

## Resposta à Seleção Genômica e Fenotípica Utilizando Índices de Seleção em Linhagens de Milho

Gustavo Vitti Mômro<sup>1</sup>, Mateus Figueiredo Santos<sup>2</sup> e Cláudio Lopes de Souza Júnior<sup>3</sup>

### 1 Resumo

Nos programas de melhoramento a seleção de genótipos superiores é realizada com base em índices de seleção. Os marcadores moleculares são ferramentas que podem aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. O objetivo deste estudo foi comparar a seleção genômica com a seleção fenotípica, quando esta é realizada utilizando índices de seleção. Foram utilizadas 256 progênies  $F_{2,3}$  e um mapa com 177 marcadores microssatélites. As progênies foram avaliadas, obtendo-se médias fenotípicas e médias previstas para diversos caracteres, com as quais foram estimados diferentes índices de seleção. A partir disso foi aplicada uma intensidade de seleção de 10%, e as progênies selecionadas para cada metodologia e a população original foram avaliadas em experimentos com repetição em quatro ambientes, considerando os caracteres produção de grãos, florescimento masculino, feminino e intervalo entre florescimentos, acamamento e quebraimento de plantas, prolificidade, altura da planta e da espiga e posição relativa da espiga. Para produtividade e para os caracteres de ciclo, as médias das populações melhoradas foram superiores à da população original para todas as estratégias de seleção consideradas. De forma generalizada, para todas as estratégias de seleção os ganhos conseguidos com a seleção das progênies foram elevados, principalmente para produção de grãos e intervalo entre florescimentos. Os resultados obtidos, e o menor tempo necessário para realizar cada ciclo de seleção genômica, confirmam que esta metodologia é muito interessante de ser aplicada nos programas de melhoramento para aumentar a eficiência da seleção.

### 2 Introdução

Uma nova abordagem para a utilização de marcadores moleculares na seleção, conhecida como *Genome Wide Selection* ou Seleção Genômica (SG), foi proposta por Meuwissen et al. (2001). Na SG, consideram-se informações de todos os marcadores do genoma e não apenas daqueles associados ao caráter por meio da análise de QTL, eliminando-se a etapa de construção de mapa genético e mapeamento de QTL.

Nos programas de melhoramento a seleção de genótipos superiores é realizada com base em índices de seleção e não para cada caráter separadamente, e essa estratégia tem sido muito eficiente para a obtenção de genótipos superiores, pois permite obter ganhos para diversos caracteres de importância agrônômica/econômica, simultaneamente. Os índices de seleção funcionam como um caráter adicional, resultante de uma combinação de diversas características sobre as quais se deseja obter respostas à seleção, independente da existência ou não de correlação entre estes (Smith, 1936).

A seleção genômica realizada com base em um índice de seleção pode aumentar a eficiência do processo de seleção em relação à seleção fenotípica, permitindo selecionar genótipos com padrões agrônômicos mais próximos aos genótipos ideais (ideótipos), em menor espaço de tempo. O objetivo deste trabalho foi estimar respostas à seleção genômica (SG) e fenotípica (SF), quando estas são realizadas considerando diferentes índices de seleção e não para cada caráter individualmente e verificar qual(is) índice(s) de seleção oferece(m) melhor acurácia para a SG em relação à SF.

### 3. Material e Métodos

Foram utilizadas 256 progênies  $F_{2,3}$  obtidas do cruzamento entre as linhagens L14-04B e L08-05F e um mapa genético com 177 marcadores microssatélites, com 10 grupos de ligação, comprimento de 2.055,8 cM e intervalo médio entre marcadores de 12,31 cM. Nos anos agrícolas de 2002/2003 até 2006/2007 as progênies  $F_{2,3}$  foram avaliadas em 13 ambientes no município de Piracicaba-SP, em experimentos no delineamento látice simples 16 x 16. Com os dados obtidos nesses experimentos foram realizadas análises estatístico-genéticas considerando os seguintes caracteres: produção de grãos (PG), prolificidade (PROL),

1 Universidade Estadual Paulista – FCAV/UNESP, Jaboticabal, São Paulo, [gvmoro@fcav.unesp.br](mailto:gvmoro@fcav.unesp.br)

2 Embrapa Hortaliças, Gama, Distrito Federal, [mateus@cnph.embrapa.br](mailto:mateus@cnph.embrapa.br)

3 Universidade de São Paulo – ESALQ/USP, Piracicaba, São Paulo, [clsouza@usp.br](mailto:clsouza@usp.br)

acamamento e quebramento (ACQ), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE) e intervalo entre florescimentos (IF). Foram obtidas as médias fenotípicas das progênes  $F_{2,3}$ , que referem-se aos valores fenotípicos médios de ambientes e repetições.

Para a seleção genômica, os valores genéticos de cada marcador molecular foram estimados utilizando-se o método BLUP (*Best linear unbiased predictor*) (Meuwissen et al. 2001), de acordo o modelo:  $\mathbf{y} = \mathbf{\bar{1}} + \mathbf{X}\mathbf{g} + \mathbf{e}$ , em que  $\mathbf{y}$  é o vetor de dimensão  $N_{F_2} \times 1$  com as médias fenotípicas das progênes  $F_{2,3}$ ;  $\mathbf{\bar{1}}$  corresponde à média fenotípica geral das progênes  $F_{2,3}$ ;  $\mathbf{1}$  é o vetor de uns de dimensão  $N_{F_2} \times 1$  que relaciona a média ao vetor  $\mathbf{y}$ ;  $\mathbf{X}$  é a matriz de dimensões  $N_{F_2} \times N_M$ , com elementos 1 se a planta  $F_2$  é homocigota para o marcador originado da linhagem L14-04B, e -1 se a planta  $F_2$  é homocigota para o marcador originado da linhagem L08-05F e 0 se for heterocigoto;  $\mathbf{g}$  é o vetor  $N_M \times 1$  dos BLUPs dos valores genéticos dos marcadores, considerado aleatório;  $\mathbf{e}$  é o vetor  $N_M \times 1$  dos resíduos. A variância genética e a variância do erro foram obtidas das análises de variância conjuntas realizadas, assumindo-se a variância de cada marcador como sendo igual a  $V_G / N_M$  (Meuwissen et al. 2001). Foi obtido um vetor ( $\mathbf{g}$ ) contendo as estimativas dos valores genéticos de cada marcador molecular do genoma ( $\hat{g}_k$ ), utilizando-se uma equação de modelo-misto, considerando  $\mu$  como fixo e o efeito dos  $g_k$  como aleatório. Com a genotipagem das progênes  $F_{2,3}$  e as estimativas dos valores genéticos dos marcadores moleculares foram obtidas as médias preditas das progênes com base em todos os marcadores do genoma, por:  $\hat{\mathbf{y}} = \mathbf{\bar{1}} + \mathbf{X}\hat{\mathbf{g}}$ , em que  $\hat{\mathbf{y}}$  é o vetor com as estimativas das médias preditas das progênes  $F_{2,3}$ ;  $\mathbf{\bar{1}}$  corresponde à estimativa da média fenotípica geral das progênes  $F_{2,3}$ ;  $\mathbf{1}$  é o vetor de uns de dimensão  $N_{F_2} \times 1$  que relaciona a média ao vetor  $\mathbf{y}$ ;  $\mathbf{X}$  é a mesma matriz descrita anteriormente e  $\hat{\mathbf{g}}$  é o vetor  $N_M \times 1$  das estimativas dos BLUPs dos valores genéticos dos marcadores.

Com as médias fenotípicas e preditas com base nos efeitos de todos os marcadores do genoma para cada um dos caracteres analisados, foram construídos diferentes índices de seleção para as progênes, envolvendo os caracteres considerados, com exceção da altura da espiga. A expressão geral dos índices de seleção ( $I$

), que foram obtidos para cada genótipo e para cada metodologia de obtenção das médias, é: 
$$I = \sum_{i=1}^i \mathbf{b}_i \mathbf{X}_i$$

em que:  $\mathbf{b}_i$  é o peso para o caráter  $i$  e  $\mathbf{X}_i$  é o valor observado ou predito para o caráter  $i$ . Considerando cada estratégia de obtenção das médias foram calculados, para cada progênes, os seguintes índices de seleção: Smith (1936) - Hazel (1943), Williams (1962), Pesek e Baker (1969), Dickerson et al. (1954) e Allaire e Henderson (1966), Smith et al. (1981), Mulamba e Mock (1978) e, também foi aplicada uma seleção “subjetiva”, onde os genótipos foram ranqueados pela produtividade, selecionando-se aqueles com produtividade acima da média e com valores adequados para os demais caracteres, com maior rigor para ACQ.

Para cada índice considerando as médias fenotípicas e as médias preditas com informações de marcadores moleculares, as melhores progênes selecionadas considerando a intensidade de seleção de 10% (26 progênes selecionadas) foram plantadas em experimentos delineados em blocos ao acaso com cinco repetições, para a avaliação e obtenção das médias reais das progênes selecionadas por cada metodologia. Para a preparação dos experimentos sementes das 26 progênes selecionadas em cada estratégia foram misturadas na mesma proporção, para compor cada tratamento que correspondeu à cada método de seleção. Para permitir a comparação de cada tratamento foi considerada a população original, representada por uma amostra de sementes das 256 progênes da população inicial, que serviu como referência para contrastar com a média de cada tratamento. Os experimentos foram instalados em quatro ambientes, sendo cada parcela constituída por uma linha de quatro metros de comprimento com 20 plantas após o desbaste e espaçamento de 0,80 m entre parcelas. Foram avaliadas as características: FM e FF, respectivamente, pelo número de dias do plantio até 50% das plantas da parcela com as anteras liberando pólen e os estilos-estigmas visíveis; AP e AE, pela distância do solo até a folha bandeira e a inserção da espiga principal, respectivamente; ACQ, pelo número de plantas com inclinação superior a 45° em relação à vertical ou com o colmo quebrado abaixo da espiga

principal; PROL, pelo número de espigas por planta na parcela; e PG pela produção de grãos total da parcela.

Com os dados obtidos nos experimentos foram realizadas análises de variância individuais e análise de variância conjunta, obtendo-se as médias para cada tratamento que correspondem as metodologia de seleção consideradas. Também, com base nas médias obtidas nos experimentos, foram estimadas as respostas reais obtidas com a seleção ( $R$ ) para cada caráter e metodologia considerados por:  $R = X_m - X_o$ , sendo  $X_m$  a média das progênes selecionadas para cada metodologia de seleção e  $X_o$  a média da população original.

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias dos genótipos selecionados para cada estratégia considerando uma intensidade de seleção de 10% e a média da população original, obtidas pela avaliação dos genótipos em experimentos com repetição estão apresentados na Tabela 1. Os coeficientes de variação obtidos para todos os caracteres estão dentro dos esperados para o tipo de progênie utilizado (Hallauer e Miranda Filho 1988). Dentre os caracteres avaliados, houve diferença significativa entre as médias da população melhorada e a média da população original para PG, FM, FF e IF. Para PG, que é o principal caráter de interesse para os melhoristas e agricultores, as maiores médias foram obtidas quando se utilizou as médias preditas e os índices de seleção de Smith (1936) - Hazel (1943) e de Williams (1962), e as médias fenotípicas com a seleção subjetiva. Para as demais estratégias consideradas as médias foram próximas, sendo a menor média observada para a população original. Com os resultados obtidos não é possível verificar uma tendência das melhores populações terem sido selecionadas considerando as médias fenotípicas ou genômicas combinadas com determinado índice de seleção pois, dependendo do caráter, uma ou outra estratégia resultou em populações superiores. Esses resultados sugerem que a seleção genômica combinada com índices de seleção pode ser implementada nos programas de melhoramento para auxiliar a seleção de genótipos superiores, sendo possível combinar diferentes informações de médias e índices de seleção para obtenção de populações melhoradas.

Tabela 1. Média dos genótipos selecionados para cada metodologia de seleção considerando intensidade de seleção de 10% e para a população original, diferença mínima significativa (DMS) e coeficiente de variação (CV).

Média	IS <sup>a</sup>	PG (t/ha)	PROL (esp/ pl)	ACQ (%)	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PRE
Fenotípica	1	4,80	0,86	8,57	67	67	-0,45	195	112	0,57
	2	4,06	0,82	9,47	69	68	-0,25	197	111	0,56
	3	4,13	0,80	7,32	68	68	0,25	195	111	0,57
	4	4,41	0,85	6,96	68	68	0,10	196	112	0,57
	5	4,23	0,85	13,79	69	68	-0,50	193	110	0,57
	6	4,77	0,83	10,82	67	67	-0,15	203	117	0,58
	SJ	4,86	0,83	9,66	67	67	0,30	204	117	0,57
Genômica	1	4,92	0,88	13,46	67	67	-0,40	202	115	0,57
	2	4,88	0,88	10,38	67	66	-1,15	196	113	0,58
	3	3,86	0,77	8,36	69	69	0,55	194	112	0,58
	4	4,53	0,86	11,99	67	66	-0,85	201	114	0,57
	5	4,63	0,87	9,69	68	67	-0,65	199	114	0,57
	6	4,13	0,80	11,00	68	68	-0,40	196	114	0,58
	SJ	4,58	0,83	13,91	68	68	0,45	201	119	0,59
População Original		3,24	0,73	13,22	70	70	0,55	195	112	0,58
DMS		1,00	0,15	1,31	1,71	1,85	1,25	11,85	8,93	0,03
CV%		20,92	16,79	37,54	2,33	2,52	-667,77	5,53	7,26	4,74

<sup>a</sup> - IS 1 refere-se ao índice de seleção de Smith (1936) -Hazel (1943), IS 2 ao de Williams (1962), IS 3 ao de Pesek e, Baker (1969), IS 4 ao de Smith et al. (1981), IS 5 ao de Mulamba e Mock (1978), IS 6 ao proposto por Dickerson et al. (1954) e Allaire e Henderson (1966) e SJ à seleção subjetiva.

As respostas à seleção obtidas com cada metodologia de seleção estão apresentadas na Tabela 2. De forma generalizada, para todas as estratégias de seleção os ganhos conseguidos com a seleção das progênies foram elevados, principalmente para PG e IF. Para PG, as maiores respostas foram de aproximadamente 50% e, as menores, ficaram em torno de 20% a 25%, o que também é um ganho muito satisfatório. Para IF foram conseguidos ganhos elevados, sendo o maior de 300%. As respostas conseguidas para o FM e FF foram mais reduzidas, ficando em torno de 1% a 5%. Esses resultados confirmam a eficiência da seleção genômica (Meuwissen et al. 2001; Lorenzana e Bernardo 2009), pois os resultados com os marcadores foram próximos e as vezes até superiores àqueles conseguidos com a seleção fenotípica. Com os resultados não é possível identificar um índice que tenha sido superior pois, dependendo da estratégia considerada, houve alternância do(s) melhor(es) índice(s). Os resultados de ganhos com a seleção e o menor tempo necessário para realizar cada ciclo de seleção genômica confirmam que esta metodologia é muito interessante de ser aplicada nos programas de melhoramento, podendo resultar em maiores ganhos em menor espaço de tempo, pois com sua utilização é possível a realização de mais de um ciclo seletivo por ano (Meuwissen et al. 2001; Lorenzana e Bernardo 2009).

Tabela 2. Resposta a seleção em valor absoluto e em porcentagem (entre parênteses) para cada metodologia de seleção considerando intensidade de seleção de 10%.

Média	IS <sup>a</sup>	PG (t/ha)	PROL (esp/pl)	ACQ (%)	FM (dias)	FF (dias)	IF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PRE
Fenotípica	1	1,57 (48,4)	0,13 (17,2)	-4,65 (-35,2)	-2,30 (-3,3)	-3,30 (-4,7)	-1,00 (-181,8)	-0,15 (-0,1)	-0,45 (-0,4)	-0,002 (-0,3)
	2	0,82 (25,4)	0,09 (12,1)	-3,75 (-28,4)	-0,90 (-1,3)	-1,70 (-2,4)	-0,80 (-145,5)	2,45 (1,3)	-0,95 (-0,8)	-0,012 (-2,1)
	3	0,90 (27,8)	0,07 (9,7)	-5,90 (-44,6)	-1,80 (-2,6)	-2,10 (-3,0)	-0,30 (-54,5)	0,30 (0,2)	-1,35 (-1,2)	-0,008 (-1,5)
	4	1,17 (36,3)	0,12 (16,1)	-6,26 (-47,3)	-2,05 (-2,9)	-2,50 (-3,6)	-0,45 (-81,8)	1,40 (0,7)	-0,50 (-0,4)	-0,006 (-1,1)
	5	0,99 (30,6)	0,11 (15,6)	0,57 (4,3)	-0,95 (-1,4)	-2,00 (-2,9)	-1,05 (-190,9)	-2,05 (-1,1)	-2,35 (-2,1)	-0,006 (-1,1)
	6	1,54 (47,5)	0,10 (13,3)	-2,40 (-18,2)	-2,30 (-3,3)	-3,00 (-4,3)	-0,70 (-127,3)	8,30 (4,3)	4,75 (4,2)	0,0003 (0,1)
	SJ	1,63 (50,3)	0,10 (13,6)	-3,56 (-26,9)	-2,60 (-3,7)	-2,85 (-4,1)	-0,25 (-45,5)	8,70 (4,5)	4,75 (4,2)	-0,002 (-0,3)
Genômica	1	1,69 (52,1)	0,15 (20,1)	0,24 (1,8)	-2,60 (-3,7)	-3,55 (-5,1)	-0,95 (-172,7)	6,80 (3,5)	2,85 (2,5)	-0,004 (-0,7)
	2	1,65 (50,9)	0,15 (20,4)	-2,84 (-21,5)	-2,25 (-3,2)	-3,95 (-5,6)	-1,70 (-309,1)	1,45 (0,7)	0,77 (0,7)	0,001 (0,1)
	3	0,63 (19,4)	0,04 (4,9)	-4,86 (-36,7)	-0,75 (-1,1)	-0,75 (-1,1)	0,00 (0,0)	-0,90 (-0,5)	-0,45 (-0,4)	0,000 (0,0)
	4	1,29 (40,0)	0,12 (17,1)	-1,23 (-9,3)	-2,45 (-3,5)	-3,85 (-5,5)	-1,40 (-254,5)	6,20 (3,2)	2,15 (1,9)	-0,007 (-1,2)
	5	1,39 (43,1)	0,14 (19,4)	-3,53 (-26,7)	-1,75 (-2,5)	-2,95 (-4,2)	-1,20 (-218,2)	4,30 (2,2)	1,50 (1,3)	-0,005 (-0,8)
	6	0,89 (27,6)	0,07 (9,7)	-2,22 (-16,8)	-1,10 (-1,6)	-2,05 (-2,9)	-0,95 (-172,7)	1,20 (0,6)	1,75 (1,6)	0,006 (1,1)
	SJ	1,34 (41,5)	0,09 (12,9)	0,68 (5,2)	-2,00 (-2,9)	-2,10 (-3,0)	-0,10 (-18,2)	5,75 (3,0)	6,40 (5,7)	0,015 (2,7)

<sup>a</sup> - IS 1 refere-se ao índice de seleção de Smith (1936) -Hazel (1943), IS 2 ao de Williams (1962), IS 3 ao de Pesek e Baker (1969), IS 4 ao de Smith et al. (1981), IS 5 ao de Mulamba e Mock (1978), IS 6 ao proposto por Dickerson et al. (1954) e Allaire e

Henderson (1966) e SJ à seleção subjetiva.

## 5. APOIO

Esta pesquisa foi desenvolvida com apoio financeiro da FAPESP e CNPq e a participação no evento foi auxiliada pela PROPG/PROAP da FCAV - UNESP Câmpus de Jaboticabal.

## 6 REFERÊNCIAS

- ALLAIRE, F.R., HENDERSON, C.R. (1966). Selection practiced among dairy cows: II. Total production over a sequence of lactations. **J. Dairy Sci**, 49:1435-1440.
- DICKERSON, G.E., BLUNN, C.T., CHAPMAN, A.G., KOTTMAN, R.M., KRIDDER, J.L., WARWICK, E.J., WHATLEY JR., J.A., BAKER, M.L., WINTERS, L.M. (1954). Evaluation of developing inbred lines of swine. **Research Bulletin 551**, Missouri, Columbia.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. (1988). **Quantitative genetics in maize breeding**. 2<sup>nd</sup> ed. Iowa States University Press, Ames, 468p.
- HAZEL, L.N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, 28:476-490.
- LORENZANA, R.E.; BERNARDO, R. (2009). Accuracy of genotypic value predictions for marker-based selection in biparental plant populations. **Theoretical and Applied Genetics**, 120:151-161.
- MEUWISSEN, T.H.E.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, 157:1819-1829.
- MULAMBA, N.N., J.J. MOCK. (1978). Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, 7:40-51.
- PESEK, J., BAKER, R.J. (1969). Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, 49:803-804.
- SMITH, H.F. (1936). A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, 7:240-250.
- SMITH, O.S., A.R. HALLAUER, and W.A. RUSSELL. (1981). Use of index selection in recurrent selection programs in maize. **Euphytica**, 30:611-618.
- WILLIAMS, J.S. (1962). The evaluation of a selection index. **Biometrics**, 18:375-393.