

SELEÇÃO VIA PROCEDIMENTO BLUPIS VERSUS SELEÇÃO MASSAL EM CANA-DE-AÇÚCAR

R. A. de OLIVEIRA^{(1)*}; E. DAROS⁽¹⁾; J. C. BESPALHOK-FILHO⁽¹⁾; M. D. V. de
RESENDE⁽²⁾; J. L. C. ZAMBON⁽¹⁾; O. T. IDO⁽¹⁾; H. WEBER⁽¹⁾; H. ZENI-NETO⁽³⁾

1 UFPR * rico@ufpr.br
2 Embrapa Floresta, Colombo, PR.
3 Universidade Estadual de Maringá, PR.

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi comparar a seleção via procedimento BLUP individual simulado (BLUPIS) versus seleção massal em famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar. Foram utilizadas 80 famílias originadas de cruzamentos biparentais da série RB03. O experimento foi conduzido em área experimental, localizado no Município de São Tomé, Paraná. O delineamento experimental foi em blocos incompletos, com cinco repetições por família. Para seleção considerou-se a variável tonelada de brix por hectare (TBH). Utilizou-se o modelo 35 do programa computacional Selegen REML/BLUP, via procedimento BLUPIS para a indicação do número de clones potenciais a serem selecionados. Estes resultados foram correlacionados com o número de clones selecionados via seleção massal dentro das famílias. Pelos resultados obtidos, a seleção clonal via procedimento BLUPIS pode indicar maior número de clones promissores para caracteres quantitativos dentro de famílias com elevados efeitos genotípicos. A seleção massal pode possibilitar baixa eficiência em identificar clones promissores para caracteres quantitativos (TBH), principalmente nas famílias com elevados efeitos genotípicos, quando comparado com a seleção via BLUPIS.

Palavras-chave: *Saccharum* spp, estratégias de seleção, REML/BLUP, BLUP individual simulado, melhoramento de cana-de-açúcar.

SUMMARY

The aim of this work is to compare the selection via simulated individual BLUP procedure (BLUPIS) versus mass selection in full-sib sugarcane families. Eighty families originated from bi crosses of RB03 series were used. The experiment took place in an experimental area in São Tomé County, Paraná State. The experimental design used was the incomplete blocks, with five replications per family. For selection, the variable tones of Brix per hectare (TBH) was used. For indication of the number of potential clones to be selected, the model 35 of the software Selegen REML/BLUP via BLUPIS procedure was used. The results of BLUPIS were correlated with the number of selected clones via mass selection. The results showed that clone selection via BLUPIS procedure can indicate higher number of promising clones for quantitative character inside families with high genotypic effects. Mass selection showed low efficiency to identify promising clones for quantitative characters (TBH), mainly for families with high genotypic effects, when compared with selection via BLUPIS.

INTRODUÇÃO

Uma das etapas mais importantes no melhoramento da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) corresponde à fase inicial, denominada de T1. Nesta fase são produzidos milhares de indivíduos heterozigotos, provenientes de hibridações entre genitores previamente selecionados (CESNIK & MIOCQUE, 2004). Para esta fase, a seleção de famílias pode ser preferida quando a seleção é praticada com base em caracteres de baixa herdabilidade individual (FALCONER & MACKAY, 1996).

A seleção de famílias consiste em selecionar as famílias com elevados valores genotípicos, sendo descartadas famílias com valores genotípicos baixos. Estudos mostrando o potencial de famílias com valores genotípicos superiores

quando comparados com famílias de valores inferiores, evidenciam que a seleção com base nas melhores famílias é efetiva para identificar quais teriam maior proporção de clones elites. Neste caso, a seleção de famílias com base em caracteres quantitativos de produção, poderá possibilitar a identificação de clones promissores com maior probabilidade de serem mais produtivos. Isto representa uma vantagem quando a seleção de famílias é comparada com a seleção massal (KIMBENG et al., 2001).

Na seleção massal ou também denominada seleção individual, as plantas são selecionadas com base em seus valores fenotípicos, pois, nesta fase não há repetição. Em cana-de-açúcar, na primeira fase de seleção, cada genótipo encontra-se repetido uma só vez e em um único ambiente. Sendo assim, a avaliação é visual e com base em características indiretas de produção. Com isso, a eficiência seletiva depende da quantidade de variabilidade existente na população base a ser explorada, da herdabilidade do caráter a ser melhorado e da extensão do ganho genético deste caráter selecionado (SKINNER, 1987; BRESSIANI, 2001).

A seleção quando praticada em famílias com elevados valores genotípicos pode possibilitar maior probabilidade de encontrar clones superiores em suas respectivas progênes (BARBOSA et al., 2005; RESENDE & BARBOSA, 2005). Atualmente, para o estudo de famílias tem se adotado a metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, que permitem estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos das famílias de cana-de-açúcar (RESENDE, 2002a). Em cana-de-açúcar a seleção de famílias na fase inicial do melhoramento, normalmente é realizada considerando informações totais das parcelas, pois as mesmas são colhidas totalmente. Para contornar esta situação RESENDE & BARBOSA (2006) propuseram a seleção via BLUP individual simulado (BLUPIS), que se baseia nos

efeitos genotípicos das famílias avaliadas a campo.

O objetivo deste trabalho foi comparar a seleção via procedimento BLUP individual simulado (BLUPIS) versus seleção massal em famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido a campo em área experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da UFPR, localizada em na Usina Cocamar, situada no Município de São Tomé, Região Noroeste do Estado do Paraná. A região está situada entre as coordenadas geográficas: 23° 34' 02,75" de latitude Sul e 52° 38' 53,87" de longitude Oeste, e com altitude média de 450 m. A região está localizada no Terceiro Planalto Paranaense e, de acordo com a classificação de Köppen, apresenta clima tipo Cfa. O experimento foi instalado em solo tipo Latossolo Vermelho Distrófico, classificados como solos muito profundos, derivados de arenito caiué.

No estudo, foram utilizadas 80 famílias de irmãos-completos, oriundos de cruzamentos biparentais realizados na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro (PMGCA/UFAL), Município de Murici, Alagoas, no ano de 2003. As progênies foram plantadas e mantidas em casa-de-vegetação do PMGCA/UFPR, localizada na Estação Experimental de Paranaíba, Município de Paranaíba, no Estado do Paraná. As plântulas foram transplantadas para o campo no mês de abril de 2004.

O delineamento experimental foi em blocos incompletos, sendo os tratamentos compostos pelas 80 famílias de irmãos-completos. A parcela experimental foi composta por dez plantas dispostas em linha e espaçadas entre si em 0,5 m. O espaçamento entre parcela/linha foi de 1,4 m. O experimento foi colhido

na cana-planta em abril de 2005, a avaliação foi realizada no ciclo de cana-soca em abril de 2006. Para estimar a produtividade em tonelada de brix por hectare (TBH), consideraram-se as variáveis: número de perfilhos por metro linear, massa média de colmos (kg), teor de sólidos solúveis (Brix%). Posteriormente, estimou-se a produção de biomassa em t cana ha⁻¹ (TCH). A produtividade de açúcar (TBH) foi estimada em função da tonelada de cana por hectare e o Brix cana, conforme descreve a fórmula a seguir: $TBH = (TCH \times Brix \%) / 100$.

Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, onde o REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu predizer os valores genéticos aditivos e genotípicos. Este modelo estatístico está associado à avaliação de famílias de irmãos-completos obtidas sob cruzamento dialélico desbalanceado, no delineamento de blocos incompletos, com colheita total da parcela, considerando a equação matricial descrita abaixo:

$$y = Xr + Za + Wp + Sf + Tb + e$$

Em que: y : vetor de dados; r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a : vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p : é o vetor de efeitos de parcelas (aleatórios); f : vetor dos efeitos genéticos de dominância associado a famílias de irmãos-completos (assumidos como aleatórios); b : vetor dos efeitos dos blocos incompletos (aleatórios); e : vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X , Z , W , S , e T = representam as matrizes de incidência para os efeitos de r , a , p , f , e b , respectivamente.

Para análise dos dados adotou-se o modelo 35, para dialelos não aparentados, do programa computacional Selegen REML/BLUP (RESENDE,

2002b). Este modelo fornece a indicação do número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família, pelo procedimento BLUP individual simulado (BLUPIS), conforme desenvolvido por RESENDE & BARBOSA (2006).

Este procedimento estima de forma dinâmica o número n_k de indivíduos a serem selecionados em cada família k , determinado por $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) n_j$, em que \hat{g}_k refere-se ao valor genotípico da família k , \hat{g}_j refere-se ao valor genotípico da melhor família (número um da classificação) e n_j equivale ao número de indivíduos selecionados na melhor família (RESENDE & BARBOSA, 2005; 2006).

Conjuntamente foi realizada a seleção massal no experimento contendo as 80 famílias, priorizando a seleção de genótipos com potencial de ciclo precoce. Neste caso foram considerados os caracteres secundários que estão correlacionados com a produtividade em açúcar por área, como: estatura de plantas, diâmetro de colmos, número de perfilhos por touceira e Brix, sendo refratométrico. Nesta seleção considerou-se ainda o aspecto de touceira, sendo descartados genótipos com características indesejadas como a incidência de doenças, desuniformidade de perfilhos em estatura e diâmetro. Para determinar a precocidade dos genótipos, adotou-se o Brix de variedades padrões (RB855156, RB855453) plantadas nas bordas experimentais, sendo os clones das famílias com mesmo teor de brix ou superior, considerados como potenciais para ciclo precoce no Estado do Paraná.

A correlação entre BLUPIS x Seleção Massal foi calculada a partir do número de genótipos potenciais indicados pelo procedimento BLUPIS e o número de genótipos obtidos na seleção massal, conforme descrito:

$r_{\text{blupis; massal}} = \sigma_{\text{blupis; massal}} / \sigma_{\text{blupis}} \sigma_{\text{massal}}$; Onde: $\sigma_{\text{blupis; massal}}$: covariância entre blupis e seleção massal; σ_{blupis} : desvio padrão pelo procedimento blupis; e σ_{massal} :

desvio padrão para a seleção massal.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados pelo REML/BLUP no estudo de 80 famílias de irmãos-completos estão apresentados na Tabela 1. Verificou-se que para o caractere TBH, a variação foi explicada pelo efeito genético aditivo dos parentais utilizados nas hibridações, como também pelo efeito genético de dominância, portanto houve cruzamentos que superaram a média dos parentais.

TABELA 1 - ESTIMATIVA DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS¹, PARA PRODUÇÃO EM TONELADA DE BRIX POR HECTARE (TBH), DE 80 FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, DA SÉRIE RB03. MUNICÍPIO DE SÃO TOMÉ, PR, 2004-2006.

σ_a^2	σ_{bl}^2	σ_d^2	σ_e^2	σ_y^2	\hat{h}_a^2	\hat{h}_g^2	\hat{h}_{mf}^2	Ac_{fam}	$CV_g \%$	CV_r	MG
51,48	6,27	9,94	113,55	181,24	0,28 ± 0,10	0,50	0,56	0,75	45,87	0,51	13,02

¹ Variância genética aditiva (σ_a^2), variância entre blocos (σ_{bl}^2), variância genética de dominância entre famílias (σ_d^2), variância residual entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_y^2), herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), herdabilidade da média da família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2), acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}), coeficiente de variação genética ($CV_g \%$), coeficiente de variação relativa (CV_r) e (MG) média geral.

Os coeficientes de variação genética indicaram haver variabilidade com possibilidade de seleção para a produção de açúcar por hectare, representado pela variável TBH (45,87%). Valores acima de 10%, já indicam haver presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção. A herdabilidade média da família no sentido amplo pode ser considerada de média magnitude ($\hat{h}_{mf}^2 = 0,56$), o que permite selecionar famílias promissoras em produção de açúcar.

A seleção das famílias promissoras para a variável TBH foi baseada na metodologia BLUPIS, proposta por RESENDE & BARBOSA (2006), que permite a

seleção considerando informações totais das parcelas, pois as mesmas são colhidas totalmente. A seleção via BLUPIS permite determinar o número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias, o número total de indivíduos a serem selecionados e o número de famílias a serem selecionadas. Famílias com efeitos genotípicos negativos são eliminadas automaticamente, por estarem abaixo da média geral do experimento, pois haveria baixíssima probabilidade de se obter um clone promissor dentro destas famílias (RESENDE & BARBOSA, 2005: 2006).

Com base nesta metodologia, verificou-se que o número total de indivíduos a serem indicados à seleção foi de 343, sendo selecionadas 29 famílias com efeitos genotípicos positivos (Tabela 2). Ao considerar apenas as cinco melhores famílias (RB825336 x SP80-1816, RB825458 x RB855156, SP80-3280 x RB845257, RB83102 x RB855113, RB8495 x RB835089) verificou-se que o número total de indivíduos indicados foi de 154, o que representa aproximadamente 45% do total de indivíduos indicados pelo BLUPIS. Ao considerar as dez melhores famílias este percentual chega a 64%. Destaque para as famílias RB825336 x SP80-1816, RB825458 x RB855156, SP80-3280 x RB845257, RB83102 x RB855113, RB8495 x RB835089, RB835089 x RB867515, SP70-1143 x SP77-5181, RB8495 x RB8317, com 50, 34, 25, 23, 22, 19, 19 e 16, indivíduos indicados para a seleção, respectivamente. Considerando estas quatro famílias, observou-se que foram indicados 132 indivíduos.

Na seleção massal o número total de indivíduos selecionados foram 758, sendo que nas 29 famílias com efeitos genotípicos positivos foram selecionados 119 genótipos (Tabela 2). Nota-se, portanto, que o número total de indivíduos selecionados apenas nas famílias com efeitos genotípicos positivos foi inferior aos indicados na seleção via BLUPIS. Lembra-se que a seleção massal baseia-se em

caracteres indiretos de produção, podendo levar a baixa eficiência seletiva de indivíduos promissores para esta característica. Neste sentido, como a seleção massal é baseada no fenótipo e nos valores individuais, observou-se que grande parte dos genótipos foram obtidos nas famílias com efeito genotípico negativo (639 genótipos).

TABELA 2 – NÚMERO DE INDIVÍDUOS A SEREM SELECIONADOS DENTRO DAS FAMÍLIAS (n_k) VIA MÉTODO BLUPIS (VARIÁVEL TBH) E SELEÇÃO MASSAL REALIZADA EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, SÉRIE RB03, MUNICÍPIO DE SÃO TOMÉ, PR, 2004-2006.

Clas ¹	Famílias de irmãos-completos (♀ e ♂)	BLUPIS (n_k) ($n_l=50$)	MASSAL
1 ²	RB825336 x SP80-1816	50	9
2	RB825458 x RB855156	34	6
3	SP80-3280 x RB845257	25	7
4	RB83102 x RB855113	23	6
5	RB8495 x RB835089	22	7
6	RB835089 x RB867515	19	8
7	SP70-1143 x SP77-5181	19	4
8	RB8495 x RB8317	16	2
10	RB735200 x SP77-5181	12	4
11	RB835054 x RB931555	12	2
12	RB813804 x RB845197	11	4
13	RB925211 x RB8495	11	8
14	RB912850 x SP80-1816	10	7
15	RB855156 x SP80-1816	9	2
16	RB966928 x RB835054	9	6
17	RB855511 x SP80-1816	7	6
18	RB835089 x RB8495	7	4
19	SP83-2847 x RB956911	7	2
20	SP83-5073 x RB867515	6	2
21	RB855156 x RB925354	6	2
22	RB93509 x SP77-5181	6	3
23	CO62-175 x RB92579	5	2
24	SP70-2233 x TUC7742	5	2
25	RB8317 x RB925345	5	4
26	RB768647 x RB92579	3	4
27	SP83-2874 x RB855463	2	1
28	RB855453 x SP83-2847	1	2
29	RB75126 x RB865463	1	3
	Total	343	119

¹ Classificação das famílias com base no nº de genótipos selecionados pelo procedimento BLUPIS;

² Consideraram-se apenas as famílias com valores genotípicos acima da média experimental para TBH;

³ $n_l=50$, número de indivíduos selecionados dentro da melhor família, onde: $n_k=(\hat{g}_k / \hat{g}_l)50$, onde \hat{g}_k refere-se ao valor genotípico predito da família k e \hat{g}_l ao valor genotípico da melhor família l (número 1 da classificação).

Ao proporem a seleção BLUPIS, RESENDE & BARBOSA (2006) relatam que

50 indivíduos a serem selecionados dentro da melhor família, sejam suficientes para conter o melhor indivíduo da progênie para o caráter produtividade, com níveis próximos de 98% da representatividade máxima da família. Portanto, ao adotar a seleção massal verificou-se que na melhor família foram selecionados apenas 9 indivíduos, diminuindo assim, a probabilidade de conter o melhor indivíduo desta família.

Ao comparar os procedimentos de seleção via BLUPIS com a seleção massal (TABELA 3), verificou-se uma correlação de $r=0,66^{**}$. Verificou-se ainda, que o número de indivíduos coincidentes em ambas as metodologias foi de 0,34, ou seja, ao adotar a seleção massal apenas 34% do número total de indivíduos indicados pelo BLUPIS foram selecionados. Portanto, ressalta-se que mais de 65% dos indivíduos indicados pelo BLUPIS não foram identificados na seleção massal (TABELA 3). Uma explicação para este baixo número de indivíduos selecionados dentro das melhores famílias, seriam devido a seleção massal ser realizada com base em características fenotípicas, sendo descartados indivíduos que possuíam sintomas de doenças. Das famílias estudadas, relata-se que no cruzamento entre RB825336 x SP80-1816 foi observada elevada incidência de carvão (*Sporisorium scitaminea*), sendo isso um dos motivos que na seleção massal foram selecionados apenas nove indivíduos.

TABELA 3 - ESTIMATIVA DOS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO ENTRE O PROCEDIMENTO BLUPIS E A SELEÇÃO MASSAL, A PARTIR DE 80 FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, DA SÉRIE RB03. MUNICÍPIO DE SÃO TOMÉ, PR, 2004-2006.

Correlação (r) ¹	0,66553 ** F=20,67
Coincidência de indivíduos ²	0,34694
Proporção de indivíduos não identificados na Seleção Massal ³	0,65708

¹ Correlação entre procedimento BLUPIS e a Seleção Massal;

² Número de indivíduos coincidentes entre BLUPIS e Seleção Massal;

³ Proporção de indivíduos indicados pelo BLUPIS que não foram identificados na Seleção Massal.

Ao proporem o procedimento BLUPIS, RESENDE & BARBOSA (2006) relataram que a seleção via este procedimento, permite alta correlação entre os verdadeiros valores estimados via BLUP individual. Isto foi observado por OLIVEIRA (2007) que relatou elevadas correlações entre os dois procedimentos, confirmando a elevada precisão em indicar clones via BLUPIS, para caracteres quantitativos de seleção.

A seleção considerando as informações das famílias pode ser praticada quando os indivíduos estão sendo dirigidos para testes clonais via propagação vegetativa. No caso da cana-de-açúcar, BLUPIS poderá proporcionar aumento na eficiência da seleção clonal, pois se baseia em caracteres quantitativos de produção o que permite selecionar famílias com clones promissores para estas características de produção.

CONCLUSÕES

A seleção clonal via procedimento BLUPIS pode indicar maior número de clones promissores para caracteres quantitativos, como a produção de açúcar por hectares (TBH).

A seleção massal possibilita baixa eficiência em identificar clones promissores para caracteres quantitativos (TBH), principalmente nas famílias com elevados efeitos genotípicos, onde pela metodologia BLUPIS, foi identificado maior número de indivíduos a serem selecionados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.443-450, 2005.

BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. Piracicaba, 2001. 159p. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

CESNIK, R.; MIOCQUE J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, 2004. 307p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.

KIMBENG, C. A.; McRAE, T. A.; COX, M. C.; STRINGER, J. K. Optimising early generation selection in sugarcane breeding. **Proceedings...** International Society Sugarcane Technologists. v. 24, n. 2, 448-493, 2001.

OLIVEIRA, R. A. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. Curitiba, 2007. 127p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná.

RESENDE, M. D. V. **Genética, biométrica e estatística: no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975p.

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen REML/BLUP**. Colombo, Embrapa Informação Tecnológica, 2002b. 67p. (Documentos - 77).

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.3, p.421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo, 2005. 130p.

SKINNER, J. C. Efficiency of bunch-planted and single-planted seedlings for selecting superior families in sugarcane. **Euphytica** : Netherlands, v.31, n.2, p. 523-537, 1982. (Abstract)