

ÍNDICES DE SELEÇÃO PARA VÁRIAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS NUM COMPOSTO DE MILHO (*Zea mays L.*)*

Adair José Regazzi
José Carlos Silva
José Tarcísio Lima Thiébaut
José Domingos Galvão
Laede Maffia de Oliveira**

I. INTRODUÇÃO

Muitos programas de melhoramento com milho (*Zea mays L.*) são relacionados com o melhoramento simultâneo de vários caracteres. Esses caracteres podem ser diferentes quanto à importância ou podem não ser independentes uns dos outros, mas todos influenciam o valor prático da planta, de modo que o melhorista tem de considerá-los em conjunto antes de decidir quais plantas serão selecionadas para progenitores da geração seguinte.

Embora vários métodos de seleção possam ser usados no melhoramento simultâneo de muitas características, o índice de seleção, método proposto por SMITH (10), teoricamente é o procedimento mais eficiente para máximo ganho genético agregado (4, 14). Este método, contudo, tem algumas limitações, tais como a dificuldade de obtenção de estimativas precisas de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, o problema da avaliação da importância econômica apropriada para cada característica e a necessidade de esperar até que medições sejam feitas, para todos os caracteres, antes que se faça a seleção. No ramo animal, a aplicação deste método se deve a HAZEL (5), que apresentou a base genética

* Parte da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, pelo primeiro autor, como parte das exigências para obtenção do grau de «Magister Scientiae» em Fitotecnia.

Recebido para publicação em 10-08-1978.

** Respectivamente, Auxiliar de Ensino, Professor Titular, Professor Adjunto, Professor Titular e Professor Titular da Universidade Federal de Viçosa.

ca para construir índices de seleção com a máxima exatidão.

ELSTON (2), ROUVIER (9) e WILLIAMS (13) apresentaram procedimentos alternativos de índice de seleção para contornar as dificuldades relativas à determinação dos pesos econômicos das características. PESEK e BAKER (7) reconheceram a dificuldade de atribuir pesos econômicos relativos aos diversos caracteres. Como uma alternativa, propuseram o índice de seleção modificado usando os «ganhos genéticos desejados» das características no cálculo dos índices de seleção. Foram também discutidos (8) detalhes e aplicação do método modificado numa seleção para maturidade, altura e produção entre linhagens de uma população híbrida de trigo.

Neste trabalho foram construídos dois índices de seleção, usando os «ganhos genéticos desejados» das características.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Para este trabalho foi utilizado o «Composto Dente B». É composto de várias populações dentadas brancas e amarelas, notadamente da raça Tuxpeño, incluindo também germoplasma das Américas Central e do Sul. Esse composto é muito usado em programas de melhoramento, em razão de sua ampla base genética, conferida pelos seus diversos componentes.

O material para os cruzamentos foi plantado em Viçosa, no campo experimental do Setor de Genética, na Universidade Federal de Viçosa, em outubro de 1975.

Foi utilizado o Delineamento I, proposto por COMSTOCK e ROBINSON (1), que é um sistema de cruzamentos que permite estimar a variância genética aditiva. Nesse sistema, toma-se um grupo de plantas na população, as quais são usadas como «machos». Cada uma dessas plantas é cruzada com um grupo de plantas usadas como «fêmeas», constituindo-se assim famílias de meios-irmãos e famílias de irmãos completos. Foi utilizado um total de 39 machos, para os quais se obtiveram cruzamentos com 4 fêmeas, dando 156 progêneres. Os machos foram divididos em 7 grupos de cinco e 1 grupo de 4 machos, tomados ao acaso. As 20 progêneres que resultaram dos cruzamentos dos 5 machos, cada um cruzado com 4 fêmeas, constituíram um grupo. Assim, foram usados 7 grupos com 20 progêneres e 1 grupo com apenas 16 progêneres, isto é, 4 machos, cada um cruzado com 4 fêmeas.

Para a avaliação de campo, a área experimental foi dividida em 8 blocos, cada bloco incluindo duas repetições de um grupo.

As sementes foram plantadas em fileiras de 5,50 metros de comprimento, com espaçamento de 0,50 metros entre plantas e 1,00 metro entre fileiras, plantando-se três sementes por cova, sendo feito desbaste posterior (40 a 45 dias após a emergência), deixando-se duas plantas por cova. Usou-se adubação à base de 60 kg de N/ha, 60 kg de P₂O₅/ha e 40 kg de K₂O/ha, sendo 1/3 do nitrogênio aplicado no plantio e 2/3 aplicados em cobertura, logo após o desbaste.

As características anotadas nas progêneres foram as seguintes:

1. Altura da planta (média da parcela)
2. Altura da espiga (média da parcela)
3. Número de plantas (total da parcela)
4. Número de espigas (total da parcela)
5. Produção de grãos (total da parcela)
6. Número de dias até o florescimento (média da parcela).

Fez-se correção dos dados referentes à produção de grãos para um padrão de 15,5% de umidade.

2.1. Índices de seleção

Os índices de seleção foram construídos usando o «ganho genético desejado», que é uma modificação da teoria convencional do índice de seleção, proposta por PESEK e BAKER (7). Os coeficientes dos índices foram calculados usando a seguinte fórmula matricial:

$$\vec{b} = G^{-1} \cdot \vec{h}$$

onde \vec{b} é o vetor-coluna dos coeficientes do índice, G^{-1} é a inversa da matriz de variâncias-covariâncias genéticas aditivas e \vec{h} é o vetor-coluna dos ganhos genéticos desejados.

Pelo método do índice de seleção convencional (10), os coeficientes do índice são estimados pela seguinte relação:

$$\vec{b} = P^{-1} G \cdot \vec{a}$$

onde \vec{b} é o vetor-coluna dos coeficientes do índice, P^{-1} é a inversa da matriz de variâncias-covariâncias fenotípicas, G é a matriz de variâncias-covariâncias genéticas aditivas e \vec{a} é o vetor-coluna dos pesos econômicos relativos.

Como o método usado neste estudo foi o índice de seleção modificado, sugerido por PESEK e BAKER (7), o qual dispensa o conhecimento do vetor \vec{a} , conforme procedimento descrito anteriormente, estimou-se o vetor \vec{a} , depois de estimado o vetor \vec{b} , usando o sistema de equações $P\vec{b}=G\vec{a}$. Assim, $\vec{a}=G^{-1}P\vec{b}$.

De posse do vetor \vec{a} , foram feitos os cálculos para o ganho genético esperado para os diversos caracteres, como resultado de seleção baseada no índice, e também para as correlações entre o índice (I) e o valor genético agregado (H), conforme expressões dadas por HANSON e JOHNSON (3) e SUWANTARADON (11), que serão apresentadas a seguir.

O ganho genético esperado em cada característica (ΔG_j), como resultado de seleção baseada no índice, foi calculado pela seguinte expressão:

$$\Delta G_j = k \frac{\text{COV}(G_j, I)}{\sqrt{V(I)}}$$

onde k é diferencial de seleção em unidades-padrão, $\text{COV}(G_j, I)$ é a covariância genética aditiva entre a j -ésima característica e o índice e $V(I)$ é a variância do índice de seleção.

Os ganhos genéticos agregados esperados com o uso dos índices foram calculados pela seguinte fórmula:

$$\Delta H = \sum_j a_j \cdot \Delta G_j$$

onde ΔH é o ganho genético agregado, a_j é o valor econômico relativo do j -ésimo caráter e ΔG_j é o ganho genético esperado do j -ésimo caráter incluído no índice de seleção.

As correlações entre o índice e o agregado (r_{HI}) foram calculadas pela expressão:

$$r_{HI} = \frac{\sqrt{V(I)}}{\sqrt{V(H)}}$$

onde $V(H)$ é a variância do agregado.

Dois índices de seleção foram construídos, ambos incluindo os mesmos caracteres (Quadro 1), sendo que, para estimar os coeficientes do índice I1, utilizaram-se as variâncias e covariâncias genotípicas entre progénies; para o índice I2, utilizaram-se as variâncias e covariâncias genéticas aditivas entre progénies ($\frac{1}{2} \sigma_A^2$ e $\frac{1}{2} \sigma_{AA'}^2$).

QUADRO 1 - Caracteres incluídos nos índices^a

Índice	Caracteres				
I1	AP	AE	NE	YD	DF
I2	AP	AE	NE	YD	DF
^a AP = Altura da planta (m)					
AE = Altura da espiga (m)					
NE = Número de espigas por parcela					
YD = Produção de grãos por parcela (kg)					
DF = Número de dias até o florescimento					

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Quadro 2 apresentam-se as metas a serem alcançadas, as médias na população-base e os ganhos genéticos desejados. As metas finais de seleção que foram estipuladas para os vários caracteres dificilmente serão atingidas; porém foram escolhidas como últimos limites de um longo processo de seleção. A diferença entre as metas finais do melhoramento e as médias dos caracteres individuais na população-base constituíram os ganhos genéticos desejados para os caracteres incluídos no índice de seleção.

QUADRO 2 - Metas a serem alcançadas, médias na população-base e ganhos genéticos desejados para os cinco caracteres incluídos nos índices I1 e I2

	Caracteres				
	AP (m)	AE (m)	NE	YD (kg)	DF
Metas a serem alcançadas	2,000	1,000	34,000	5,100	80,000
Médias na população-base	2,760	1,850	18,200	3,380	84,800
Ganhos genéticos desejados	-0,760	-0,850	15,800	1,720	-4,800

Os coeficientes dos índices e ganhos genéticos esperados para cada caráter por ciclo, resultantes do uso dos índices I1 e I2, encontram-se nos Quadros 3 e 4, respectivamente.

Os ganhos genéticos agregados para I1 e I2 foram 20,379 e 101,691, respectivamente. As estimativas do coeficiente de correlação entre o índice e o valor genético agregado (r_{HI}) para I1 e I2 foram 0,816 e 0,641, respectivamente. Levando em consideração o valor de r_{HI} apresentado, o I1 é o que mais se aproxima do valor genético agregado. Contudo, é preciso notar que o I2, e não o I1, é o índice próprio para se usar, pois o valor da progénie é função direta do valor reprodutivo dos pais, e não do valor genotípico.

Muitas vezes o experimento do melhorista permite-lhe estimar apenas as variâncias e covariâncias genotípicas, e, deste modo, são elas usadas no índice. A comparação entre os índices I1 e I2 mostrará como esse procedimento poderá levar a conclusões errôneas. Com 10% de intensidade de seleção, o melhoramento genético dos caracteres incluídos nos índices atingiria as metas finais de seleção em 7 ciclos para o I1 e 33 para o I2, admitindo-se que não haja mudanças nos parâmetros genéticos durante a seleção. Para o caso em que fosse feita seleção para cada caráter individualmente, com 10% de intensidade de seleção, foi calculado o número de ciclos requeridos para cada caráter, para que se atingissem as metas estipuladas no índice. Os resultados obtidos indicaram que altura da planta exigiria 6 ciclos de seleção; altura da espiga, 12 ciclos; número de espigas, 5 ciclos; produção de grãos, 4 ciclos; número de dias até o florescimento, 18 ciclos. De posse desses resultados, vê-se que o índice I1 não é real, pois exigiria 7 ciclos de seleção para que se atingissem as metas desejadas, ao passo que, se a seleção fosse feita para cada caráter individualmente, determinados caracteres exigiriam mais de 7 ciclos para que se atingisse a meta desejada.

De modo geral, em muitos experimentos, não é possível obter as estimativas das variâncias e covariâncias genéticas aditivas. Por isso, tem-se feito uso de índices, estimando os coeficientes com base nas variâncias e covariâncias genotípicas, obtendo-se, desta forma, um índice cuja aplicação não atinge o melhoramento genético esperado, calculado teoricamente.

É interessante perguntar que pesos econômicos relativos deveriam ser atribuídos para obter os mesmos ganhos esperados obtidos pelo método modificado, o qual desconsidera este passo. Baseando na relação $\vec{Pb} = \vec{G}_a$, da teoria convencional, e inserindo os coeficientes do índice (\vec{b}) e as matrizes de variância-covariância fenotípica (P) e genética aditiva (G), é possível estimar os valores econômicos relativos (\vec{a}), que darão resultado esperado idêntico. Os valores econômicos equivalentes encontram-se nos Quadros 3 e 4, para I1 e I2, respectivamente. Esses valores parecem ser discrepantes sob o ponto de vista econômico, o que serve para indicar nossa inabilidade para considerar como um todo as inter-relações genéticas entre os vários caracteres.

E claro que os principais requisitos para usar esse tipo de índice são dados quantitativos, estimativas dos parâmetros genéticos e um estabelecimento de metas no programa de melhoramento. Desde que estimativas de parâmetros genéticos sejam disponíveis, para estimar os coeficientes do índice é suficiente incorporar os ganhos desejados do programa de seleção.

A aplicação dos ganhos genéticos desejados elimina a necessidade de atribuir pesos econômicos relativos, freqüentemente uma tarefa difícil para os caracteres das espécies cultivadas. Com o procedimento modificado, o progresso da seleção para todos os caracteres seria proporcional aos ganhos genéticos desejados, especificados antes da construção dos índices (Quadro 2). E importante que não sejam estabelecidos ganhos desejados altos para os caracteres menores, porque isso reduz os ganhos dos caracteres maiores (11).

QUADRO 3 - Ganhos genéticos desejados, pesos econômicos relativos, coeficientes do índice e ganhos genéticos esperados por ciclo, com a aplicação do índice, usando as variâncias e covariâncias genotípicas entre progenies para estimar os coeficientes

	Caracteres			
	AP (m)	AE (m)	NE (kg)	YD DF
Ganhos genéticos desejados	-0,760	-0,850	15,800	1,720 -4,800
Pesos econômicos relativos	-25,571	-82,284	2,625	3,901 0,726
Coeficientes do índice	-12,101	-58,094	1,755	3,045 0,261
Ganhos genéticos esperados para cada caráter por ciclo ^b	-0,115	-0,129	2,401	0,261 -0,729

^bSeriam necessários, no mínimo, 7 ciclos de seleção para atingir a meta desejada.

QUADRO 4 - Ganhos genéticos desejados, pesos econômicos relativos, coeficientes do índice e ganhos genéticos esperados por ciclo, com a aplicação do índice, usando as variâncias e covariâncias genéticas aditivas entre progenies para estimar os coeficientes

	Caracteres			
	AP (m)	AE (m)	NE	YD (kg)
Ganhos genéticos desejados	-0,760	-0,850	15,800	1,720
Pesos econômicos relativos	-565,001	-2448,179	-6,721	671,015
Coeficientes do índice	-121,843	41,490	-2,884	31,765
Ganhos genéticos esperados para cada caráter por ciclo ^b				
c ₁₀	-0,023	-0,026	0,481	0,052
				-0,146

^b Seriam necessários, no mínimo, 33 ciclos de seleção para atingir a meta desejada.

A teoria do índice de seleção modificado, aqui apresentada, é, de certo modo, vantajosa, pois o método associa as metas do melhorista com as restrições genéticas da população com a qual ele está trabalhando, dentro de um objetivo prático da seleção. Essa modificação, além de eliminar a necessidade de atribuição de pesos econômicos relativos, pode substituir o método de TALLIS (12) e o de KEMPTHORNE e NORDSKOG (6), estabelecendo o valor zero para o ganho genético desejado, para os caracteres sob restrição.

Produção não é o único caráter de interesse nos programas de melhoramento. Portanto, a exploração do índice de seleção usando o ganho genético desejado parece prometedora no melhoramento simultâneo de vários caracteres agronômicos em programas de seleção. Se é impraticável determinar os valores econômicos relativos, é melhor usar o método modificado que tentar ajustar pesos econômicos para dar respostas adequadas. Em muitos programas de melhoramento a seleção de linhagens superiores é normalmente baseada em níveis independentes de truncamento ou seleção em seqüência, embora o índice de seleção seja uma alternativa para a seleção simultânea de vários caracteres.

O ganho com a aplicação do índice de seleção modificado em cada ciclo pode ser aumentado com o uso de esquemas de melhoramento apropriados e com maiores intensidades de seleção, dependendo de fundos e facilidades disponíveis. Esse procedimento permite ao melhorista de plantas comprovar vários esquemas de seleção e escolher aquele que apresentar o maior progresso da seleção em termos de tempo e esforços dispendidos (11).

A complexidade da seleção por meio de um índice prende-se principalmente à dificuldade de obter estimativas precisas dos parâmetros genéticos das características. Nesta circunstância, é válida a observação de WILLIAMS (13), que sugere a aplicação de um índice no qual os valores de ponderação são simplesmente os valores econômicos das características.

Dante da possibilidade de obtenção de estimativas imprecisas dos parâmetros genéticos, da dificuldade de obter pesos econômicos reais e, ainda, tendo em vista as possíveis mudanças dos parâmetros genéticos nos ciclos, torna-se difícil para o melhorista afirmar qual o melhor índice de seleção. Por outro lado, o uso de índices de seleção, embora imprecisos, parece ser mais razoável que a seleção baseada apenas na combinação puramente arbitrária das características.

4. RESUMO E CONCLUSÕES

A população-base neste estudo foi o «Composto Dente B». Esse composto é muito usado em programas de melhoramento, em razão de sua ampla base genética, conferida pelos seus diversos componentes.

Utilizou-se o delineamento I de COMSTOCK e ROBINSON (1), onde o material experimental é obtido a partir do cruzamento de plantas, chamadas de machos, cada uma cruzada com várias plantas, chamadas de fêmeas. Os machos foram divididos em 7 grupos de cinco e 1 grupo de quatro machos, tomados ao acaso. Foram utilizados 39 machos, cada um cruzado com 4 fêmeas, com um total de 156 progénies. Para a avaliação de campo, a área experimental foi dividida em 8 blocos, cada bloco incluindo duas repetições de um grupo.

As características estudadas nas progénies foram: altura da planta, altura da espiga, número de espigas por parcela, produção de grãos por parcela e número de dias até o florescimento. Os dados referentes à produção de grãos por parcela foram corrigidos para um padrão de 15,5% de umidade.

Foram construídos dois índices de seleção, I1 e I2, ambos com os mesmos caracteres: altura da planta, altura da espiga, número de espigas por parcela, produ-

ção de grãos por parcela e número de dias até o florescimento, sendo que, para estimar os coeficientes do índice I1, utilizaram-se as variâncias e covariâncias genotípicas entre progénies; para o índice I2, utilizaram-se as variâncias e covariâncias genéticas aditivas entre progénies ($1/2 \sigma_A^2$ e $1/2 \sigma_{AA}^2$). A diferença entre as metas finais do melhoramento e as médias dos caracteres individuais na população-base constituíram os ganhos genéticos desejados para os caracteres incluídos no índice de seleção.

Foram estimadas as correlações entre cada índice de seleção e seu valor genético agregado (r_{HI}), obtendo-se, para I1 e I2, 0,816 e 0,641, respectivamente. Levando em consideração o valor de r_{HI} , o I1 parece ser o mais indicado. Contudo, é preciso notar que o I2, e não o I1, é o índice próprio para se usar, pois o valor da progénie é função direta do valor reprodutivo dos pais, e não do valor genotípico.

O uso dos ganhos genéticos desejados na construção de índices de seleção elimina a necessidade de atribuir pesos econômicos relativos, freqüentemente uma tarefa difícil para os caracteres das espécies cultivadas. Portanto, a teoria do índice de seleção modificado, aqui apresentada, é, de certo modo, vantajosa, pois o método associa as metas do melhorista com as restrições genéticas da população com a qual ele está trabalhando, dentro de um objetivo prático da seleção.

Produção não é o único caráter de interesse em nossos programas de melhoramento. Portanto, a exploração do índice de seleção usando o ganho genético desejado parece prometedora no melhoramento simultâneo de vários caracteres agro-nómicos em programas de seleção.

A complexidade da seleção por meio de um índice prende-se, principalmente, à dificuldade de obtenção de estimativas precisas dos parâmetros genéticos das características. Portanto, diante dessa falta de precisão das estimativas e tendo em vista as possíveis mudanças dos parâmetros genéticos em cada ciclo de seleção, torna-se difícil para o melhorista afirmar qual o melhor índice de seleção. Por outro lado, o uso de índices de seleção, embora imprecisos, parece ser mais razoável que a seleção baseada apenas na combinação puramente arbitrária das características.

5. SUMMARY

Measurements of several agronomic traits in corn (*Zea mays* L.) were obtained from 156 progenies produced using Comstock and Robinson's design I mating system, where 39 plants used as males were each crossed with four different plants used as females. The basic population was «Dent Composite B».

Two modified selection indices based on desired gains, I1 and I2, were constructed including the same traits: plant height, ear height, number of ears per plant, grain yield and number of days to silking. In order to estimate the coefficients of index I1, genotypic variances and covariances between progenies were used, and for index I2 additive genetic variances and covariances between progenies were used.

It was concluded that the proper index to use is the I2 index, since the value of the progeny is a direct function of the reproductive value of the parents and not of the genotypic value. Often the breeder's experiment allows him to estimate only the genotypic variances and covariances, and in this case, they are the ones used in the index.

It was calculated that it would take seven cycles of selection to reach the goals pre-determined by the use of I1 index and 33 cycles by the use of I2 index. It was shown that the expected gain obtained using I1 index was not realistic.

The use of the modified selection index is recommended for the simultaneous improvement of several agronomic traits in recurrent selection programs when the relative economic values of the traits are difficult to determine. Since yield is not the only trait of interest in our breeding schemes, the exploitation of selection index by use of desired genetic gains seems promising in selection programs involved with simultaneous improvement of several agronomic traits. The use of selection indices, though they may be imprecise, seems more reasonable than a selection based only on a purely arbitrary combination of characters.

6. LITERATURA CITADA

1. COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: *Heterosis*. Ames, Iowa State College Press, 1952. p. 494-516.
2. ELSTON, R.C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. *Biometrics*, 19(1):85-87. 1963.
3. HANSON, W.D. & JOHNSON, H.W. Methods for calculating and evaluating a general selection index obtained by pooling information from two or more experiments. *Genetics*, 42(4):421-432. 1957.
4. HAZEL, L.N. & LUSH, J.L. The efficiency of three methods of selection. *The J. of Heredity*, 33(1):393-399. 1942.
5. HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6):476-490. 1943.
6. KEMPTHORNE, O. & NORDSKOG, A.W. Restricted selection indices. *Biometrics*, 15(1):10-19. 1959.
7. PESEK, J. & BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. *Can. J. Plant. Sci.*, 49:803-804. 1969.
8. PESEK, J. & BAKER, R.J. An application of index selection to the improvement of self-pollinated species. *Can. J. Plant. Sci.*, 50:267-276. 1970.
9. ROUVIER, R. Ponderation des valeurs génotypic dans la sélection par index sur plusieurs caractères. *Biometrics*, 25(2):295-307. 1969.
10. SMITH, F. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.* 7:240-250. 1936.
11. SUWANTARADON, K. *Simultaneous selection for several agronomic characters in the BSSS2 maize population by means of selection indices*. Ames, Iowa, Iowa State University, 1974. 159p. (Ph.D. Thesis).
12. TALLIS, G.M. A selection index for optimum genotype. *Biometrics*, 18(1):120-122. 1962.
13. WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. *Biometrics*, 18(3):375-393. 1962.

14. YOUNG, S.S.Y. A further examination of the relative efficiency of three methods of selection for genetic gains under less-restricted conditions. *Genet. Res.*, 2:106-121. 1961.