

EMPREGO DO DELINEAMENTO I EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO POPULACIONAL RECORRENTE DE MILHO

Aurinelza Batista Teixeira Condé¹
José Marcelo Soriano Viana¹
Ramon Vinícius de Almeida¹

RESUMO

O uso do Delineamento I em programa de melhoramento populacional de milho permite empregar uma das seguintes estratégias de seleção: entre progênies de irmãos completos; entre progênies de meios-irmãos, seguida da seleção das melhores progênies de irmãos completos dentro de cada progênie de meios-irmãos selecionado (seleção em tandem); e seleção combinada, na qual consideram-se simultaneamente o desempenho das progênies de meios-irmãos e das progênies de irmãos completos dentro de cada progênie de meios-irmãos. O trabalho teve como objetivo avaliar, em relação à produção de grãos, essas alternativas de seleção. As análises consideraram a produção de dois grupos de progênies de irmãos completos, obtidas dos compostos Dent e Flint, usando o Delineamento I. A análise dos ganhos preditos, com seleção de 20 progênies de irmãos completos (intensidade de seleção equivalente a, aproximadamente, 17% nas duas populações) revelou maior eficiência da seleção combinada no composto Flint (27,4%) e eficiências comparáveis da seleção em tandem (16,4%) e da seleção combinada (16,4%) no composto Dent. Ao analisar os tamanhos efetivos em cada estratégia de seleção, observou-se que os menores valores foram obtidos na seleção combinada (16 e 13,3 nos compostos Dent e Flint, respectivamente).

Palavras-chave: delineamento hierárquico; parâmetros genéticos; seleção entre; seleção em tandem; seleção combinada.

ABSTRACT

USE OF DESIGN I IN MAIZE BREEDING PROGRAMS

The use of Design I in maize breeding programs allows for the use of the following selection strategies: selection among full-sib progeny; selection among half-sib progeny, followed by selection of the best full-sib progeny from each previously selected male parent (tandem selection); and combined selection, in which the performance of full-sib and half-sib progeny is considered simultaneously within each half-sib progeny. The present work was aimed to evaluate these alternative selection procedures in relation to grain yield. The analyses considered the yields of two full-sib progenies, obtained from Dent and Flint populations, using Design I. The analysis of predicted gain with the selection of 20 full-sib progeny (intensity of selection equivalent to approximately 17% on both populations) revealed higher efficiency of combined selection for the Flint population (27.4%), and comparable efficiency for tandem (16.4%) and combined selection (16.4%) on the Dent population. Analyzing the effective size in each selection strategy, it was noticed that the lowest values were obtained for the combined selection (16 and 13.3 for the Dent and Flint populations, respectively).

Key Words: hierarchical design, genetic parameters, selection between, tandem selection, combined selection.

¹Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral, Viçosa, MG. E-mails: aurinelza@yahoo.com.br.

INTRODUÇÃO

O Delineamento I, proposto por Comstock & Robinson (1948), tem sido utilizado para prover estimativas dos componentes da variância genotípica (Silva, 1990; Gouesnard & Gallais, 1992; Almiral *et al.*, 1996; Furtado, 1996; Mas *et al.*, 1998; Smith *et al.*, 1998; Pereira & Amaral Júnior, 2001; Ortiz & Golmirzaie, 2002) indispensáveis na avaliação de populações de melhoramento, embora não haja impedimento ao seu emprego em programas de melhoramento populacional recorrente com famílias não endogâmicas (Furtado, 1996). Comstock & Robinson (1948) sugeriram a avaliação de progênies de irmãos completos obtidas pelo cruzamento de *m* plantas tomadas ao acaso da população, designadas machos, com grupos distintos de *f* plantas também tomadas ao acaso na população, designadas fêmeas. Silva (1990), ao selecionar 20% das progênies de meios-irmãos, obtidas pelo Delineamento I, na população Piranão VF-1, estimou ganhos de 6,58% em produção de grãos. No trabalho de Furtado 1996, com a população Composto Flint, os ganhos preditos em produção foram de magnitudes iguais a 6,24% com seleção entre progênies de meios-irmãos, 5% com seleção entre progênies de irmãos completos, 4,6% com seleção em tandem (entre e dentro de progênies de meios-irmãos) e 6,53% com seleção combinada, com uma intensidade de seleção correspondente a 40%. Mas *et al.* (1998) utilizaram o Delineamento I para estimarem os parâmetros genéticos de populações semi-exóticas de milho, utilizadas para forragem, em relação à característica produção de espigas. As progênies de irmãos completos foram submetidas a uma intensidade de seleção equivalente a 3,7% e obteve-se uma resposta de 5,08% à seleção. Pereira & Amaral Júnior (2001) avaliaram progênies de irmãos completos de milho-pipoca, obtidas com o Delineamento I, e obtiveram, tanto para capacidade de expansão quanto para produção de grãos, maiores ganhos preditos com seleção entre progênies de irmãos completos, 9,42% e 27,09%, respectivamente.

Quando este delineamento é utilizado, é possível o emprego de uma das seguintes estratégias de seleção:

- Seleção entre progênies de irmãos completos.
- Seleção entre progênies de meios-irmãos, seguida

de seleção entre progênies de irmãos-completos dentro das progênies de famílias de meios-irmãos selecionados, denominada de seleção em tandem.

- Seleção combinada, que considera, simultaneamente, os desempenhos das progênies de meios-irmãos e das progênies de irmãos completos.

Este trabalho teve como objetivo avaliar, por meio de comparação de respostas esperadas à seleção, em relação ao caráter peso de grãos, as alternativas de seleção entre progênies de irmãos completos, seleção em tandem e seleção combinada.

MATERIAL E MÉTODOS

O Delineamento I foi empregado nos programas de melhoramento com os Compostos Dent e Flint. As progênies do Composto Dent foram obtidas pelos cruzamentos entre 37 plantas da população designadas machos, com outras 120, também tomadas ao acaso da população, designadas fêmeas. As progênies do Composto Flint foram obtidas cruzando-se 48 plantas da população designadas machos com outras 178, tomadas ao acaso da população, designadas fêmeas. Cada macho foi acasalado com uma a seis fêmeas. Visando maior eficiência da seleção, todos os genitores – designados como machos e fêmeas – foram autofecundados, possibilitando recombinação com progênies S_1 . Além de tornar mais eficiente o controle parental, relativamente ao uso de sementes remanescentes das progênies de irmãos completos selecionadas, este procedimento não aumenta o número de gerações por ciclo, embora requiera maior número de polinizações e fêmeas com duas espigas. Os testes das progênies ocorreram no ano agrícola de 1997/1998, em Coimbra – MG, no delineamento em blocos, com duas repetições. A parcela correspondeu a uma fileira de 5 metros, com 25 plantas. O espaçamento foi de 1 m.

As análises foram feitas apenas com produção de grãos, corrigida para a umidade-padrão de 15,5% e para o estande ideal, pelo método da covariância Vencovsky & Cruz (1991).

Para as análises de variância, utilizou-se o programa SAS (SAS Institute Inc., 1989), de acordo com o modelo estatístico aleatório:

em que Y_{ijk} é o valor fenotípico da progênie resultante do cruzamento entre o macho *i* e a fêmea *j*, na *k*-ésima repetição; μ é a média da população; M_i é o efeito do macho *i* ($M_i \sim N(0, \sigma_M^2)$), independentes; $(F/M)_{ij}$ é o

efeito da fêmea j , cruzada com o macho i (F/M)_{ij} ~ $N(0, \sigma_{F/M}^2)$, independentes; β_k é o efeito do bloco k ; e e_{ijk} é o resíduo associado à observação Y_{ijk} .

As esperanças dos quadrados médios de progênes de irmãos completos, de machos e de fêmeas dentro de machos são apresentados na Tabela 1.

As funções para estimação dos parâmetros genéticos são:

- variância genotípica associada a efeito de irmãos completos

$$\sigma_{FIC}^2 = \frac{QMFIC - QMR}{k_5}$$

- variância genotípica associada a efeito de macho

$$\sigma_M^2 = \frac{QMM - QMR - k_2 \left(\frac{QMF / M - QMR}{k_4} \right)}{k_3}$$

- variância genotípica associada a efeito de fêmea dentro de macho

$$\hat{\sigma}_{F/M}^2 = \frac{QMF / M - QMR}{k_4}$$

- variância aditiva

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_M^2$$

- variância devida aos efeitos de dominância

$$\hat{\sigma}_D^2 = 4 \left(\hat{\sigma}_{F/M}^2 - \hat{\sigma}_M^2 \right)$$

- herdabilidade de macho em sentido restrito em nível,

$$h_M^2 = \frac{\bar{f} + 1}{4\bar{f}} \frac{\sigma_A^2}{QMM}$$

sendo \bar{f} a média ponderada do número de fêmeas/macho, dado por

$$\bar{f} = \left(\sum_{i=1}^m f_i - \frac{\sum_i f_i^2}{\sum_i f_i} \right) \frac{1}{m-1}$$

- herdabilidade de fêmea dentro de macho em sentido restrito,

$$h_{F/M}^2 = \frac{\frac{1}{4} \sigma_A^2}{QMF / M}$$

- herdabilidade de progênes de irmãos completos em sentido restrito

$$h_{FIC}^2 = \frac{\frac{1}{2} \sigma_A^2}{QMFIC}$$

Foi estimado o grau médio de dominância, conforme sugerido por Comstock & Robinson (1948), dado por:

$$GMD = \sqrt{\frac{2\sigma_D^2}{\sigma_A^2}}$$

As estimativas dos desvios-padrões das estimativas dos componentes de variância foram obtidas como sugerido por Searle (1971). Seja $\sum_i k_i QM_i$ a combinação linear de quadrados médios que estima o componente de variância σ_x^2 . O estimador da variância da estimativa deste componente de variância é (Searle, 1971):

$$v(\sigma_x^2) = 2 \sum_i k_i^2 \left[\frac{(QM_i)^2}{f_i + 2} \right]$$

sendo o número de graus de liberdade associado a QM_i .

Nos dois testes foram utilizadas três estratégias de seleção de 20 progênes: entre as progênes de irmãos completos; seleção em tandem, pela seleção de dez progênes de meios-irmãos e, dentro de cada progênes selecionada, duas progênes de irmãos completos; e seleção combinada, com base no comportamento dos machos e das fêmeas dentro dos machos.

Foi utilizado o índice de seleção combinada desenvolvido por Furtado (1996), cujos pesos minimizam os desvios em relação aos valores genéticos das fêmeas, dado por:

$$I_{ij} = \hat{b}_m (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + \hat{b}_f (\bar{Y}_{.ij} - \bar{Y}_{i..})$$

Tabela 1. Esperanças dos quadrados médios de caracteres avaliados em progênes obtidas em cruzamentos estabelecidos conforme Delineamento I, proposto por Comstock & Robinson (1948)^{1/}

FV	E (QM)
Blocos	$\sigma^2 + k_1 \sigma_B^2$
Famílias de irmãos completos	$\sigma^2 + k_5 \sigma_{FIC}^2$
Machos	$\sigma^2 + k_2 \sigma_{F/M}^2 + k_3 \sigma_M^2$
Fêmeas/Machos	$\sigma^2 + k_4 \sigma_{F/M}^2$
Resíduo	σ^2

^{1/} $k_1 = 53$; $k_2 = 1,3642$; $k_3 = 4,3034$; $k_4 = 1,3869$; e $k_5 = 1,437$, no teste de progênes do Composto Dent; e $k_1 = 151$; $k_2 = 1,749$; $k_3 = 6,567$; $k_4 = 1,8353$; e $k_5 = 1,8474$ no teste de progênes do Composto Flint

em que I_{ij} é um índice estimador do valor genético da progênie obtida pelo cruzamento do macho i com a fêmea j ; \bar{Y}_{ij} é a média da progênie de irmãos completos ij ; $\bar{Y}_{i..}$ é a média do macho i ; \hat{b}_m e \hat{b}_f são pesos obtidos de modo a minimizar os quadrados dos desvios entre os índices das mf fêmeas e seus respectivos valores genéticos, dados por:

$$\hat{b}_f = \frac{\frac{1}{4}\sigma_A^2}{\sigma_{F/M}^2 + \frac{1}{r}\sigma^2} = h_{F/M}^2$$

sendo r o número de repetições; h_M^2 e $h_{F/M}^2$ as herdabilidades, em sentido restrito, de média de machos e de média de fêmeas dentro de machos, respectivamente.

O ganho direto com seleção entre e com seleção em tandem foi estimado pelo produto do diferencial de seleção pela herdabilidade:

Com seleção combinada, usou-se a função:

$$GS_{IC} = DS_{IC}$$

sendo DS_{IC} o diferencial de seleção obtido a partir dos escores do índice de seleção combinada (Furtado, 1996; Cruz & Carneiro, 2003).

Foi calculado o tamanho efetivo da população estruturada em famílias, por meio da seguinte expressão Crow & Kimura, (1970):

$$N_e = \frac{4NmNf}{Nm+Nf}$$

sendo Nm e Nf os números de machos e de fêmeas, respectivamente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os testes de nulidade da variância das médias das progênies de irmãos completos ($H_0: \sigma_{FIC}^2 = 0$) evidenciaram que há variabilidade genotípica nas

populações (Tabela 2). Contudo, os níveis de significância associados à hipótese de variabilidade genotípica nos compostos, com base nas progênies de meios-irmãos, e nas progênies de irmãos completos em cada progênie de meios-irmãos foram, em geral, mais elevados. Em relação ao composto Dent, isso é reflexo de uma amostra de 37 machos e, em relação ao composto Flint, isso é consequência de um controle local menos eficiente.

Independente da unidade de seleção, apenas no composto Dent a variância genética devida aos desvios de dominância superou a variância genética aditiva (Tabela 3). Assumindo predominância de genes favoráveis dominantes (a estimativa do grau médio de dominância foi 5,35), tem-se evidência de que, no composto Dent, os genes favoráveis estão em frequência superior a 0,4 (Hallauer & Miranda Filho, 1988). A estimativa do grau médio de dominância no composto Flint foi de 1,4. Portanto, assumindo também predominância de genes favoráveis dominantes, tem-se evidência de que, no Composto Flint, estes estão em frequência inferior a 0,7 (Hallauer & Miranda Filho, 1988). Tem-se, portanto, condições para melhoramento, inclusive a longo prazo.

Pela análise das estimativas das herdabilidades em sentido restrito (Tabela 3), espera-se maior eficiência com seleção de famílias de meios-irmãos na seleção em tandem.

A análise dos ganhos preditos em produção (Tabela 4), com seleção de 20 famílias de irmãos completos (intensidade de seleção equivalente a, aproximadamente, 17%, nas duas populações), revelou maior eficiência da seleção combinada no composto Flint (27,4%) e eficiências comparáveis da seleção em tandem e da seleção combinada no composto Dent. Os ganhos apresentados consideram controle parental igual a 1, ou

Tabela 2. Análises de variância da produção de grãos (kg/ha) de progênies obtidas dos compostos Dent e Flint, conforme Delineamento I de Comstock e Robinson

FV	Composto Dent		Composto Flint	
	GL	QM	GL	QM
Blocos	1	8884,2	1	256021,7
FIC	(119)	1555200,8 ^{0,0004*}	(117)	1087092,6 ^{0,0515*}
Machos	36	1664692,6 ^{0,1904*}	47	1130632,4 ^{0,1321*}
Fêmeas/Machos	83	1507767,6 ^{0,0028*}	130	943821,6 ^{0,2442*}
Resíduo	52	666566,6	150	839749,9
Média		3396,1		2364,1
CV (%)		24,0		38,8

*Nível de significância do teste.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos e desvios-padrões dos componentes de variância, para a característica produção de grãos, avaliada em progênies obtidas dos compostos Dent e Flint

Componentes Genéticos	Composto Dent		Composto Flint	
	Parâmetro genético	Desvio-Padrão	Parâmetro genético	Desvio Padrão
σ_{FIC}^2	618395,4	165315,0	133886,9	92403,1
σ_M^2	39664,8	111439,1	29192,1	43642,4
$\sigma_{F/M}^2$	606533,3	190694,9	56705,6	82229,6
σ_A^2	158659,0	445756,4	116768,4	174569,7
σ_D^2	2267474,1	317023,0	110053,8	154348,7
h_{FIC}^2	0,073		0,099	
h_M^2	0,585		0,697	
$h_{F/M}^2$	0,036		0,057	

seja, recombinação de progênies de irmãos completos selecionadas, usando sementes remanescentes. Ao considerar recombinação das famílias S_1 de cada par de genitores selecionados, os valores preditos são o dobro. Devem-se destacar as reduzidas eficiências dos processos de seleção entre famílias de irmãos completos (3,9% e 5,8%), embora estes valores não sejam muito diferentes dos encontrados por Almirall *et al.* (1996) & Furtado (1996), que foi em torno de 5%, e de progênies de irmãos completos dentro das famílias de meios-irmãos selecionadas (aproximadamente 7,9% e 12,9% do ganho total, nos compostos Dent e Flint).

Em um programa de melhoramento é desejável que

se mantenham tamanhos efetivos que protejam a população contra perdas aleatórias de genes favoráveis. A análise dos tamanhos efetivos (Tabela 5) revelou que os menores tamanhos efetivos foram obtidos com seleção combinada, pois a maioria dos machos selecionados estava relacionada com todas as fêmeas em que eles foram acasalados. Isto se deu porque o peso dado a família de macho foi bem maior que o peso dado ao desvio da família de fêmea dentro de machos, os quais correspondem às herdabilidades de macho e de fêmea dentro de macho, no sentido restrito. Em consequência, tem-se menor tamanho efetivo quando comparado com as outras duas estratégias de seleção utilizadas neste

Tabela 4. Ganhos preditos (GS) com seleção entre famílias de irmãos completos, seleção em tandem e seleção combinada

Estratégia de seleção	Nº de famílias selecionadas	Composto Dent		Composto Flint		
		GS	GS (%)	GS	GS (%)	
FIC	20	133,7	3,9	138,1	5,8	
Tandem	FMI	10	556,9	16,4	396,4	16,8
	FIC/FMI	2	48,6	1,4	59,5	2,5
Seleção Combinada	20	557,5	16,4	649,0	27,4	

Tabela 5. Tamanho efetivo nas populações obtidas com seleção entre famílias de irmãos completos, seleção em tandem e seleção combinada

Estratégia de seleção	Composto Dent			Composto Flint		
	Nº de machos sel.	Nº de fêmeas sel.	Tamanho efetivo	Nº de machos sel.	Nº de fêmeas sel.	Tamanho efetivo
FIC	16	20	35,6	15	20	34,3
Tandem	10	20	26,7	10	20	26,7
Sel. comb.	5	20	16	4	20	13,3

trabalho, embora associado às maiores estimativas de ganhos. Com base nos resultados obtidos, observa-se que a seleção combinada e a seleção em tandem são as melhores estratégias de seleção.

REFERÊNCIAS

- Almirall A, Casañas F, Bosch L, Sanchez E, Perez A & Nuez, F (1996) Genetic study of the forage nutritive value in the lancaster variety of maize. *Maydica* 41:227-234.
- Comstock RE & Robinson HF (1948) The components of genetic variance in populations of biparental progênies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266.
- Crow JF & Kimura M (1970) An introduction to population genetics theory, New York, Harper and Row, Inc. 591p.
- Cruz CD & Carneiro PCS (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, Viçosa: UFV, 585p.
- Furtado MR (1996) Alternativas de seleção no Delineamento I de Comstock e Robinson, em milho. Tese de doutorado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 94p.
- Gouesnard B & Gallais A (1992) Genetic variance component estimation in a nested mating design with positive assortative mating, and application to maize. *Crop Science* 32:1127-1131.
- Hallauer AR & Miranda Filho JB (1988) Quantitative genetics in plant breeding. Ames: Iowa State University Press. 468p.
- Mas MT, Bosch L, Casañas F, Valero J & Nuez F (1988) Semiexotic population of corn Mo17xAcross 8443 la posta as a base for forage breeding. *Maydica* 43:291-300.
- Ortiz R & Golmirzaie A (2002) Hierarchical and factorial mating designs for quantitative genetic analysis in tetrasomic potato. *Theoretical and Applied Genetics* 104:675-679.
- Pereira MG & Amaral Júnior AT (2001) Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1:3-10.
- Sas Institute Inc. (1989) Sas/State user's guide version 6. 4th ed., SAS Institute, Cary, vol.2, 846p.
- Searle SR (1971) Linear models. New York: John Wiley and Sons. 532p.
- Silva SO (1990) Estimativas de parâmetros genéticos em populações de milho braquítico, pelo Delineamento I, de Comstock e Robinson. Tese de doutorado. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". 138p.
- Smith SE, Kuehl RO, Ray IM, Hui R & Soleri D (1998) Evaluation of simple methods for estimating broad-sense heritability in stands of randomly planted genotypes. *Crop Science* 38:1125-1129.
- Vencovsky R & Cruz CD (1991) Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados. I. Dados simulados. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 26:647-657.