

CRUZAMENTOS COMPLEMENTARES PARA RECOMBINAÇÃO DE FAMÍLIAS EM SELEÇÃO RECORRENTE

Flávio Bresegheello

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 caráter j ($j=1,\dots,m$) no grupo de famílias selecionadas, cuja estimativa é $\cdot j$;

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

^

$$\hat{g}_{ij} = y_{ij} - \cdot j$$

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).

^ ^

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

A nova variável, \hat{z}_{ij} é o efeito genético da família i em relação à média do caráter 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 caráter 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 progêneres 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 genéticas surgirão na população com maior freqüência. Indiretamente, a possibilidade de ocorrerem cruzamentos entre famílias parentadas 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.

