

CRUZAMENTOS COMPLEMENTARES PARA RECOMBINAÇÃO DE FAMÍLIAS EM SELEÇÃO RECORRENTE

Flávio Breseghello

Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, CEP 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO. E-mail: flavio@cnpaf.embrapa.br

Os programas de seleção recorrente baseiam-se em ciclos, compostos de uma ou mais fases de seleção e uma recombinação. A recombinação pode ser realizada por polinização aberta ou através de cruzamentos manuais. No primeiro caso é necessário utilizar um gene de macho-esterilidade, segregando na população, de forma que algumas plantas não produzam pólen viável. As sementes dessas plantas são produto de fecundação cruzada a campo.

Nos cruzamentos manuais, a emasculação é feita retirando-se as anteras antes do florescimento. Não é possível, neste caso, realizar tantos cruzamentos quantos seriam os obtidos a campo, através de plantas macho-estéreis. Entretanto, este sistema apresenta diversas vantagens:

1. Elimina a necessidade do uso do vetor de macho-esterilidade na composição da população inicial;
2. Evita possíveis efeitos pleiotrópicos do gene de macho-esterilidade ou outro ligado a ele, procedente do vetor de alogamia;
3. Evita que plantas com maior capacidade de polinização aumentem sua participação genética na população;
4. Elimina os riscos de introgressão indesejada de genes, pela fecundação das plantas macho-estéreis, a campo, por pólen estranho à população;
5. Permite a introgressão de novos genes, em proporções controladas;
6. Permite que os cruzamentos possam ser feitos de forma dirigida e complementar, otimizando o processo de recombinação.

Para que esta última vantagem possa ser explorada, é necessário que haja um método para a escolha dos cruzamentos a serem feitos. Na recombinação de n famílias selecionadas, são possíveis $(n^2-n)/2$ cruzamentos, sem considerar os recíprocos. Por exemplo, para a recombinação de 50 famílias, seriam possíveis 1225 cruzamentos diferentes. Supondo que, por limitações operacionais, seja possível realizar apenas 150 cruzamentos, estes devem ser escolhidos de modo a otimizar a recombinação.

O objetivo deste trabalho é propor um método para o planejamento dos cruzamentos na recombinação dirigida em seleção recorrente.

As famílias a serem recombinadas para compor o novo ciclo da população são aquelas selecionadas por uma série de caracteres de interesse. Dessa forma tem-se, após a seleção, uma tabela dos resultados das avaliações (Tabela 1), com as famílias selecionadas nas linhas e os caracteres avaliados nas colunas. Pode-se obter a média e o desvio padrão de cada coluna da tabela.

Tabela 1. Resultados da avaliação dos caracteres 1 a m , nas famílias 1 a n , selecionadas para compor o próximo ciclo da população X.

Famílias	Car. 1	Car. 2	Car. 2	...	Car. m
1	Y_{11}	y_{12}	Y_{13}	...	y_{1m}
2	Y_{21}	y_{22}	Y_{23}	...	y_{2m}
3	y_{31}	y_{32}	Y_{33}	...	y_{3m}
:	:	:	:		:

N	y_{n1}	y_{n2}	y_{n3}	...	y_{nm}
Média	$\cdot 1$	$\cdot 2$	$\cdot 3$...	$\cdot m$
DP	s_1	s_2	s_3	...	s_m

Os valores desta tabela podem ser representados por:

$$y_{ij} = \mu_j + g_{ij} + e_{ij}$$

sendo:

μ_j : média do carácter j ($j=1, \dots, m$) no grupo de famílias selecionadas, cuja estimativa é $\hat{\mu}_j$;

g_{ij} : efeito genético da família i ($i=1, \dots, n$) quanto ao carácter j ;

e_{ij} : erro associado a y_{ij} , o qual tem variância igual a s^2 e média 0.

Portanto, o valor de g_{ij} pode ser estimado por:

^

$$\hat{g}_{ij} = y_{ij} - \hat{\mu}_j$$

Supondo que todas as variáveis avaliadas tenham distribuição normal, as mesmas podem ser transformadas em unidades de desvio padrão. Apesar dessa condição nem sempre verificar-se rigorosamente, para os fins práticos a suposição de normalidade não causa problemas. Dividem-se os valores g_{ij} pelo desvio padrão da variável j (s_j).

^ ^

$$z_{ij} = \hat{g}_{ij} / s_j$$

A nova variável, z_{ij} é o efeito genético da família i em relação à média do carácter j , dado em unidades de desvio padrão, sendo, portanto, adimensional. Esta variável pode ter, teoricamente, qualquer valor positivo ou negativo, mas 95% dos casos devem situar-se no intervalo entre -2 e 2.

O cruzamento $i \times i'$ será favorável, quanto ao carácter j , se z_i e $z_{i'}$ apresentarem sinais opostos, ou seja, uma família está acima da média do grupo selecionado e a outra está abaixo, para aquela variável. Sempre que esta condição ocorrer, o produto $(z_i z_{i'})_j$ será negativo e seu valor modular será maior quanto mais divergentes forem as famílias para a variável j . O valor de um cruzamento, considerando-se vários caracteres, pode portanto, ser estimado pelo parâmetro C:

m



Quanto menor for o valor de c , mais complementar será este cruzamento, na média das diversas variáveis consideradas.

Os valores c , para todos os cruzamentos possíveis, podem ser obtidos facilmente por multiplicação de matrizes. Seja a matriz A , dos valores z_{ij} , cujas dimensões são $n \times m$, multiplica-se esta por sua transposta, obtendo-se a matriz $A A'$ cujas dimensões serão $n \times n$.

6-61e.gif (1975 bytes)



Considerando que é possível realizar k cruzamentos manuais para a recombinação da população, cada família será usada k/n vezes como doadora de pólen e um igual número de vezes como receptora. Deve-se, então, optar pelos menores valores de c , sem ultrapassar a restrição acima.

No sistema genealógico, selecionam-se progênies que apresentem equilíbrio quanto aos diversos caracteres avaliados, pois o objetivo é a obtenção direta de uma cultivar. Na seleção recorrente, ao contrário, recombinam-se famílias que sejam muito boas para um ou mais caracteres, pois isto indica que elas podem conter genes favoráveis, mesmo que elas apresentem algum defeito. Assim, características desejáveis tendem a estar dissociadas nas famílias selecionadas. O objetivo da recombinação é eliminar essa dissociação, fazendo com que genes favoráveis, de origem distinta, se unam numa mesma planta.

Para otimizar o processo de recombinação, os cruzamentos devem permitir a máxima complementaridade entre as famílias. Cruzando-se plantas com características divergentes, obtém-se uma família com maior nível de heterozigose média, o que fará com que uma maior proporção dos eventos de *crossing-over*, na geração seguinte, sejam efetivos. Dessa forma, novas combinações gênicas surgirão na população com maior frequência. Indiretamente, a possibilidade de ocorrerem cruzamentos entre famílias aparentadas é bastante reduzida, pois estas tendem a apresentar covariância fenotípica positiva.

A variabilidade fenotípica esperada na geração S_0 é mais baixa quando a recombinação é realizada de acordo com a complementaridade das famílias, em consequência da união de genótipos extremos. Isto não constitui um problema porque, nesta geração, o objetivo principal é maximizar a recombinação e a quebra dos blocos de ligação. A seleção será realizada em S_1 ou S_2 , quando a variabilidade será amplificada devido à segregação dos locos em heterozigose e a consequente manifestação dos alelos recessivos.

O método proposto apresentará resultado mais acentuado quando aplicado a populações com alta variabilidade fenotípica. Com o avanço dos ciclos de seleção, espera-se que a população se homogeneize para características como ciclo, altura e qualidade de grãos, mas mantendo a capacidade de mostrar ganhos de produtividade. Nesta fase, será importante aumentar o número de famílias avaliadas, pois a pressão de seleção terá que ser maior para resultar em ganhos significativos.

