation studies on the effects of selection for quantitative traits in autogamous crop: early selection versus single seed descent. **Heredity**, Cary, v. 69, n. 4, p. 342-351, Oct. 1992.
- PIROLA, L. H.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. de. S.; ABREU, A. de F. B. Natural selection and family x location interaction in the common (dry) bean plant. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 343-347, set. 2002.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C.; MELO, I. S. de.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.
- SILVA, N. O.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. CARNEIRO, J. E. de S. Performance of common bean families after different generations under natural selection. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 27, n. 4, p. 574-578, dez. 2004.
- WANG, J.; WOLFGANG, H. P. Simulation modeling in plant breeding: Principles and applications. **Agricultural Sciences in China**, Beijing, v. 6, n. 8, p. 101-105, Aug. 2007.