

## Estimativas De Parâmetros Genéticos Em Famílias Segregantes De Macaúba

Vanessa Alves Batista (Universidade de Brasília, vanessalvesbatista@gmail.com), Tatiana Barbosa Rosado Laviola (Universidade de Brasília/FUP, tatianarosado@unb.br), Lucas Nobre de Araújo (Universidade de Brasília, lucasnob@hotmial.com), Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br)

**Palavras Chave:** *Acrocomia acuelata, melhoramento genético, herdabilidade, variabilidade genética.*

### 1 - Introdução

A macaúba, *Acrocomia acuelata*, é também conhecida por diversos nomes populares tais como bocaiuva, coco-de-espino, coco-baboso, macaíba, entre outros, e possui ampla distribuição geográfica que vai desde o Pará até São Paulo, Rio de Janeiro e Mato Grosso do Sul, em cerradões e em matas semidecíduas (LORENZI, 2010). É ainda uma angiosperma de ciclo perene que possui ampla utilidade que vai desde a alimentação até a geração de energia. Do seu mesocarpo é possível extrair 4.000 litros/hectare ao ano para a produção de biodiesel (NUCCI, 2007). No entanto, a macaúba não é uma planta domesticada, sendo necessário vários estudos de melhoramento genético principalmente relacionados à seleção de genótipos de alto desempenho ainda na fase juvenil (ROSADO et al, 2019).

Nesse sentido, a análise de variância (ANOVA), juntamente com as estimativas de parâmetros genéticos permitem inferir sobre a variabilidade genética e fornecem subsídios para auxiliar na seleção dos melhores genótipos. Portanto o objetivo desse trabalho foi analisar o desempenho de quinze famílias de macaúba, na região do cerrado visando a seleção de progênies promissoras.

### 2 - Material e Métodos

O experimento foi instalado implantado em março de 2011 no campo experimental da Embrapa Cerrados na cidade de Planaltina, Distrito Federal, Brasil (Latitude: 15° 35'30"S; Longitude: 47° 42'30"W; Altitude: 1030 metros). Foram avaliadas 15 famílias de meio-irmãos de macaúba, coletadas em diferentes regiões brasileiras. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com 5 repetições de 3 plantas por parcela e espaçamento de 5m X 5m.

Para a realização do estudo foi utilizado o ano agrônomo de 2015, dentre os quais as características fenotípicas analisadas foram: altura da planta, em metros, diâmetro do caule, em centímetros, projeção da copa na linha, em metros e projeção da copa entre linhas, em metros. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para verificar a existência de variabilidade genética entre as progênies pelo teste F. Posteriormente, foram analisados os seguintes parâmetros genéticos: a herdabilidade ( $h^2$ ), coeficiente de variação genético (CVg), coeficiente de variação ambiental (CVe) e a razão

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software estatístico Genes (CRUZ, 2013).

### 3 - Resultados e Discussão

A análise de variância foi significativa a nível de 1% de probabilidade para a altura das plantas e diâmetro do caule. Para a projeção da copa na linha e para a projeção da copa entre linha a significância foi a nível de 5%.

Esses resultados indicam que há variabilidade entre as progênies para esses caracteres avaliados sendo, portanto, possível o progresso com a seleção.

Tabela 1: Análise de variância para as características Altura (ALT), Diâmetro do Caule (DC), Projeção da Copa na Linha (PCL) e Projeção da Copa Entre a Linha (PCEL) nas quinze famílias de meio-irmãos de macaúba.

Fonte de Variação	QUADRADOS MÉDIOS				
	GL	ALT	DC	PCL	PCEL
Blocos	4	0,76	73,7	0,42	0,32
Tratamento	14	3,22**	95,6**	0,53*	0,53*
Resíduo	56	0,34	30,1	0,23	0,23
Média		4,86	43,4	4,75	4,78
CV (%)		12,0	12,6	10,2	10,2

\*\* e \* significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste F

As estimativas de parâmetros genéticos são apresentadas na tabela 2. A herdabilidade obtida foi de 89,3% para altura, 68,4% para diâmetro do caule, 56,0% para a projeção da copa na linha 55,5% para projeção da copa entre linha. A herdabilidade é um parâmetro que expressa a relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica, ou seja, o grau de confiança no fenótipo, de modo que, quanto maior a variação genética de origem, maior a probabilidade de herdabilidade nas progênies. Dessa forma verifica-se a alta herdabilidade para os caracteres avaliados (acima de 50%) indicando que há possibilidade de ganho com a seleção.

O coeficiente de variação genético (CVg) foi de 15,6% para a altura (ALT), 8,3% para diâmetro do caule (DC), 5,1% para projeção da copa na linha (PCL) e 5,1% para projeção da copa entre linha (PCEL). Esse coeficiente é um parâmetro que infere sobre a magnitude da variabilidade genética nos caracteres em estudo tendo implicações diretas no ganho da seleção (FERRÃO et al, 2008). Assim, os valores altos de CVg detectados caracterizam a existência de variabilidade genética entre as progênies, e reforçam os indicativos de que grande parte da variação total é de natureza genética.

Já a razão CVg/CVe maior (>1), indica situação favorável à seleção (FALEIRO et al., 2002). Nesse estudo a razão CVg/CVe foi maior que a unidade (>1) para a característica altura indicando que esse caráter possui maior potencial para a seleção entre as progênies de macaúba avaliadas.

Tabela 2. Parâmetros genéticos para as características: Altura da planta (ALT); Diâmetro do caule (DC); Projeção da copa na linha (PCL); Projeção da copa entre linhas (PCEL) em quinze famílias de meio-irmãos de macaúba.

Parâmetros genéticos	ALT	DC	PCL	PCEL
Variância fenotípica	0,645513	19,132571	0,107898	0,107214
Variância ambiental	0,068788	6,036381	0,04746	0,047664
Variância genotípica	0,576725	13,09619	0,060438	0,059549
$h^2$	89,3437	68,4497	56,0142	55,5427
CVg	15,6093	8,3307	5,172	5,1028
CVg/CVe	1,2949	0,6587	0,5047	0,4999

$h^2$  = herdabilidade; CVg = coeficiente de variação genético; CVe = coeficiente de variação experimental; CVg/CVe = razão

O erro experimental constitui na variação não controlada entre as que recebem o mesmo tratamento. A relevância do erro experimental se dá no efeito da precisão experimental que é estimada pelo coeficiente de variação experimental (CVe) que é medida pelo erro padrão em relação à média. (RAMALHO, 2012). As baixas magnitudes dos valores de coeficiente de variação experimental (CVe) obtidas nesse estudo indicam que o número de repetições e a precisão experimental foram bons, segundo a classificação de Pimentel Gomes (2009) principalmente por se tratar de planta perene como a macaúba. Esses valores também reforçam a baixa influência ambiental nas progênies.

Os genótipos 169 e 170 formaram o grupo II, o que mostra que esses podem ser incluídos em blocos de cruzamentos para a formação de população-base, no entanto não devem ser cruzados entre si. Os genótipos 107 e 133 formaram os grupos III e IV, respectivamente. Rosado et al. (2010) observaram diversidade genética a nível molecular entre esses genótipos, que foram agrupados em grupos distintos.

Esses resultados indicam que o genótipo 107 possui alta divergência em relação aos demais acessos e deve ser considerado para a formação de populações segregantes. Além disso, esse genótipo possui porte baixo, uma das características desejadas em genótipo de pinhão-manso, visto que isso facilita a colheita manual.

## 4 – Conclusões

Dentre as características avaliadas, houve variação significativa para todas indicando que há variabilidade genética entre as progênies.

A característica altura pode ser considerada a melhor opção para a seleção pois foi a que apresentou maior herdabilidade e razão CVg/CVe maior que (>1).

## 6 - Bibliografia

- CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Sci., Agron*, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- FALEIRO, F. G. ARAÚJO, I. S.; BAHIA, R. C. S.; SANTOS, R.F.; YAMADA, M. M.; ANHERT, D. Otimização da extração e amplificação de DNA de *Theobroma cacao* L. visando obtenção de marcadores. *RAPD. Agrorópica*, Ilhéus, 2002. No prelo.
- FERRÃO, R.G et al. Parâmetros genéticos em café conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v 43, n. 1, p. 61-69, 2008. Disponível em: <http://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/7961/4720>. Acesso em: 2 de fev. 2019.
- LORENZI, H. *Flora brasileira: arecaceae*. 1. ed. São Paulo: Ispis Gráfica e Editora, 2010. 384 p. ISBN 85-86714-36-8.
- NUCCI, S. M. Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genéticas de populações de macaúba. *Dissertação Mestrado*. Campinas: Instituto Agronômico de Campinas, Campinas – SP. 2007.
- PIMENTEL GOMES, F. *Curso de estatística experimental*. 15ª Ed. Piracicabana FEALQ, 2009, 451p.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R.; Aplicações de genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. *Lavras: Ed. UFPA*, 2012, 522p.
- ROSADO R. D. S; T, B; CRUZ, D; CRUZ, C; GOMES A, F; HAA, L, D, C, S; LAVIOLA, B, G. Genetic parameters and simultaneous selection for adaptability and stability of macaw palm. *SCIENTIA HORTICULTURAE JCR*, v. 248, p. 291-296, 2019.