

ANÁLISE SEQÜENCIAL NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO

Adriano Teodoro Bruzi¹, Magno A. P. Ramalho² e Ângela de Fátima B. Abreu³

Resumo

O objetivo do presente trabalho foi o de quantificar a melhoria na eficiência do processo seletivo por meio da análise seqüencial via procedimento *best linear unbiased predictor* (BLUP) em um ciclo seletivo do programa de seleção recorrente da UFLA (Universidade Federal de Lavras). Para quantificar a eficiência do método seqüencial, foram adotadas três estratégias para a análise da produtividade de grãos: a) análise seqüencial considerando a combinação das gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:3}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ e considerando todas as progênies; b) análise seqüencial envolvendo as progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ c) análise seqüencial envolvendo as progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:10}$. Constatou-se que a análise realizada tradicionalmente, considerando apenas a média da geração, teve a eficiência reduzida, sobretudo nas gerações iniciais até $S_{0:5}$. Nas gerações mais avançadas, quando o número de progênies é menor e a análise tradicional passa a ter como referência todas as gerações avaliadas, a perda da eficiência é menor, mas com implicações na escolha da linhagem a ser recomendada.

Introdução

A recomendação de uma linhagem em plantas autógamas necessita de avaliações conduzidas durante algumas safras. No caso específico do feijoeiro, desde a hibridação até chegar aos experimentos de valor de cultivo e uso (VCU) ocorrem inúmeros experimentos. Esses se iniciam, normalmente, com 300 a 500 progênies $F_{2:3}$ ou $S_{0:1}$ e procedem até $S_{0:4}$ ou $S_{0:5}$, quando se avaliam de 25 a 36 progênies. São selecionadas de cinco a dez para participarem de um experimento de competição de linhagens, por duas a seis safras, em vários ambientes, quando, então, são identificadas as linhagens para participarem do VCU. Até o momento, a seleção é realizada considerando apenas as gerações de referência. Ou seja, na seleção efetuada em $S_{0:4}$, por exemplo, não é considerado o desempenho das progênies na geração anterior.

É esperado que a utilização das avaliações anteriores possa melhorar a eficiência do processo seletivo. Existem alguns índices que podem ser utilizados para se obter maior acurácia seletiva. Contudo, Resende (2002) realça que a melhor opção é o emprego do *best linear unbiased predictor* (BLUP). Esse mesmo argumento é sugerido por Piepho & Mohring (2006). Porém, no caso de seu emprego nas avaliações das progênies em programas de seleção recorrente com a cultura do feijoeiro, não foi encontrado nenhum relato.

Sendo assim, os objetivos desse trabalho foram o de quantificar a melhoria na eficiência do processo seletivo por meio da análise seqüencial via procedimento BLUP em um ciclo seletivo do programa de seleção recorrente do feijoeiro da UFLA.

Material e Métodos

Foram utilizados experimentos de avaliação de progênies, de um ciclo do programa de seleção recorrente, conduzido na Universidade Federal de Lavras (UFLA), desde o ano de 1990. Os experimentos foram conduzidos em Lavras, MG, em Lambari, MG, e em Patos de Minas, MG. Em todos os experimentos, utilizaram-se duas testemunhas comuns. Em todas as gerações, o delineamento adotado foi de blocos incompletos, látice, considerando duas repetições para a geração $S_{0:1}$ e três nas demais gerações.

Considerando a produção de grãos, inicialmente, foi adotado o procedimento tradicional do programa. Isto é, foram realizadas as análises de variância individuais. Realizou-se também a análise

¹ Centro de Melhoramento de Fumo – Souza Cruz S/A. Rio Negro – Paraná. Cep: 83880-000 e-mail: adriano.bruzi@souzacruz.com.br.

² Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia. Lavras-Minas Gerais. Cep. 37200-000 email: magnoapr@ufla.br.

³ EMBRAPA Arroz e Feijão/UFLA, Departamento de Biologia. Lavras-Minas Gerais. Cep. 37200-000 email: afbabreu@ufla.br.

conjunta dos locais, independente em cada geração, com a finalidade de identificar as melhores progênies. Foi realizada também a análise pelo procedimento seqüencial, recuperando-se as informações das gerações avaliadas. Para isso, adotaram-se três estratégias de análise: a) análise seqüencial, considerando a combinação das gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:3}$, $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$ e $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ considerando todas as progênies e denominado nesse trabalho de BLUPT; b) análise seqüencial, contemplando as 23 melhores progênies comuns as gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ e c) a análise seqüencial, envolvendo as 10 progênies que participaram nas avaliações $S_{0:1}$ a $S_{0:10}$. As análises com a recuperação da informação foram realizadas utilizando o modelo misto.

Para quantificar a eficiência dos procedimentos de análise adotados, verificou-se a coincidência das progênies selecionadas pelas estratégias em questão em relação ao padrão adotado pelo programa de melhoramento da instituição. Verificou-se também a correspondência nos postos das progênies nas diferentes estratégias de análise.

Resultados e Discussão

A coincidência entre as progênies selecionadas pelo método tradicional, que contempla apenas a média da última geração avaliada, e a do BLUP, tendo como referência todas as gerações a partir da $S_{0:1}$, denominada, neste trabalho, de BLUPT é mostrada na Tabela 1. Observa-se que, das 119 progênies selecionadas na $S_{0:2}$, pela média, no BLUPT, haveria coincidência de 84, considerando as gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$. Fica evidente, pelos dados da Tabela 1, que, na análise seqüencial envolvendo todas as progênies, em relação ao procedimento tradicional, a correspondência foi pequena entre os resultados.

Na geração $S_{0:5}$ do ciclo de seleção recorrente, foram avaliadas 23 progênies que deram origem às dez que foram posteriormente avaliadas até $S_{0:10}$. Então, procurou-se verificar, por meio de algumas estratégias de análise, qual a coincidência na classificação das progênies em relação ao procedimento padrão utilizando apenas a média da geração $S_{0:5}$. A análise com o BLUP e o BLUE envolveu apenas as 23 progênies, porém, com informação desde a $S_{0:1}$. No caso do BLUE, o efeito de progênies foi fixo e, no BLUP, foi aleatório. Constata-se que a coincidência entre esses dois procedimentos é muito grande. Mostrando que o fato de se considerar progênies fixo ou aleatório teve, em princípio, reduzido efeito na classificação (Tabela 2).

A maior ênfase em um programa de melhoramento deve ser direcionada à identificação da melhor ou das melhores linhagens nas avaliações finais. No caso da seleção recorrente A, foram avaliadas dez linhagens por cinco gerações (safras), totalizando treze ambientes. Ressalta-se também que os mesmos comentários em relação ao procedimento de análise, mencionados anteriormente, são válidos aqui. Se for considerada a seleção das cinco melhores linhagens para o VCU, a concordância foi de quatro em cinco, ou seja, 80%. Observa-se que, mesmo considerando apenas as dez progênies e que, na média, nesse caso, são contemplados todos os treze ambientes, a coincidência com o BLUP e o BLUE foi maior, porém, mesmo assim, ocorreu perda de eficiência (Tabela 3). Quando se considera o BLUPT, a coincidência foi de duas entre as cinco melhores. É preciso enfatizar, contudo, que as progênies M-55-14 e M-55-3, classificadas, na média, como segunda e terceira colocadas, estariam contempladas em todos os procedimentos (Tabela 3).

Depreende-se que a análise realizada tradicionalmente, considerando apenas a média, reduz a eficiência. Essa perda é mais acentuada nas gerações iniciais até $S_{0:5}$, pois não se considera a interação progênies x safras. Nas gerações mais avançadas, isto é, $S_{0:6}$ até $S_{0:8}$ ou $S_{0:10}$, quando o número de progênies é menor e as análises têm como referência todas as essas gerações avaliadas, a perda de eficiência é menor.

O emprego de qualquer procedimento de análise estatística, com as facilidades computacionais existentes atualmente, não acarreta nenhum ônus adicional. Assim, é aconselhável que, no futuro, nos programas de seleção recorrente, seja utilizada a análise seqüencial, pois ela proporciona maior acurácia seletiva.

Conclusões

- A análise tradicional, considerando apenas a geração de referência, apresenta eficiência reduzida, sobretudo em gerações iniciais.
- A adoção da análise seqüencial pelo procedimento BLUP propicia maior acurácia seletiva.

Referências

- PIEPHO, H.; MOHRING, J. Selection in cultivar – is it ignorable? *Crop Science*, Madison, v. 46, n. 3, p. 192-201, 2006.
- RESENDE, M. D. V. de. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: EMBRAPA Informação tecnológica, 2002. 975 p.

TABELA 1. Número de progênies selecionadas na geração de referência pela média e o que coincidiria, considerando análise seqüencial em BLUPT.

Geração de referência	Número de progênies selecionadas na média na geração de referência	Número de progênies identificadas no BLUPT em relação à média
S _{0:2} ^{1/}	119	84 (71%) ^{2/}
S _{0:3}	62	39 (63%)
S _{0:4}	23	9 (40%)

^{1/} Análise do BLUPT realizada considerando da geração S_{0:1} até a referência.

^{2/} Percentagem de coincidência em relação ao número de progênies selecionadas na geração de referência.

TABELA 2. Postos das progênies avaliadas considerando a geração de referência (média), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo as progênies comuns nas gerações (BLUP), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo todas as progênies em todas as gerações (BLUPT) e análise com recuperação da informação para efeito fixo (BLUE), para as 23 progênies S_{0:5}.

Progênies	Postos			
	Média	BLUE	BLUP	BLUPT
M-203-4	1	14	13	- ^{1/}
M-45-12	2	15	15	-
PL-10-10	3	7	8	-
M-55-3	4	1	1	1
M-103-5	5	22	22	-
M-39-18	6	4	4	6
M-113-6	7	18	18	-
M-55-14	8	3	3	4
M-85-1	9	8	6	-
M-38-10	10	5	7	5
PL-10-22	11	11	11	23
M-39-24	12	12	12	-
M-203-15	13	17	17	-
PL-10-16	14	19	19	-
M-45-19	15	13	14	-
M-188-4	16	23	23	-
M-119-4	17	16	16	-
M-85-11	18	9	9	14
M-45-5	19	20	20	-
M-85-17	20	6	5	9
M-119-1	21	21	21	-
M-38-1	22	10	10	-
M-215-10	23	2	2	3

^{1/} Progênie não incluída entre as 23.

TABELA 3. Postos das progênies avaliadas, considerando geração de referência (média), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo as progênies comuns nas gerações (BLUP), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo todas as progênies em todas as gerações (BLUPT) e análise com recuperação da informação para efeito fixo (BLUE), para as dez progênies avaliadas nos ensaios elite.

Progênies	Postos			
	Média	BLUE	BLUP	BLUPT
M-85-17	1	5	5	9
M-55-14	2	3	3	4
M-55-3	3	1	1	1
M-39-18	4	6	6	6
M-85-1	5	4	4	-
M-215-10	6	2	2	3
M-119-4	7	9	9	-
M-85-11	8	7	7	-
M-39-24	9	8	8	-
M-45-5	10	10	10	-