

## Avaliação Genética de Famílias De Meios-irmãos de Milho Pipoca Usando a Metodologia Bayesiana

Henrique José Camargo Senhorinho<sup>1</sup>, Lucas Rafael de Souza Camacho<sup>2</sup>, Marlon Mathias Dacal Coan<sup>3</sup>, Luiz Rafael Clóvis<sup>4</sup>, Fernando Rafael Alves Ferreira<sup>5</sup>, Klayton Flávio Milani<sup>6</sup>, Acácio Antonio Miotto<sup>7</sup>, Vitor Hugo Domenes Tolentino<sup>8</sup>, José Lidércio Matias Júnior<sup>9</sup>, Marcos de Araújo Rodovalho<sup>10</sup>, Ronald José Barth Pinto<sup>11</sup>

<sup>1</sup> Universidade Estadual de Maringá. Maringá/PR. Emails: hsenhorinho@hotmail.com<sup>1</sup>, lucas\_camacho88@hotmail.com<sup>2</sup>, marloncoan@gmail.com<sup>3</sup>, luizrafaelclovis@hotmail.com<sup>4</sup>, nando\_fraf@hotmail.com<sup>5</sup>, kf\_milani@hotmail.com<sup>6</sup>, acaciomiotto@hotmail.com<sup>7</sup>, vitortolentino@hotmail.com<sup>8</sup>, jr\_lidercio@hotmail.com<sup>9</sup>, marcos.rodvalho@syngenta.com<sup>10</sup>, rjbpinto@uem.br<sup>11</sup>

**RESUMO** - Populações de milho pipoca de polinização aberta são de grande importância para pequenos agricultores que utilizam material melhorado útil para vários anos agrícolas. O presente trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos da capacidade de expansão e rendimento de milho pipoca em um ensaio de 169 famílias de meios-irmãos, utilizando a metodologia Bayesiana como preditor do mérito genético. O método Bayesiano foi implementado por meio do algoritmo de Cadeias de Independência (*Independence Chain*), com informações “a priori” informativas para os componentes de variância familiar e residual (distribuição “a priori” Inversa Gamma). A capacidade de expansão mostrou ser moderadamente herdável com moda “a posteriori” de  $h^2 = 0,34$  e intervalo de credibilidade de 0,22 – 0,44 (90% de probabilidade). O rendimento de grãos apresentou uma herdabilidade (nível de família) de  $h^2 = 0,4$  com intervalo de credibilidade de 0,28 – 0,49. De acordo com as informações obtidas com a população em estudo é possível inferir que existe variabilidade genética significativa para os ciclos subsequentes de melhoramento, e que a metodologia Bayesiana pode auxiliar no processo de seleção de famílias de milho pipoca.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L., capacidade de expansão, rendimento, algoritmo de Cadeias de Independência.

### Introdução

Populações de milho pipoca de polinização aberta são de grande importância para pequenos agricultores que podem fazer uso no decorrer de vários anos agrícolas. Os trabalhos de seleção de famílias têm como objetivo fundamental melhorar características de interesse com o aumento da frequência de alelos favoráveis nos ciclos de melhoramento. As variedades de polinização aberta são por definição populações com inter cruzamento de indivíduos entre si.

O método de seleção entre e dentro de família de meios-irmãos é um dos métodos mais difundidos em programas de melhoramento no Brasil. Os métodos de melhoramento intrapopulacionais se mostram eficientes no que diz respeito ao ganho de melhoramento na

população “per se” elevando a frequência de alelos favoráveis para caracteres desejáveis (PACHECO, et al., 1998; VIANA, 2007).

Os métodos de seleção de meios-irmãos fornecem estimativas de parâmetros genéticos, ganhos de seleção, diferenciais de seleção, dentro outros (HALLAUER, et al., 1981; SCAPIM, et al., 2006).

No melhoramento genético do milho, a estimação dos componentes de variância e a predição dos valores genéticos são aspectos chaves na avaliação genética de características de importância econômica (SCAPIM et al. 2006), os quais podem ser abordados por médio de métodos bayesianos, incorporando as diferentes variantes dos procedimentos MCMC (Markov chain Monte Carlo).

Tais procedimentos são utilizados para determinar as distribuições marginais *a posteriori* das estimativas dos parâmetros de interesse. A metodologia bayesiana é considerada ferramenta importante na avaliação genética, pois leva em conta a incerteza existente sobre todos os parâmetros do modelo (incluindo componentes de variância) (NOGUEIRA et al., 2003).

O presente trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos da capacidade de expansão e rendimento de milho pipoca em um ensaio de 169 famílias de meios-irmãos, utilizando a metodologia Bayesiana como preditor do mérito genético.

### **Materiais e Métodos**

O experimento foi conduzido na Universidade Estadual de Maringá na Fazenda Experimental de Iguatemi no ano agrícola 2008-2009, avaliando-se 169 famílias em delineamento Lattice 13x13 com três repetições, provenientes de uma população de milho pipoca de sementes brancas UEM-C1. Os caracteres avaliados foram rendimento de grãos em ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) e capacidade de expansão ( $\text{mL g}^{-1}$ ).

Os critérios de informação de Akaike (AIC: Akaike Information Criterion) e Bayesiano de Schwarz (BIC: Bayesian Information Criterion) foram usados para checar a significância do efeito familiar. Adicionalmente, foi utilizado o teste da razão de verossimilhança (LRT: Likelihood Ratio test) para comparar o modelo nulo (sem efeito familiar) e completo; LRT tem distribuição  $\chi^2$ , o qual foi usado como critério de significância ( $p=0.95$ ). AIC, BIC, LRT e os componentes de variância REML (*Restricted Maximum Likelihood*) foram obtidos usando o procedimento PROC MIXED do SAS (SAS-INSTITUTE, 1992).

Do ponto de vista do modelo bayesiano, os componentes de variância, herdabilidade e predição dos valores genéticos foram obtidos usando o procedimento PROC MIXED, com a opção PRIOR e mostras *a posteriori* de tamanho 50.000, gerada pelo algoritmo de Cadeias de Independência (*Independence Chain*); variante dos métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC).

O coeficiente de correlação de Pearson foi calculado entre os valores genéticos preditos da capacidade de expansão e o rendimento, para determinar a relação genética entre as características, usando o procedimento PROC CORR de SAS.

### **Resultados e Discussão**

Encontraram-se diferenças significativas entre as famílias para ambas as características de acordo com os critérios de informação AIC e BIC (Tabela 1); os menores valores dos critérios de informação apontam a seleção do modelo que inclui o efeito familiar. Este resultado foi coincidente com o teste de razão de verossimilhança ( $p < 0,05$ ).

As estimativas dos componentes de variância e herdabilidade usando Máxima Verossimilhança Restrita (REML) são apresentadas na Tabela 1. A capacidade de expansão e o rendimento de grãos mostraram ser moderadamente herdável com  $h^2 = 0,34$  e  $h^2 = 0,39$  respectivamente. Estes resultados são coincidentes com os valores de herdabilidade obtidos na linha bayesiana (Tabela 2) com moda “*a posteriori*” de  $h^2 = 0,34$  e intervalo de credibilidade de 0,22 – 0,44 (90% de probabilidade), para a capacidade de expansão, e  $h^2 = 0,4$  com intervalo de credibilidade de 0,28 – 0,49, para o rendimento. Os intervalos de credibilidade bayesianos dos componentes de variância e herdabilidade incluem o valor da estimativa REML, confirmando a equivalência entre os procedimentos. As diferenças significativas entre as famílias permite a obtenção de ganhos genéticos que variam entre 4 e 5,2% para capacidade de expansão, e entre 7,1 e 9,2%, para o rendimento de grãos (Tabela 3).

Na Tabela 3 estimativas do ganho genético (seleção familiar), considerando duas intensidades de seleção (20,12 e 10,06%) foram calculadas de acordo com os valores preditos Bayesianos das famílias de milho pipoca. A significativa variabilidade genética entre as famílias de milho pipoca da população UEM-C1, permitiu a obtenção de progressos genéticos para ambas as características.

Os valores pontuais da média, mediana e moda das distribuições “*a posteriori*” dos componentes de variância e herdabilidade foram similares, evidenciando carência de assimetria. Consideraram-se cadeias com 50.000 amostras aleatórias com período de descarte (*burn-in*) de tamanho 5.000 (Figura 1). Os critérios de convergência das cadeias IC, foram

confirmados pelo estatístico de Heidelberger e Welch (1983). Os resultados da análise das cadeias estão em concordância com Wolfinger e Kass (2000).

Na Figura 2 é apresentado um gráfico com os valores genéticos de famílias, obtidos via predição Bayesiana para capacidade de expansão e rendimento de grãos, os quais foram confrontados entre si. A linha reta é um indicativo do grau de associação entre os valores genéticos das 169 famílias de meios-irmãos. O coeficiente de correlação de Pearson (calculados entre os valores genéticos das famílias para cada característica) foi negativo, porém não foi estatisticamente diferente de zero ( $r = -0,103$ ;  $p = 0,2112$ ), confirmando uma fraca associação entre os valores de predição do efeito de famílias de ambas as características.

Uma correlação genética não significativamente diferente de zero, indicaria que a seleção de famílias baseada na Capacidade de Expansão não teria efeito significativo sobre o rendimento de grãos.

Scapim et al. (2002) mencionou que a negativa associação entre a capacidade de expansão e rendimento pode interferir na obtenção de ganhos produto da seleção simultânea numa população de melhoramento. Desde o ponto de vista genético, este fenômeno indica que ambos as características poderiam estar controladas por genes distintos.

### **Conclusões**

Houve significativa variabilidade genética entre as famílias de milho pipoca da população UEM-C1, o que permitiu a obtenção de progressos genéticos para rendimento de grãos e capacidade de expansão, porém, a baixa correlação genética entre ambas as características limitaria o progresso genético de seleção simultânea.

A avaliação genética usando abordagem bayesiana possibilitou realizar inferências científicas na população de melhoramento, se mostrado uma ferramenta apreciável que pode auxiliar no processo de seleção de famílias de milho pipoca, e corresponde a um procedimento equivalente a sua contraparte dos modelos lineares mistos clássicos.

### **Literatura citada**

HALLAUER, A. R. and MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames : Iowa State University, 1981.

HEIDELBERGER, P.; RD. WELCH. Simulation run length control in the presence of an initial transient. Operations Research 31:1109-1144, 1983.

NOGUEIRA DA, T SÁFADI, E BEARZOTI, JSS BUENO-FILHO. Análises clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. *Ciênc. Agrotec.* 27: 1614-1624, 2003.

PACHECO, C.P.A., et al. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 33, 12, 1995-2001, 1998.

SAS-INSTITUTE. Software: Statistical Analysis System Institute. Cary, NC : s.n., 1992.

SCAPIM, C.A.; PACHECO, P.C.A.; TONET, A.; LUCCA e BRACCINI, A.; PINTO, R.J.B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia* 61(3): 219-230, 2002.

SCAPIM, C. A., et al. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho pipoca. *Ciência Rural*, v. 36, 1, 36-41, 2006

VIANA, J.M.S. Melhoramento intrapopulacional recorrente de milho-pipoca, com famílias de meios-irmãos. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v. 6, 199-210, 2007.

WOLFINGER RD; RE KASS. Non-conjugate Bayesian analysis of variance component models. *Biometrics* 56: 768-774, 2000.

**Tabela 1.** Critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), o teste da razão de verossimilhança (LRT) (comparando os modelos: nulo e completo) e estimativas paramétricas usando modelos lineares mistos, via Máxima Verossimilhança Restrita (REML).

Indicadores	Capacidade de Expansão		Rendimento	
	Modelo completo	Modelo nulo	Modelo completo	Modelo nulo
Verossimilhança -2 Res. Log.	2870,7	2879,6	6930,2	6940,9
AIC	2874,7	2881,6	6934,2	6942,9
BIC	2881,0	2885,7	6940,3	6947,0
LRT	8,9*		10,7*	
Estimativas paramétricas				
Variância Familiar	3,209	--	70835	--
Variância Residual	19,009	22,2263	328449	398196
Variância Aditiva	12,838	--	283340	--
h <sup>2</sup>	0,336	--	0,393	--

\* Modelo completo é estatisticamente significativo de acordo com o teste  $\chi^2$  (p<0.05)

**Tabela 2.** Estimativas bayesianas dos componentes de variância e herdabilidade (nível de famílias) para o rendimento de grãos e capacidade de expansão em milho pipoca.

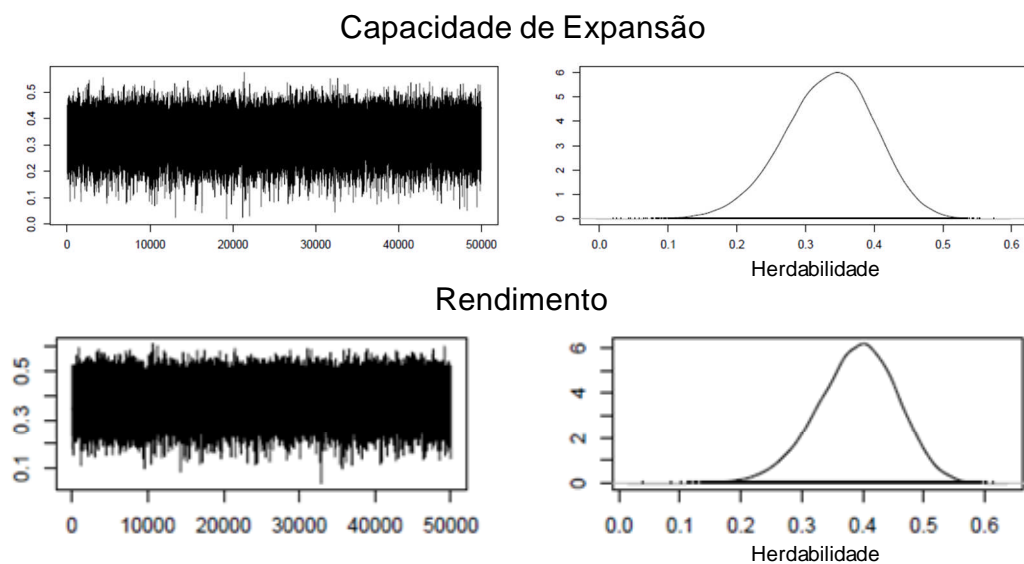
Capacidade de Expansão	Estimativas Bayesianas*					
	Media	Mediana	Moda	DP	LI	LS
Variância Familiar	3.249	3.218	3.056	0.865	1.889	4.721
Variância Residual	19.064	19.024	18.980	1.094	17.347	20.938
Variância Aditiva	12.994	12.870	12.224	3.459	7.555	18.886
h <sup>2</sup>	0.334	0.337	0.344	0.066	0.220	0.438
Rendimento						
Variância Familiar	71702	71049	71962	17453	44219	101528
Variância Residual	329333	328582	328852	20084	297954	363756
Variância Aditiva	286806	284195	287848	69811	176876	406112
h <sup>2</sup>	0.390	0.394	0.402	0.066	0.277	0.493

\* DP: desvio padrão; LI e LS: limites inferior e superior dos intervalos de credibilidade (P=90%)

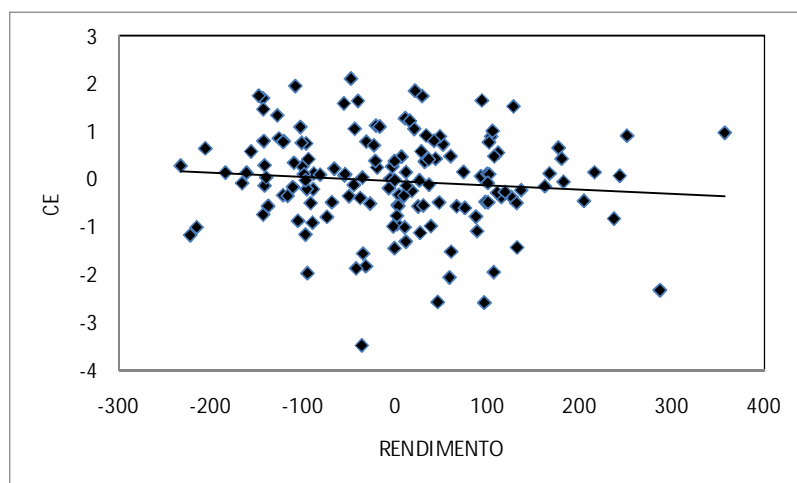
**Tabela 3.** Estimativas do ganho genético (seleção familiar) considerando duas intensidades de seleção (20,12 e 10,06%) calculadas de acordo com os valores preditos Bayesianos das famílias de milho pipoca.

	Capacidade de Expansão		Rendimento	
	20,12%	10,06%	20,12%	10,06%
MBVS	1.30	1.67	149.8	195.7
NFS	34	17	34	17
Media Ensaio	32.15	32.15	2121.4	2121.4
GG%	4.0	5.2	7.1	9.2

MBVS: Media dos *breeding values* das famílias selecionadas; NFS: Número de famílias selecionadas; GG%: ganho genético em porcentagem



**Figura 1.** Distribuições marginais *a posteriori* das herdabilidades (nível de famílias), para as características capacidade de expansão e rendimento de grãos, avaliadas em 169 famílias de milho pipoca. À esquerda é mostrado o processo de iteração do algoritmo de cadeias independentes (análise Bayesiana)



**Figura 2.** Gráfico de dispersão com os valores genéticos de famílias, obtidos via predição Bayesiana para capacidade de expansão (CE) e rendimento de grãos, avaliados em 169 famílias de meios-irmãos de milho pipoca (população UEM-C1)