

# COMPARAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO APLICADOS EM SELEÇÃO RECORRENTE DE ARROZ IRRIGADO

Odilon Peixoto de Moraes Júnior<sup>1</sup>; Orlando Peixoto de Moraes<sup>2</sup>; Flavio Breseghello<sup>2</sup>; Paulo Hideo Nakano Rangel<sup>2</sup>; Ariano Martins de Magalhães Júnior<sup>3</sup>

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., genética quantitativa, seleção simultânea de caracteres.

## INTRODUÇÃO

Na cultura do arroz irrigado têm sido contínuos os ganhos obtidos pelo melhoramento genético da sua capacidade de produção de grãos, mas, à medida que se aumenta a produção média das cultivares, torna-se mais difícil identificar genótipos superiores, pois as diferenças reais a serem detectadas são cada vez menores. Uma estratégia para ampliar a base genética e aumentar as chances de recombinação de genes de interesse é o melhoramento de populações via seleção recorrente. Esta consiste num processo dinâmico e contínuo, que envolve obtenção de progênes, avaliação, seleção e recombinação das melhores, visando aumentar a frequência de alelos favoráveis e, por consequência, melhorar a expressão dos caracteres sob seleção (Rangel e Neves, 1997).

Como vários caracteres são considerados simultaneamente na seleção recorrente, a existência de associações desfavoráveis dificulta a seleção de genótipos superiores, o que torna necessário o emprego de procedimentos genético-estatísticos que permitam pelo menos minimizar os efeitos de respostas correlacionadas indesejadas. Para tanto, os índices de seleção são procedimentos indispensáveis, pois permitem obter ganhos simultâneos mesmo para características com efeitos adversos, que podem ter origem na ligação gênica ou na pleiotropia (Cruz e Carneiro, 2006).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética potencial da população CNA12S, no terceiro ciclo de seleção recorrente, assim como a comparação da eficiência de diferentes índices de seleção para seleção simultânea de caracteres de importância agrônômica em arroz irrigado.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados da população CNA12S do programa de seleção recorrente de arroz irrigado da Embrapa Arroz e Feijão. Esta população foi sintetizada no ano agrícola 2002/2003, visando ao desenvolvimento de uma população com resistência estável a brusone (*Magnaporthe grisea*). Foi utilizado o conjunto de dados proveniente do ensaio de rendimento de 196 progênes  $F_{2,4}$ , avaliado em Goianira, GO no ano agrícola de 2014/15, dos seguintes caracteres: produção de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), dias para florescimento (DF, dias), altura de planta (AP, cm), incidência de brusone na panícula (IBP) e severidade de mancha parda "*Bipolaris oryzae*" (SMP). IBP e SMP foram avaliadas por meio de notas de 1 a 9, sendo 1 para parcelas sem sintomas e 9, com sintomas severos.

O ensaio foi manejado em regime de irrigação por inundação, em delineamento experimental de blocos incompletos 14x17 com duas repetições e testemunhas comuns entre blocos. Os dados foram submetidos à análise de variância para estimação dos componentes de variância com base na esperança dos quadrados médios, visando a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, conforme Vencovsky e Barriga (1992), e também para obtenção das médias ajustadas de progênes e testemunhas.

<sup>1</sup> Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas - EA/UFG, Universidade Federal de Goiás. Goiânia, GO, CEP 74001-970. odilonpmoraes@gmail.com (autor correspondente)

<sup>2</sup> Doutor, Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, 7, 75375-000, Caixa Postal 179, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>3</sup> Doutor, Pesquisador da Embrapa Clima Temperado, 96010-971, Caixa Postal 403, Pelotas, RS

Para a obtenção de estimativas de ganhos genéticos para cada caráter foram utilizados cinco diferentes índices de seleção: Smith (1936) e Hazel (1943); Willians (1962); Subandi et al. (1973); Mulamba e Mock (1978) e Mendes et al. (2009), sendo os dois primeiros “paramétricos”, isto é, baseados em pesos econômicos, e os demais “não paramétricos”, livres de pesos. Como pesos econômicos foram avaliadas duas estratégias: ‘1’ - pesos equivalentes a unidade, positivo para PG e negativo para os demais caracteres; e ‘2’ - pesos equivalentes ao coeficiente de variação genético do respectivo caráter, positivo para PG e negativo para os demais. Para todos os índices foi aplicada intensidade de seleção de 26%, visando atender a um tamanho efetivo ( $N_e$ ) igual a 50.

Para a estimação das matrizes de covariância genotípica e fenotípica foram realizadas análises de covariância, como descrito por Cruz e Carneiro (2006). Foram estimadas correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres. As análises estatísticas foram realizadas por meio do aplicativo R (R Core Team, 2014), para análise de variância e obtenção das médias ajustadas. As demais análises e operações matriciais para estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos, assim como para aplicação dos índices de seleção, foram realizadas com o aplicativo Excel®.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de acurácia seletiva, assim como as de coeficiente de variação experimental, indicam a ocorrência de alta (PG) a muito alta (demais caracteres) precisão experimental, com possibilidades de ganhos satisfatórios em seleção para todos os caracteres (Tabela 1). As estimativas de herdabilidade, em nível de médias de progênies, e de índice de variação b também suportam esta possibilidade. Para PG, as estimativas foram de magnitudes inferiores, o que já era esperado pela alta complexidade do caráter.

**Tabela 1.** Estimativas de variância residual ( $\sigma_e^2$ ), genética ( $\sigma_p^2$ ) e fenotípica entre progênies  $F_{2,4}$  ( $\sigma_F^2$ ), coeficientes de variação experimental ( $\overline{CV}_e$ ), genético ( $\overline{CV}_p$ ) e de herdabilidade em nível de médias de progênies ( $\hat{h}_p^2$ ), índice de variação ( $\hat{b}$ ), acurácia seletiva ( $\overline{AS}$ ) e média de progênies ( $\bar{P}$ ) e testemunhas ( $\bar{T}$ ), para os caracteres produção de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), dias para florescimento (DF, dias), altura de planta (AP, cm), incidência de brusone na panícula (IBP, nota) e severidade de mancha parda (SMP, nota) na população CNA12S.

| Parâmetros          | Caracteres |         |         |        |         |
|---------------------|------------|---------|---------|--------|---------|
|                     | PG         | DF      | AP      | IBP    | SMP     |
| $\sigma_e^2$        | 574.363    | 1,85    | 4,01    | 0,52   | 7,59    |
| $\sigma_p^2$        | 614.642    | 10,94   | 23,55   | 3,84   | 44,28   |
| $\sigma_F^2$        | 1.189.005  | 12,79   | 27,56   | 4,36   | 51,87   |
| $\overline{CV}_e\%$ | 15,00      | 2,35    | 2,86    | 38,16  | 17,33   |
| $\hat{h}_p^2$       | 0,52       | 0,86    | 0,86    | 0,88   | 0,85    |
| $\hat{b}$           | 0,75       | 1,77    | 1,76    | 1,98   | 1,76    |
| $\overline{AS}$     | 0,72       | 0,92    | 0,92    | 0,94   | 0,92    |
| $\bar{P}$           | 6.934 a†   | 79,52 a | 96,22 a | 2,59 a | 21,86 a |
| $\bar{T}$           | 7.262 b    | 78,88 a | 93,41 a | 4,12 b | 16,93 a |

†: médias seguidas pela mesma letra não se diferem significativamente à 5% de probabilidade pelo teste t.

Não foram detectadas correlações entre os caracteres PG e DF, como também entre DF e AP, além de correlação fenotípica de baixa magnitude entre PG e AP (Tabela 2). Tais resultados indicam a possibilidade de obter genótipos produtivos, precoces e de porte baixo. Foram detectadas correlações fenotípicas e genotípicas negativas entre PG e os caracteres IBP e SMP, relacionados às duas principais doenças da cultura em cultivo Tropical (brusone e mancha parda) responsáveis por acentuada redução em PG.

**Tabela 2.** Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípico (acima da diagonal) e genético (abaixo da

diagonal) entre os caracteres produção de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), dias para florescimento (DF, dias), altura de planta (AP, cm), incidência de brusone na panícula (IBP, nota) e severidade de mancha parda (SMP, nota) na população CNA 12S.

| Caracteres | PG                  | DF                  | AP                  | IBP                 | SMP      |
|------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|----------|
| PG         | 1                   | -0,04 <sup>ns</sup> | 0,11 *              | -0,42 **            | -0,44 ** |
| DF         | -0,05 <sup>ns</sup> | 1                   | 0,08 <sup>ns</sup>  | -0,13 *             | -0,16 ** |
| AP         | 0,09 <sup>ns</sup>  | 0,09 <sup>ns</sup>  | 1                   | -0,08 <sup>ns</sup> | -0,20 ** |
| IBP        | -0,60 **            | -0,17 **            | -0,09 <sup>ns</sup> | 1                   | 0,13 *   |
| SMP        | -0,63 **            | -0,19 **            | -0,21 *             | 0,15 <sup>ns</sup>  | 1        |

<sup>ns</sup>, \*\*, \*: não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

O índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) construído com pesos econômicos iguais a unidade proporcionou ganhos aproximadamente equivalentes ao construído com pesos iguais ao coeficiente de variação genético (Tabela 3). Embora tenham contribuído para ganhos elevados para PG e caracteres relacionados às doenças, não contribuíram em ganhos satisfatórios para DF e AP. O índice base de Willians (1962), com pesos econômicos semelhantes aos empregados no índice clássico, também não possibilitou a obtenção de ganhos com distribuição equilibrada. Este índice, do modo que foi estruturado, com uso de pesos iguais à unidade, corresponde à seleção direta para PG. Deste modo, isso explica os ganhos em sentido positivo (desfavorável) para AP, além de menor estimativa para somatórios dos ganhos, em relação aos demais índices. Isso revela a importância do uso de índices de seleção.

**Tabela 3.** Estimativas de ganhos genéticos esperados com a seleção simultânea para os caracteres produção de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), dias para florescimento (DF, dias), altura de planta (AP, cm), incidência de brusone na panícula (IBP, nota) e severidade de mancha parda (SMP, nota), estimados pela seleção de 49 progênies (25% do total de progênies) constituintes da população CNA12.

| Índice de seleção                        | Ganho esperado% |       |       |        |        | Σ % ganhos <sup>‡</sup> |
|------------------------------------------|-----------------|-------|-------|--------|--------|-------------------------|
|                                          | PG              | DF    | AP    | IBP    | SMP    |                         |
| Smith (1936) e Hazel (1943) <sup>1</sup> | 9,79            | -0,36 | -0,22 | -32,39 | -15,78 | 58,53                   |
| Smith (1936) e Hazel (1943) <sup>2</sup> | 9,81            | -0,53 | -0,01 | -33,15 | -15,36 | 58,86                   |
| Willians (1962) <sup>1</sup>             | 9,83            | -0,61 | 0,25  | -26,78 | -15,82 | 53,30                   |
| Willians (1962) <sup>2</sup>             | 9,82            | -0,59 | 0,13  | -29,52 | -15,38 | 55,45                   |
| Subardi et al. (1973)                    | 5,56            | -1,47 | -2,07 | -41,67 | -23,05 | 73,81                   |
| Mulamba e Mock (1978)                    | 6,76            | -1,58 | -1,57 | -48,55 | -18,93 | 77,40                   |
| Mendes et al. (2009)                     | 5,81            | -1,32 | -2,10 | -43,00 | -23,44 | 75,67                   |

<sup>1</sup>: pesos econômicos equivalentes a unidade, positivo para PG e negativo para os demais caracteres;

<sup>2</sup>: pesos equivalentes ao coeficiente de variação genético do caráter, positivo para PG e negativo para os demais;

<sup>‡</sup>: ganhos esperados com valores negativos foram considerados como positivos no somatório.

Os demais índices de seleção, não paramétricos, por não necessitarem de pesos econômicos e nem mesmo de estruturas de covariâncias, possibilitaram a obtenção de ganhos com distribuição condizente com os propósitos da seleção, de modo mais equilibrado, com destaque para o índice baseado na soma de “ranques” (Mulamba e Mock, 1978). Este índice, além de contribuir com a maior estimativa para somatória dos ganhos (77,4), apresenta relativa facilidade de construção, dentre todos os demais índices de seleção não paramétricos, constituindo uma alternativa importante para uso em programas de seleção recorrente genômica, visando seleção simultânea de caracteres com base na soma de postos dos valores genéticos genômicos.

Como verificado na literatura, dependendo da magnitude e sentido das associações entre os caracteres, nem sempre um mesmo índice se prestará para todas as situações, de

modo que, na presença de correlações entre caracteres mais elevadas, o índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) tem apresentado maior potencial, por acomodar estruturas de covariâncias (Garcia e Souza Júnior, 1999). Assim, embora os índices de seleção não paramétricos tenham apresentado resultados mais satisfatórios que os paramétricos, aconselha-se sempre a avaliação de diferentes índices de seleção, para escolher aquele que efetivamente contribua com ganhos mais condizentes com os objetivos do programa.

## CONCLUSÃO

A população CNA12S apresenta variabilidade genética satisfatória para obtenção de ganhos em seleção para os caracteres avaliados. O índice de seleção não paramétrico de Mulamba e Mock (1978) apresentou-se como de maior potencial de uso nesta população, por possibilitar a obtenção de ganhos com distribuição condizente com os propósitos da seleção e com a maior estimativa de somatória dos ganhos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed., v. 2. Viçosa: UFV, 2006.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v. 58, p. 253-267, 1999.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

MENDES, F.F. et al. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, p. 1312-1318, 2009.

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. Genet. Cytol.** v. 7, p. 40–51, 1978.

RANGEL, P. H. N.; NEVES, P. C. F. Selección recurrente aplicada al arroz de Riego em Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección Recurrente em Arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1997. p. 79-97.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2013. Disponível em: <http://www.R-project.org/>.

SUBANDI, W. et al. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, Madison, v.13, n.2, p. 184-186, 1973.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

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

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