



PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MANDIOCA PARA CARACTERES PRODUTIVOS

Juan Paulo Xavier de Freitas¹, Vanderlei da Silva Santos² e Eder Jorge de Oliveira²

¹Estudante de doutorado da Universidade do Recôncavo da Bahia, 44380-000, Cruz das Almas, BA. E-mail: juanagronomia@hotmail.com; ²vanderlei.silva-santos@embrapa.br, ²eder.oliveira@embrapa.br

Temática: Melhoramento genético e biotecnologia

Resumo

Este estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e selecionar novos híbridos de mandioca com alto potencial produtivo de raízes e amido em ensaios preliminares de produção (EPP). Os experimentos foram realizados em um delineamento em blocos casualizados com três repetições, utilizando 68 progênies e 14 cultivares como testemunhas. As características avaliadas foram produtividade de raízes (PROD), índice de colheita (IC), teor de matéria seca (MS) e produtividade de amido (PROD-AMD). As estimativas de herdabilidade individual (h_g^2) variaram de $0,89 \pm 0,21$ para (PROD), $0,68 \pm 0,18$ para (IC), $0,57 \pm 0,17$ para (MS) e $0,90 \pm 0,21$ (PROD-AMD). Acurácia seletiva variou de 0,85 (MS) a 0,97 (PROD e PROD-AMD), demonstrando adequado ordenamento dos híbridos avaliados. Estes parâmetros genéticos indicam efeitos genéticos de maior importância em comparação aos efeitos ambientais. Em consequência, os ganhos genéticos com a seleção dos 10 melhores híbridos de mandioca foram de 82,2%, 18,0%, 7,7% e 84,9% para PROD, IC, MS e PROD-AMD, respectivamente em comparação com as 14 cultivares de mandioca.

Palavras Chave: Melhoramento, produtividade, amido, matéria seca, híbridos.

Introdução

Apesar da sua importância econômica e social no Brasil, a cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) tem apresentado produtividade média de raízes de $13,61 \text{ t.ha}^{-1}$ (FAO, 2014), sendo bastante inferior àquela obtida em outros países a exemplo da Tailândia. De modo geral, além da baixa adoção de insumos e cultivo em áreas marginais, o uso de variedades inadequadas é um dos principais fatores para essa baixa produtividade de raízes no País.

Os restritos programas de melhoramento genético da mandioca têm se dedicado ao aumento da produtividade de raiz e amido, resistência a pragas e doenças e melhoria na qualidade das raízes, sobretudo para o mercado in natura. Contudo, para maximizar os ganhos genéticos por ciclo de melhoramento, é preciso adotar estratégias de seleção mais adequadas aos diferentes tipos de populações segregantes e características de interesse. Por meio dos parâmetros genéticos populacionais é possível determinar a contribuição dos efeitos genéticos e ambientais sobre o caráter em seleção. Desta forma, o conhecimento dos parâmetros genéticos para as características de maior importância agrônoma possibilitam a adoção de métodos de melhoramento mais adequados. Assim, este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos em ensaio preliminar de produção e selecionar híbridos de mandioca com alta produtividade de raízes e amido.

Material e Métodos

Foram avaliadas 68 progênies oriundas de 23 populações segregantes F_1 na fase preliminar de produção (EPP). O plantio do experimento foi realizado em 2013/2014 na área experimental da Aliança Cooperativa do Amido, no município de Laje (Bahia), utilizando o delineamento em blocos casualizados com três repetições, 16 plantas por parcela, com o espaçamento de $0,90 \text{ m} \times 0,80 \text{ m}$ entre plantas, contendo 14 testemunhas (Eucalipto, Fécula Branca, BRS Formosa, BRS Gema Ovo, IAC90, BRS Jari, BRS Kiriris, Mani Branca, 9624-



09, Cascuda, Cigana, BRS Caipira, BRS Dourada e BRS Verdinha). A colheita foi realizada de forma manual aos 12 meses após o plantio.

As características agrônômicas avaliadas foram: matéria seca das raízes, em % (MS), obtido pelo método gravimétrico; produtividade de raízes, em t.ha⁻¹ (PROD); produtividade de amido, em t.ha⁻¹ (PROD-AMD) e índice de colheita (IC) (relação entre peso de raízes e peso da planta considerando parte aérea e raízes).

A estimação de componentes de variância para cada característica foi obtida pelo procedimento REML (Máxima Verossimilhança Restrita), aplicada ao modelo linear misto, utilizado para avaliação de clones não aparentados, no delineamento em blocos ao acaso. A predição de valores genéticos foi feita pelo método BLUP (melhor predição linear não viesada). As análises REML/BLUP foram realizadas com auxílio do programa SELEGEN (Resende, 2002).

Resultados e Discussão

As estimativas dos componentes de variância são apresentadas na Tabela 1. Os caracteres que apresentaram as maiores estimativas de herdabilidade individual (h_g^2) foram PROD (0,89±0,21) e PROD-AMD (0,90±0,21), embora as estimativas de h_g^2 para IC (0,68±0,18) e MS (0,57±0,17) fossem de magnitude mediana. Por outro lado, a herdabilidade média genotípica foi bastante elevada (>0,94) para PROD e PROD-AMD, e alta para IC (0,81) e MS (0,73), indicando a importância dos efeitos genéticos aditivos para estas características. Por outro lado, alguns autores têm demonstrado herdabilidades moderadas para número (0,65), peso (0,63) e produtividade de raízes em mandioca (0,53) (Asante & Dixon, 2002). Entretanto, diferenças nos valores absolutos de parâmetros genéticos se devem ao fato de que a herdabilidade não é uma propriedade inerente somente ao caráter, mas também da população sob estudo, da forma de mensuração do caráter, das variáveis ambientais e do tipo de população em análise. Os desvios-padrão (s) da h_g^2 associados a cada caráter variaram de moderados a altos, porém demonstraram que as herdabilidades são estatisticamente maiores que zero.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância e coeficientes de determinação da análise conjunta dos experimentos para avaliação da produtividade de raiz (PROD), índice de colheita (IC), teor de matéria seca (MS) e produtividade de amido (PROD-AMD) em mandioca.

Parâmetros	Características			
	PROD	IC	MS	PROD-AMD
σ_g^2	66,75	0,006	3,00	6,65
σ_e^2	8,18	0,003	2,25	0,73
σ_f^2	74,93	0,009	5,25	7,38
h_g^2	0,89±0,21	0,68±0,18	0,57±0,17	0,90±0,21
h_m^2	0,94	0,81	0,73	0,95
\hat{r}_{gg}	0,97	0,90	0,85	0,97
CVg	41,19	11,84	4,85	41,91
CVe	14,42	8,12	4,20	13,89
CVr	2,86	1,46	1,16	3,02
MG	19,83	0,64	35,70	6,15

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; h_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo dentro do bloco; h_m^2 : herdabilidade média genotípica; \hat{r}_{gg} a acurácia da seleção dos genótipos; CVg: coeficiente de variação genotípica; CVe: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; MG: média geral da característica avaliada.



A acurácia (\hat{r}_{gg}) foi de alta magnitude (variação de 0,85 a 0,97), o que garante uma boa relação entre os valores preditos e os reais, e com isso o correto ordenamento dos híbridos para fins de seleção. Os coeficientes de variação residual (CVe) foram considerados de baixa magnitude (variação de 4,20 a 8,12), sobretudo por se tratar de características quantitativas. Por outro lado, os coeficientes de variação genotípica (CVg), sobretudo para PROD (41,19) e PROD-AMD (41,91) foram bastante elevados, o que demonstra variabilidade genética suficiente para seleção de clones dentro das progênes avaliadas. Já, os coeficientes de variação relativa ($CVr = CVg/CVe$) foram maiores que a unidade, indicando uma situação favorável para a seleção em todas as características neste ambiente.

Os valores genotípicos preditos médios foram de 19,83 t.ha⁻¹ para produtividade de raízes, 6,15 t.ha⁻¹ de amido, 35,70% de matéria seca e 0,64 de índice de colheita (Tabela 1). Contudo, a seleção dos 10 melhores híbridos dentro das famílias indica a possibilidade de ganhos expressivos para a maioria das características (Tabela 2).

Tabela 2. Valores genotípicos preditos (u+g), ganhos genéticos em porcentagem (GG%) referente à seleção dos 10 melhores híbridos de mandioca em comparação com as testemunhas para produtividade de raízes (PROD), índice de colheita (IC), teor de matéria seca (MS) e produtividade de amido (PROD-AMD).

PROD			IC			MS			PROD-AMD		
Clone	u+g	GG%	Clone	u+g	GG%	Clone	u+g	GG%	Clone	u+g	GG%
09-17	39,4	98,8	24-017	0,8	28,8	47-093	39,7	11,1	09-17	12,3	99,9
34-69	36,6	91,7	47-067	0,7	22,4	37-14	38,4	9,3	13-35	11,7	94,7
24-017	35,4	87,3	47-070	0,7	20,1	47-059	38,2	8,5	34-69	11,6	92,7
13-35	35,3	84,9	47-074	0,7	17,8	47-134	38,0	8,0	24-155	10,8	88,3
47-054	34,6	82,9	06-04	0,7	16,8	24-156	37,8	7,6	47-065	10,5	84,7
24-155	33,4	80,5	31-41	0,7	16,1	47-071	37,7	7,1	24-017	10,4	82,1
47-137	31,4	77,3	24-155	0,7	15,4	47-065	37,6	6,7	47-054	10,4	80,2
47-065	31,2	74,8	47-098	0,7	14,8	34-66	37,6	6,5	47-137	10,0	78,1
09-24	31,0	72,7	37-26	0,7	14,3	34-41	37,4	6,3	34-45	9,6	75,5
24-169	30,5	70,8	24-162	0,7	13,5	47-060	37,3	6,1	24-169	9,3	73,2
<i>9624 09</i>	25,9	56,3		0,6	3,7		37,8	7,3		8,8	63,6
<i>BRS Caipira</i>	27,6	60,8		0,6	5,1		37,5	6,4		9,2	67,7
<i>BRS Dourada</i>	18,6	31,4		0,6	7,2		33,9	1,0		5,4	25,1
<i>BRS Formosa</i>	22,8	45,1		0,7	19,0		35,0	2,0		6,9	44,6
<i>BRS Gema Ovo</i>	8,1	3,5		0,5	1,6		36,9	5,3		2,6	4,3
<i>BRS Jari</i>	10,1	6,7		0,7	8,7		32,6	0,1		2,8	5,9
<i>BRS Kiriris</i>	17,2	24,9		0,7	13,9		36,5	4,7		5,5	27,5
<i>BRS Verdinha</i>	24,4	52,1		0,6	4,1		34,0	1,2		7,0	45,7
<i>Cascuda</i>	12,5	10,4		0,6	4,8		32,0	0,0		3,3	7,5
<i>Cigana</i>	6,8	1,0		0,4	0,0		37,7	6,9		2,2	1,8
<i>Eucalipto</i>	24,0	49,5		0,6	3,5		35,1	2,1		7,3	50,6
<i>Fécula Branca</i>	4,2	0,0		0,5	0,9		35,8	3,3		1,2	0,0
<i>IAC90</i>	6,8	1,8		0,6	5,9		35,0	2,0		2,0	1,0
<i>Mani Branca</i>	23,9	48,4		0,6	6,8		35,5	2,8		7,4	53,6

*Variedades em itálico referem-se às testemunhas do experimento

Todos os híbridos de mandioca selecionados na fase preliminar de produção apresentaram desempenho relativo superior ao das testemunhas. Atualmente estes híbridos estão sendo avaliados em ensaios avançados de produção em diferentes ambientes no Nordeste do Brasil.

Conclusão

1) A herdabilidade e acurácia seletiva das características produtividade de raízes, índice de colheita, teor de matéria seca e produtividade de amido foram de média a alta magnitude na fase preliminar de produção.



2) A seleção dos 10 melhores híbridos na fase clonal de produção possibilitou ganhos nos valores genotípicos preditos de 82,2%, 18,0%, 7,7% e 84,9% para PROD, IC, MS e PROD-AMD, respectivamente, em comparação com 14 cultivares de mandioca atualmente utilizadas no sistema de produção da mandioca.

Agradecimentos

Os autores agradecem à CAPES, CNPq e Fapesb pela concessão das bolsas de estudo e apoio financeiro para execução da pesquisa.

Referência

ASANTE, K.; DIXON, A.G.O. Heritability studies of some cassava genotypes. **West African Journal of Applied Ecology**, v. 3, p. 49-53, 2002.

FAO (2014) FAOSTAT database. FAO, Rome Italy. <http://faostat.fao.org/> Acesso em 26 Jan 2015.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).