

**José W. da Silva**<sup>1</sup>

**Daniel F. Ferreira**<sup>2</sup>

**Magno A. P. Ramalho**<sup>2</sup>

**Islan D. E. de Carvalho**<sup>1</sup>

**Jorge L.X.L.Cunha**<sup>1\*</sup>

**Kleyton D. da S. Costa**<sup>1</sup>

\*Autor para correspondência

Recebido para publicação em . Aprovado em .

<sup>1</sup>Universidade Federal de Alagoas - UFAL, Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade – AL, Brasil. E-mail: [Jorge.cunha.xavier@gmail.com](mailto:Jorge.cunha.xavier@gmail.com).

<sup>2</sup> Universidade Federal de Lavras – UFLA, Departamento de Biologia. Lavras – MG, Brasil.



## Efeito da seleção natural no tamanho de amostra em autógamias

### RESUMO

O objetivo deste estudo foi verificar como a seleção natural afeta o tamanho da amostra no método bulk em plantas autógamias. Para isso, foram simuladas configurações considerando a família  $F_{24:25}$ . As simulações contemplaram dois valores de duas herdabilidades, considerando 100 locos segregando. O efeito da seleção natural foi avaliado com diferentes tamanhos de amostra os quais foram 50; 200; 1000 e 2000 indivíduos. Conclui-se que a seleção natural proporciona ganhos com um tamanho de amostra acima de 1000 indivíduos durante as gerações de avanço em autógamias.

**Palavras-chave:** amostragem, simulação, método bulk.

### Effect of natural selection the sample size in autogamous.

### ABSTRACT

This study was to evaluate the effect of natural selection in the sample size in the bulk method in autogamous plants. This, settings were simulated considering the family  $F_{24:25}$ . The simulations have covered two heritability values with 100 segregating loci. The effect of natural selection was evaluated with different sample sizes which were 50 200, 1000 and 2000 individuals. Conclude that natural selection gives gains with a sample size of over 1000 individuals during the generations of advancement in autogamous.

**Keywords:** sampling, simulation, bulk method.

## INTRODUÇÃO

Existem vários métodos de condução de populações segregantes e o método de *bulk* é o de mais fácil aplicação e tem sido utilizado em diversas autógamias especialmente o feijoeiro. A condução pelo método *bulk* inicia-se a partir da geração  $F_2$ , em que as plantas são colhidas, misturadas e então uma amostra de sementes é retirada para a obtenção da população  $F_3$ . Esse procedimento é repetido até a geração que apresente um nível adequado de homozigose, na qual será procedida a seleção de plantas individuais para originar as famílias. A partir deste ponto, as melhores linhagens são identificadas e participarão de ensaios de competição de cultivares (RAMALHO et al., 1993; BORÉM; MIRANDA, 2005).

É oportuno salientar, que no método *bulk*, é geralmente aceita a premissa da ação da seleção natural durante o avanço das gerações de endogamia. Estudos sobre o método *bulk* demonstraram que a seleção natural exerce influência, promovendo o aumento da frequência de genótipos agronomicamente desejáveis. No entanto, questiona-se se, realmente, a seleção ocorrerá no sentido desejado pelo melhorista (RAMALHO et al. 2001). O efeito da seleção natural vem sendo estudado em diversos trabalhos Allard (1988) avaliou por 50 gerações uma população de cevada. O referido estudo tomou como referência uma população de cevada sintetizada de todos os possíveis cruzamentos aos pares de 28 cultivares. Afirmando que houve mudanças para vários caracteres considerando o efeito da seleção natural. Para o rendimento de grãos, houve um aumento de, aproximadamente, 1% a 2% ao ano, o que representa ganho comparável ao da seleção artificial segundo Ramalho et al. (2001). Em outro trabalho, realizado por Hamblin (1977), envolvendo quatro populações segregantes avaliadas nas gerações  $F_2$  e  $F_6$ , ocorreu aumento expressivo na produtividade de grãos.

Em outros trabalhos experimentais realizados com feijoeiro, conduzidos pelo método *bulk*. Constatou-se, pela avaliação de populações durante 15 gerações, que a ação da seleção natural contribui para um incremento médio do rendimento de grãos de 2,5% por geração (CORTE et al. 2002). Em outro estudo com populações de feijão avançadas pelo método *bulk* da geração  $F_2$  a  $F_{13}$ , (GONÇALVES et al., 2001) observaram que os indivíduos com hábito de crescimento indeterminado e com menores sementes foram mantidos pela seleção natural.

Contudo, na condução de populações segregantes pelo método *bulk*, o melhorista se depara com o questionamento qual o tamanho da amostra que será necessário em cada geração de avanço para que a seleção natural atue. Este aspecto deve ser realçado, pois não existe consenso

sobre o tamanho ideal de amostra. No caso do feijoeiro, alguns trabalhos apresentaram diferentes números de indivíduos (CORTE et al., 2002) utilizaram 1.600 indivíduos para estudar o efeito da seleção natural em populações avançadas pelo método de *bulk* por dezessete gerações (RAPOSO et al., 2000) utilizaram uma amostra de 2.000 indivíduos para estudo de comparação de métodos de condução de populações segregantes (GONÇALVES et al., 2001) utilizaram 1.280 indivíduos para avanço das gerações  $F_2$  a  $F_{13}$ , em *bulk* visando estudar o efeito da seleção natural e (SILVA et al., 2004) utilizou 2000 indivíduos. Estes números são bastante inferiores ao utilizado em cevada, cerca de 15.000 (ALLARD, 1988; SOLLIMAN & ALLARD, 1991).

Do exposto, foi realizado o presente trabalho com o objetivo de verificar como a seleção natural afeta o tamanho da amostra durante o avanço de populações segregantes autógamias.

## MATERIAL E MÉTODOS

A simulação foi realizada em computador, foi considerado um cruzamento admitindo-se duas linhagens  $P_1$  e  $P_2$  homozigotas e contrastantes em 100 locos. Foram obtidas as gerações filiais  $F_1$ ,  $F_2$ , ...,  $F_t$ , as quais foram conduzidas em *bulk*. Diferentes tamanhos de amostra ( $n$ ) foram conduzidas em *bulk*. Além disso, foram considerados 100 locos segregantes ( $g$ ) independentes, ou seja, sem ligação e sem efeito epistáticos ou pleotrópicos. Considerada a interação alélica dominância completa, diferentes herdabilidades e ausência e presença da seleção natural.

As linhagens obtidas nas gerações  $F_{24}$  foram utilizadas para avaliar o efeito da presença ou ausência da seleção natural. A seleção natural foi incorporada na simulação considerando que os indivíduos com genótipos mais favoráveis, ou seja, com mais locos com alelos favoráveis tinham a maior probabilidade de deixar descendentes.

Os genótipos dos indivíduos foram constituídos de  $g$  locos independentes, sendo  $g = 100$ . Inicialmente, foram gerados os genótipos de duas linhagens contrastantes para  $g$  locos e obtida a geração  $F_1$ , cujos indivíduos eram heterozigotos para todos os locos. A partir daí eram geradas as populações  $F_2$ ,  $F_3$ , ...,  $F_t$  conduzidas em *bulk*. Foi considerado que cada indivíduo em uma dada geração, inicialmente, poderia gerar, em média, 80 sementes (descendentes). No entanto, o número de sementes de cada indivíduo foi gerado de uma distribuição de Poisson, com média  $\lambda = 80$ . O valor 80 foi motivado por resultados experimentais, envolvendo plantas de feijoeiro comum.

Para simular a ação da seleção natural, foi considerado um valor de adaptação de cada

indivíduo proporcional ao número de alelos favoráveis em sua constituição genotípica. Também foi considerado um valor mínimo desse valor adaptativo.

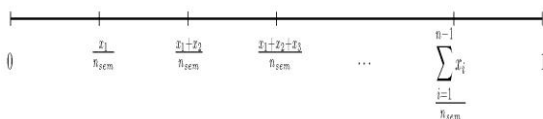
Seja  $F_i$  o valor adaptativo do  $i$ -ésimo indivíduo em uma dada geração;  $\delta_i$  o número de alelos favoráveis desse mesmo indivíduo e  $F_{\min} = 0,2$  e  $1,0$  o valor adaptativo mínimo. Então:

$$F_i = 0,2 + \frac{\delta_i}{2g} (1 - F_{\min})$$

Seja  $z_i$  uma realização de variável aleatória Poisson com  $\lambda = 80$ , que representa o número de descendentes do  $i$ -ésimo indivíduo. O número de descendentes do  $i$ -ésimo indivíduo é, então, ajustado para seu valor adaptativo na seguinte forma:

$$x_i = z_i F_i$$

Se todos os indivíduos tivessem o mesmo número de sementes, eles deveriam ter probabilidade uniforme de serem selecionados para gerarem por autofecundação uma semente (descendente) para formar a próxima geração. No entanto, como os valores  $x_i$  variam potencialmente de indivíduo para indivíduo, considerando  $i = 1, 2, \dots, n$ . Então, o indivíduo candidato a formar a próxima geração era sorteado a partir de uma escala uniforme determinada pelo número de sementes (descendentes), obtido pela equação (2). Sendo  $n_{sem}$  o total de sementes dos descendentes, foi criada a seguinte escala uniforme:



Um número uniforme entre 0 e 1 era gerado e se o seu valor estivesse no primeiro segmento entre 0 e  $x_1/n_{sem}$  o primeiro indivíduo foi o elemento sorteado para ser autofecundado e deixar um descendente para a próxima geração; se o valor estivesse no segundo trecho, entre  $x_1/n_{sem}$  e  $(x_1 + x_2)/n_{sem}$ , o segundo indivíduo foi selecionado e assim por diante, até o  $n$ -ésimo intervalo.

Se o  $i$ -ésimo indivíduo selecionado para autofecundar tiver descendente a serem gerados,  $x_i > 0$ , então, é gerado esse descendente por autofecundação e o número de sementes é atualizado por  $x_i = x_i - 1$ . A escala anterior é

recalculada com o novo valor  $x_i$  e o processo repetido  $n$  vezes. Se, em algum instante, o número de descendentes  $x_i$  do indivíduo selecionado for nulo, então, outro número uniforme deve ser gerado até que o valor do número de sementes desse indivíduo seja superior a zero. É importante salientar que, nesse processo, a probabilidade de sortear um indivíduo depende do seu valor adaptativo.

Cada indivíduo selecionado produziu um único descendente cada vez que foi sorteado, a menos que o valor de  $x_i$  seja nulo. Nesse caso, outro indivíduo é sorteado até que  $x_i > 0$  e um descendente por autofecundação foi gerado. O processo foi repetido  $n$  vezes, após as devidas atualizações.

Com a geração filial obtida, o processo é repetido para se obter a próxima geração. Foram considerados tamanhos de amostra de  $n = 50, 200, 1000, 2000$ . Cada indivíduo, em cada geração, teve seu genótipo armazenado, sendo que o valor 0 representa aa, o valor 1 Aa e 2 AA, em que a e A são respectivamente os alelos desfavorável e favorável para um dado loco. Foi considerada interações alélica dominância completa ( $d = a = 1$ ).

Os descendentes de uma dada planta em uma dada geração foram obtidos por autofecundação, sendo sorteado um gameta masculino e outro feminino do conjunto total de gametas possíveis daquele indivíduo. Os gametas aleatórios, considerando os  $g$  locos independentes, foram combinados para formar um descendente. Se o genótipo do indivíduo no  $m$ -ésimo loco for igual a 2 (AA), seus gametas serão do tipo A, com 100% de probabilidade; se o genótipo do loco for 0 (aa), os gametas serão somente do tipo a e se o genótipo for 1 (Aa), os gametas serão A com probabilidade 1/2 ou a com probabilidade 1/2. Nesse último caso, foi considerada a distribuição uniforme para sortear dois gametas desse loco. O indivíduo resultante foi obtido da junção desses dois gametas. Esse processo foi repetido para todos os locos e dependia do genótipo do indivíduo em questão para a obtenção de um descendente.

O *bulk* simulado foi conduzido até a geração  $F_{24}$ , de onde foram obtidas famílias. Assim, o valor  $\ell$  será fixado em 24, embora o programa de simulação permita variar esse número de acordo com a necessidade de seu usuário. O programa de simulação foi interpretado em linguagem R.

A simulação da geração  $F_{24:25}$  foi realizada a partir de famílias obtidas de cada planta da geração  $F_{24}$ . Cada planta da geração  $F_{24}$  originou  $rk_1$  indivíduos, cuja autofecundação foi realizada da

mesma forma como descrito para a condução do *bulk*. De cada indivíduo da geração F<sub>24</sub> foi determinado o número total de alelos favoráveis. Em cada simulação, foram obtidos o valor médio O número de alelos favoráveis, considerando as progênies F<sub>24:25</sub>. Foram realizadas 1000 simulações Monte Carlo de cada configuração.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estão apresentados na tabela 1, os números médios de locos favoráveis no melhor indivíduo, considerando  $h^2 = 1$ , e também para a comodidade do leitor, as mesmas situações foram

simuladas, considerando adaptabilidade mínima de 0,2. Pode-se observar (Tabela 1) que amostras de tamanho inferiores a 200 indivíduos, o número de locos favoráveis do *bulk* simulado com adaptabilidade 1 que considerar igual condição de deixar descendentes, foi superior ao de adaptabilidade de 20% a 100%, para amostras maiores que 1000 indivíduos, houve uma inversão. Assim, o efeito da seleção natural só irá resultar em ganhos com amostras iguais ou superiores a 1000 indivíduos. É uma afirmativa consistente, pois, com um número maior de descendentes, a seleção natural pode atuar com maior intensidade conforme (HAMBLIN,1977).

**Tabela 1** – Número médio de locos favoráveis da família F<sub>24:25</sub> com  $h^2 = 1,0$  em diferentes adaptabilidades e com  $g = 100$ ,  $d = a = 1$

N	Fmin=0,2	Fmin=1,0
50	66,52	68,70
200	68,10	68,80
1000	71,56	69,70
2000	73,13	69,90

Na Tabela 2, só para a média  $F_{min} = 0,2$  e  $F_{min} = 1,0$  estão apresentados os números de locos favoráveis na geração F<sub>4:5</sub>, em função do tamanho da amostra (n) para uma situação de  $h^2$  igual a  $1 \times 10^{-8}$ . Esse valor foi escolhido para ilustrar uma situação de herdabilidade nula. Se a  $h^2$  for

extremamente pequena, nenhum efeito do tamanho da amostra interferirá no resultado e na probabilidade de sucesso do método *bulk* resultar em uma linhagem promissora.

**Tabela 2** – Número médio de locos favoráveis da família F<sub>24:25</sub> com  $h^2 = 1 \times 10^{-8}$  em diferentes adaptabilidades e com  $g = 100$ ,  $d = a = 1$ .

N	Fmin = 0,2	Fmin = 1,0
50	52,99	56,30
200	53,74	58,76
1000	69,71	68,50
2000	69,92	69,68

Comparando-se os valores médios dos locos favoráveis para  $F_{min} = 0,2$  e para  $F_{min} = 1,0$ , com  $h^2$  igual a  $1 \times 10^{-8}$ , verifica-se que não há efeito da seleção natural.

O efeito da seleção natural associado aos tamanhos de amostras foram avaliados. O que se constatou é que somente para amostras iguais ou superiores a 1000 indivíduos é que o efeito da seleção natural resultou em ganhos. Nota-se, com  $n = 2000$  indivíduos, a média do número de locos

favoráveis foi de aproximadamente 70 para  $F_{min} = 1,0$  e de 73 para  $F_{min} = 0,2$  (Tabela 1). Isso indica que um ganho médio de 3 locos favoráveis seria atribuído à seleção natural e estão associados geralmente com a adaptação. Resultados para herdabilidade próximo de zero comprovam novamente a consistência dos resultados obtidos por simulação. O efeito do tamanho do *bulk* é o mesmo, independentemente de a adaptabilidade ter sido ou não considerada na simulação.

## CONCLUSÃO

O efeito da seleção natural só resulta em ganhos para amostras iguais ou superiores a 1000 indivíduos no método de bulk.

O resultado da seleção natural apresentado deve ser visto com ressalvas pois o mecanismo de simulação utilizado é limitado e dificilmente retrata a realidade com fidelidade, embora seja uma tentativa de modelá-la.

## REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plants and their wild progenitors. **Jornal of Heredity**, Cary, v. 79, n.4, p. 225-238, July/Aug 1988.
- BORÉM, A. MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4. ed. rev. amp. Viçosa: UFV, 2005. 525 p.
- CORTE H. R, et al. A Natural selection for grain yield in dry bean populations bred by the bulk method. **Euphytica**. v.123, p. 287-393, 2002.
- GONÇALVES F.M.A, et al. Natural selection in four common bean traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.1, p. 213-220, 2001.
- HAMBLIN. J. Plant breeding interpretations of the effects of bulk breeding on four populations of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) **Euphytica** v. 26, p.157-168, 1977.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foudation os Statistical Computing, 2006. Disponível em: ><http://www.r-project.org>>. Acesso em: 10 mar. 2008.
- RAMALHO M.A.P et al. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS LL, VALOIS AC, MELO IS and VALADARES-INGLIS MC. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, p. 201-230, 2001.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- RAPOSO, F. C.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, out. 2000.
- SILVA N. O et al, Performance of common bean families after different generations under natural selection. **Genetics and Molecular Biology** v.27, p. 574-578, 2004
- SOLIMAN, K. M.; ALLARD, R. W. Grain yield of composite cross populations of barley: effects of natural selection. **Croop Sciense**, Madson, v. 31, n. 3, p. 705-708, May./June 1991.