

Comparação de índices de seleção na seleção recorrente: um exemplo no melhoramento de milho pipoca.

Marlon Mathias Dacal Coan¹, Fernando Sabadin², Rafael Augusto Vieira³, Isaac Romani⁴, Renato da Rocha⁵, Roberta Luiza Vidal⁶, João Ricardo Silva Marcon⁷ e Thaisa Cavalieri Matera⁸

^{1,2,3,4,5,6,7,8}Universidade Estadual de Maringá, PR. ¹marloncoan@gmail.com,
²fernando.sabadin.s@gmail.com, ³rfavieira@msn.com, ⁴isaac_romani@yahoo.com.br,
⁵ato.d.rocha@gmail.com, ⁶roberta@hotmail.com, ⁷joaorsmarcon@gmail.com e
⁸thaisamatera@hotmail.com

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi comparar os índices de seleção para a seleção recorrente em milho pipoca para múltiplas características por meio da apresentação de uma fórmula estatística para escolha dos melhores índices de seleção. Este estudo apresenta uma estatística simples (C_i) que indica a melhor escolha entre os índices em termos de maximizar os ganhos em uma dada população. Compostos de milho pipoca foram avaliados ao longo de quatro ciclos de seleção para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Foram testados 169 famílias de meios-irmãos em látice com duas repetições. Em seguida, os ganhos de RG e CE foram estimados sob duas intensidades de seleção por meio de seleção truncada. Por meio da estatística C_i elaborada, foi possível a escolha dos melhores índices com diferentes pesos econômicos. O índice Subandi, Mulamba e Mock (com índices CV_g e 1 como peso econômico) foram os mais adequados para maximizar os ganhos genéticos para RG e CE. Isso ocorreu ao longo de diferentes condições de variabilidade e herdabilidade nas intensidades de seleção. A C_i pode ser uma ferramenta útil para identificar o índice de seleção mais vantajoso em outras culturas, como descrito para o melhoramento de milho pipoca com seleção recorrente.

Palavras-chave: *Zea mays* L., ganho genético, melhoramento.

Introdução

A Seleção de plantas com base em múltiplas características é um desafio para os melhoristas de plantas. Na maioria das culturas, essas características precisam ser trabalhadas para atender uma ampla gama de interesses de produtores e consumidores. Diferentes estratégias de seleção são aplicadas para atender a essas necessidades de forma satisfatória. Curiosamente, uma mistura de índices de seleção implícitos e independentes são utilizados pelos programas de melhoramento (SCAPIM et al., 2010).

Um índice de seleção adequado deve maximizar os ganhos genéticos de várias características sobre a população, enquanto que o saldo dos ganhos são mantidos e ponderados em relação às possibilidades do melhoramento para essas características em uma determinada população.

No melhoramento de milho pipoca a seleção de múltiplas características de caráter industrial como a capacidade de expansão associado com rendimento de grãos não é uma tarefa simples, devido à ocorrência de correlações negativas entre as duas características (PEREIRA & AMARAL JÚNIOR, 2001). Além disso, o milho pipoca tem uma base genética estreita, devido ao número relativamente pequeno de linhas desenvolvidas a partir de germoplasma de milho flint que foram selecionados para a qualidade da capacidade de expansão (ZIEGLER & ASHMAN, 1994).

Para superar esta limitação, o uso de índices de seleção parecem apropriados devido a superação da correlação negativa por meio dos métodos estatísticos e permitir a seleção de progênies de alto rendimento e adequada qualidade para o milho pipoca em programas de seleção recorrente (VIEIRA et al., 2009). De tal ponto de vista, os programas de melhoramento necessitam de uma adequada escolha dos índices de seleção e seus pesos econômicos para múltiplas características, assim buscando maximizar o ganho genético.

O objetivo deste trabalho foi comparar os índices de seleção em seleção recorrente em milho pipoca para múltiplas características por meio da apresentação de fórmula estatística para escolha dos melhores índices de seleção.

Material e Métodos

Os experimento foram conduzidos e avaliados no município de Maringá, estado do Paraná, sendo utilizados quatro gerações segregantes (ciclos de seleção recorrente 0, 1, 2 e 3) dos compostos de milho pipoca UEM-Co1 e UEM-Co2 originalmente formados por polinizações panmíticas. As famílias meios-irmãos foram avaliadas para rendimento de grãos (RG) e a capacidade de expansão (CE) para cada ciclo do composto. Foram testadas 169 famílias de meios-irmãos em um delineamento látice quadrado 13×13 com duas repetições.

O modelo matemático utilizado foi : $Y_{ijk} = \mu + g_i + b/r_{kj} + r_j + \cdot_{ijk}$, para cada ciclo dos compostos em que Y_{ijk} : é a observação para i-ésima família de meios-irmãos no k-ésimo intra-bloco localizado na j-ésima repetição; \cdot : é a média geral do experimento; g_i : é o efeito aleatório da i-ésima família de meios-irmãos; b/r_{kj} : é o efeito do k-ésimo bloco dentro da r-ésima repetição; r_j : é o efeito da r-ésima repetição; e \cdot_{ijk} : é o erro experimental associado a Y_{ijk} . Ambos g_i and b/r_{kj} são efeitos ajustados nas análises.

Os índices de seleção e a seleção truncada utilizados foram (i) Smith (1936) e Hazel (1943); (ii) Willians (1962); (iii) Mulamba and Mock (1978); (iv) Cunningham et al. (1970); (v) Tallis (1962); (vi) Pesek e Baker (1969); e (vii) Subandi et al. (1973). Três conjuntos de

“pesos econômicos” foram utilizados, como se segue: (I) CVg tanto para PE e PG; (II) 350 para CEE 1 para PG; e (III) 1, tanto para CEE PG. Para comparar os índices de seleção foi elaborado a estatística C_i para a maximização e equilíbrio de ganhos genéticos em múltiplas características.

A expressão geral para calcular a C_i é a seguinte:

$$C_i = \sum_{j=1}^J \frac{(GG_{ij} - GG_{tsj})^2}{|GG_{tsj}|}, \text{ em que } GG_{ij} \text{ é o ganho genético estimado pelo } i\text{-ésimo}$$

índice de seleção para j -ésima característica; GG_{tsj} é o ganho genético máximo possível para a j -ésima característica estimada pela seleção truncada.

A C_i considera a proximidade entre o ganho genético para cada característica de um conjunto, estimada por um índice, e o ganho genético máximo possível para essas características na população avaliada. Sugere-se que o ganho de genético máximo é medida usando seleção truncada.

Resultados e Discussão

Houve diferenças significativas ($p < 0,05$) para todos os ciclos dos compostos em relação a ambas as características tabela 1. No composto UEM-Co1, o coeficiente de variação genética (CVg) variou de 9,96 a 4,04 para a característica CE, e 12,48 a 8,16 para RG. O CVg da UEM-Co2 variou de 15,04 a 3,86 para CE, e 12,54 a 7,20 para RG. As estimativas de herdabilidade para EP, foram 0,638 a 0,193 na UEM-Co1, e 0,762 a 0,194 na UEM-Co2. Para RG as estimativas de herdabilidade variaram de 0,634 a 0,361 na UEM-Co1, e 0,757 a 0,422 na UEM-Co2. Estas respostas caracterizaram diferentes condições de variabilidade genética e herdabilidade para estimar ganhos genéticos por índices de seleção para poder empregar a estatística C_i .

Na tabela 2 os índices, $MM_{1,1}$, Sub, and $Tallis_{1,1}$ tiveram os menores valores de C_i para as intensidades de seleção de 20 e 40%. Isso indica que eles tiveram bons resultados em termos de proporcionar alto e equilibrado ganho genético para as características CE e RG. A importância de identificar índices de seleção adequados tem sido enfatizada por vários estudos em melhoramento de plantas. Eles têm desempenhado um papel importante na seleção de características múltiplas em milho pipoca e entre outras culturas.

A aplicação da estatística C_i espera-se que seja adequada para todas as culturas de importância econômica. Isto pode ajudar a melhoristas na escolha do índice de seleção mais

vantajoso para ser utilizado rotineiramente no seus programas de melhoramento em determinada cultura e característica.

Nos Índices baseados nas metodologias de Smith (1936), Hazel (1943) e Williams (1962) a relação entre a RG e os ganhos genéticos de CE variaram consideravelmente entre eles, ou seja, as metodologias não forneceram equilibrados ganhos genéticos para CE e RG. Os ganhos genéticos de outros índices de seleção variaram tanto para a relação CE/RG quanto para sua proximidade com o ganho genético máximo.

Os índices $C_{unn_{1,1}}$, $Tallis_{350,1}$ e PB_{1-SDg} tiveram um desempenho intermediário. Enquanto que os índices $Tallis'$, $Tallis_{CVg}$ e $Tallis_{1,1}$ não foram excelentes em termos de estimar vantajosamente os ganhos de CE e RG sob as baixas condições de variabilidade ou herdabilidade. O índice $C_{unn_{CVg}}$ não obteve boa performance sob condição de baixa herdabilidade ou variabilidade.

Os menores valores de C_i obtidos foram pelos índices de seleção $MMCVg$, $MM_{1,1}$ e Sub sob as condições de intensidade de seleção (20 e 40%) com baixa herdabilidade e alta variabilidade representados na tabela 3, foram considerados como o mais vantajoso para uso em programas de melhoramento de milho pipoca, a fim de estimarem altos ganhos genéticos e equilibrados para as características CE e RG. Estes índices foram considerados como sendo adequados sob a ampla gama de condições testadas. Demonstrando que o C_i fornece uma identificação do índice de seleção mais adequado devido que está estatística elimina a subjectividade que pode ocorrer durante a escolha dos melhores índices.

Para C_i os valores dos ganhos genéticos estimados por um índice para muitas características são facilmente resumidos em um valor de C_i único que é calculado levando em conta em relação às possibilidades de reprodução de uma determinada população. Por meio do cálculo da divisão do $\frac{(GG_{ij} - GG_{tsj})^2}{2}$ pelo valor absoluto do ganho máximo genético demonstra que as diferenças maiores entre os ganhos estimados pelo índice do i -ésimo e o ganho genético máximo possível para a j -ésima característica esta sendo mais importante, quando este ganho máximo é grande.

Em outras palavras, os índices de características com altos ganhos, que tem grande possibilidade de reprodução na população é penalizada na C_i . Desta maneira, o C_i vantajosamente leva em conta as possibilidades reais de reprodução da população avaliada, dando peso para aqueles com potencial e limitando a partir das diferenças da reprodução da população para cada característica.

Portanto, o índice de rank-sum (MM_{CV_g} and $MM_{1,1}$) de Mulamba & Mock (1978) e o índice multiplicativo (Sub) Subandi et al. (1973) foram aqueles que de forma eficiente maximiza os ganhos genéticos para PE e PG. Isto foi afirmado sob diferentes valores de herdabilidades e condições de variabilidade com diferentes intensidades de seleção, desta forma, demonstrando que a estatística C_i é eficiente na escolha do melhor índice de seleção para múltiplas características.

Literatura Citada

CUNNINGHAM, E. P.; MOEN, R. A.; GJEDREM, T. Restriction of selection indexes. *Biometrics*, v.26, p.67–74, 1970.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt J. Gen. Cytol*, v.7, p.40–51, 1978.

PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breed. Appl. Biotechnol*, v.1, p.3–10, 2001.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. *Can. J. Plant Sci*, v.49, p.803–804, 1969.

SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIEIRA, R. A.; TEXEIRA, L. R.; MOTERLE, L. M.; VIGANÓ, J.; SANDOVAL, G. B. Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. *Semina. Ciências Agrárias*, v.31, p.321-330, 2010.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. *Ann.Eugenics*, v.7, p.240–250, 1936.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMEIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. *Crop Sci*, v.13, p.184–186, 1973.

TALLIS, G.M. A selection index for optimum genotype. *Biometrics*, v.18, p.120–122, 1962.

VIEIRA, R. A.; Souza Neto, I. L.; Bignotto, L. S.; Cruz, C. D.; Amaral Júnior, A. T.; Scapim, C. A. Heterotic parametrization for economically important traits in popcorn. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v.31, n.3, p.411-419, 2009.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. *Biometrics*, v.18, p.375–393, 1962.

ZIEGLER, K.E.; ASHMAN, B. Popcorn. p.189–223, 1994. In A.R. Hallauer(ed.) *Specialty corns*. CRC Press, Ames.

Tabela 1. Análise de variância para rendimento de grãos e capacidade de expansão em duas populações de milho pipoca ao longo de quatro ciclos de seleção.

Fontes de variação	G.L	Quadrado Médio							
		Capacidade de Exp. (mL mL ⁻¹)				Rendimento de Grãos (kg ha ⁻¹)			
		ciclo 0	ciclo 1	ciclo 2	ciclo 3	ciclo 0	ciclo 1	ciclo 2	ciclo 3
<i>UEM-Co1</i>									
Famílias (adj.)	168	27.3*	22.3*	19.2*	17.6*	1.90E ^{+5*}	1.67E ^{+5*}	1.70E ^{+5*}	1.98E ^{+5*}
Bloco/repetição (adj.)	24	9.5	10.8	30.4	58.8	0.89E ⁺⁵	1.26E ⁺⁵	4.29E ⁺⁵	4.12E ⁺⁵
Repetições	1	18.9	10.0	4.5	84.5	2.52E ⁺⁵	7.34E ⁺⁶	5.62E ⁺⁶	1.22E ⁺⁶
Erro	144	9.9	10.3	11.9	14.2	7.00E ⁺⁴	9.70E ⁺⁴	1.09E ⁺⁵	8.40E ⁺⁴
CVg		9.96	8.02	6.11	4.04	12.48	8.58	8.16	10.17
Herdabilidades		0.638	0.540	0.379	0.193	0.634	0.415	0.361	0.576
<i>UEM-Co2</i>									
Famílias (adj.)	168	31.2*	26.0*	22.7*	17.6*	1.98E ^{+5*}	1.70E ^{+5*}	1.42E ^{+6*}	1.97E ^{+5*}
Blocos/repetições (adj.)	24	11.3	5.5	15.7	52.5	0.96E ⁺⁵	1.22E ⁺⁵	4.83E ⁺⁵	4.22E ⁺⁵
Repetições	1	0.1	1.1	4.3	3.6	0.73E ⁺⁵	1.70E ⁺⁵	3.42E ⁺⁵	1.96E ⁺⁵
Resíduos	144	7.7	6.2	9.0	14.2	6.00E ⁺⁴	9.84E ⁺⁴	8.31E ⁺⁴	8.78E ⁺⁴
CVg		15.04	11.10	7.87	3.86	12.06	7.20	12.54	7.53
Herdabilidades		0.754	0.762	0.606	0.194	0.697	0.422	0.757	0.554

*Significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 2. C_i das estatísticas calculadas para comparar os ganhos genéticos estimados por vários índices de seleção em duas populações de milho pipoca.

Indexes	C_i [†]				Média
	<i>UEM-Co1</i>		<i>UEM-Co2</i>		
	RGCE20%	RGCE40%	RGCE20%	RGCE40%	
SH _{CVg}	12.33	8.78	13.78	12.80	11.92
SH _{350,1}	7.57	5.35	7.99	5.69	6.65
SH _{1,1}	12.33	8.57	13.78	12.61	11.82
W _{CVg}	9.36	7.77	12.79	10.88	10.20
W _{350,1}	6.77	5.72	7.49	5.95	6.48
W _{1,1}	9.36	7.68	12.79	11.60	10.36
MM _{CVg}	2.40	1.83	2.90	2.56	2.42
MM _{350,1}	17.28	9.73	16.79	10.02	13.46
MM _{1,1}	2.73	1.72	3.34	2.48	2.57
Cunn _{CVg}	5.48	3.32	4.25	2.86	3.98
Cunn _{350,1}	13.57	9.52	17.01	13.21	13.33
Cunn _{1,1}	3.72	2.25	4.48	3.27	3.43
Tallis _{CVg}	2.53	5.55	3.68	2.93	3.67
Tallis _{350,1}	2.53	3.59	3.68	2.95	3.19
Tallis _{1,1}	2.53	2.06	3.68	2.95	2.81
PB _{1-SDg}	2.66	2.03	3.80	3.12	2.90
Sub	2.16	1.65	2.78	2.28	2.22

[†] Baixos valores de C_i indicam que o índice de seleção estimado apresenta altos ganhos genéticos para as características. RGCE 20% - RGCE40%: C_i calculados a fim de combinar a rendimento de grãos e a capacidade de expansão com 20% e 40% intensidade de seleção respectivamente.

Tabela 3. C_i das estatísticas calculadas para comparar os ganhos genéticos estimados por vários índices de seleção em duas populações de milho pipoca.

Indexes	C_i [†]							
	Alta Herdabilidade		Baixa Herdabilidade		Alta Variabilidade		Alta Variabilidade	
	RGCE20 %	RGCE40%	RGCE20%	RGCE40%	RGCE20%	RGCE40%	RGCE20%	RGCE40%
SH _{CVg}	16.67	16.16	9.44	5.42	16.54	15.21	9.57	6.37
SH _{350,1}	8.52	6.64	7.04	4.40	8.43	6.58	7.13	4.46
SH _{1,1}	16.67	15.97	9.44	5.21	16.54	15.29	9.57	5.90
W _{CVg}	15.64	14.03	6.50	4.62	15.58	14.07	6.56	4.58
W _{350,1}	9.11	7.46	5.15	4.21	9.06	7.42	5.20	4.25
W _{1,1}	15.64	14.75	6.50	4.53	15.58	14.79	6.56	4.50
MM _{CVg}	3.47	2.41	1.83	1.97	3.47	2.04	1.83	2.34
MM _{350,1}	20.35	12.22	13.71	7.52	19.18	12.21	14.89	7.54
MM _{1,1}	4.25	2.99	1.83	1.20	4.38	2.88	1.69	1.31
Cunn _{CVg}	5.30	3.03	4.43	3.14	5.13	2.96	4.60	3.22
Cunn _{350,1}	19.40	12.93	11.19	9.80	19.39	12.93	11.19	9.81
Cunn _{1,1}	5.51	3.53	2.70	1.99	5.95	3.50	2.25	2.02
Tallis _{CVg}	4.70	7.21	1.52	1.26	4.86	7.23	1.35	1.24
Tallis _{350,1}	4.70	3.74	1.52	2.80	4.86	3.58	1.35	2.97
Tallis _{1,1}	4.70	3.74	1.52	1.27	4.86	3.71	1.35	1.30
PB _{1-SDg}	4.95	3.88	1.52	1.27	5.11	3.85	1.35	1.30
Sub	3.55	2.66	1.40	1.26	3.48	2.39	1.46	1.54
Mean	9.60	7.84	5.13	3.64	9.55	7.68	5.17	3.80

[†] Baixos valores de C_i indicam que o índice de seleção estimado apresenta altos ganhos genéticos para as características. RGCE 20% - RGCE40%: C_i calculados a fim de combinar a rendimento de grãos e a capacidade de expansão com 20% e 40% intensidade de seleção respectivamente.