

# AVALIAÇÃO GENÉTICA DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CUPUAÇUZEIRO VIA PROCEDIMENTO REML/BLUP.

Maria Clideana Cabral Maia<sup>1</sup>, Marcos Deon Vilela de Resende<sup>2</sup>, João Luis da Silva Filho<sup>3</sup>, Rafael Alves<sup>4</sup>, Giselle Mariano Lessa de Assis<sup>1</sup>, Givanildo Roncatto<sup>1</sup>, Lauro Saraiva Lessa<sup>1</sup> e Eddie Leite Souza<sup>1</sup>

## Resumo

O objetivo desse estudo consistiu em realizar uma avaliação genética em 36 progênies de meios irmãos de cupuaçu oriundos de seleção massal estratificada em áreas de produtores com base na produtividade. O experimento para seleção das progênies superiores foi instalado no delineamento aleatorizado em blocos, com quatro plantas/parcela e três repetições. Para a avaliação foram considerados componentes de produção (peso médio de fruto/planta; peso médio de polpa com sementes/planta; peso médio de polpa/planta; peso médio de sementes/planta). Os dados foram analisados através da metodologia REML/BLUP (Maximum Restricted Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction) com o emprego do software Selegen. A população experimental possibilitou a seleção de parentais superiores para formação de população base para o melhoramento genético do cupuaçu,

**Palavras-chave:** *Theobroma grandiflorum*, caracterização de rendimento e seleção precoce.

## Introdução

A manifestação fenotípica dos caracteres métricos resulta do efeito conjunto do genótipo, do ambiente específico e da interação destes fatores, que pode ser estimada quando as avaliações são realizadas em pelo menos dois ambientes (Vencovsky, 1978). Em termos práticos, todos os programas de melhoramento genético envolvem pelo menos três etapas: escolha dos parentais que darão origem à população-base, seleção dos genótipos superiores dessa população e sua avaliação em um grande número de ambientes.

O melhoramento genético do cupuaçu na Embrapa Acre encontra-se ainda em fase inicial. Neste sentido, a análise genética pode representar um ponto de partida para estabelecer critérios de seleção dos genótipos experimentais estudados, se constituindo em suporte teórico importante na obtenção de material genético agronomicamente superiores.

Em última instância o que mais interessa ao produtor é o desempenho produtivo sendo esta característica determinada por seus componentes primários e secundários como: resistência a pragas e doenças, elevada capacidade de frutificação, arquitetura favorável assim como adaptabilidade e estabilidades genotípicas do material melhorado.

Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de identificar materiais genéticos promissores e promover seleção precoce permitindo adiantamento do programa de melhoramento do cupuaçu.

---

1. Primeiro Autor é Pesquisador da Embrapa Acre, Rio Branco, AC, CEP 69908-970. E-mail: [clideanar@cpafac.embrapa.br](mailto:clideanar@cpafac.embrapa.br), [giselle@cpafac.embrapa.br](mailto:giselle@cpafac.embrapa.br), [givanildo@cpafac.embrapa.br](mailto:givanildo@cpafac.embrapa.br) e [laurolessa@cpafac.embrapa.br](mailto:laurolessa@cpafac.embrapa.br).

2. Segundo Autor é Pesquisador/Professor: Embrapa Florestas/Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal, Viçosa – MG, CEP 36570-000. E-mail: [marcos.deon@gmail.com](mailto:marcos.deon@gmail.com).

3. Terceiro Autor é Pesquisador da Embrapa Algodão, Campina Grande, PB, CEP 58428-095. E-mail: [joaoluis@cnpa.embrapa.br](mailto:joaoluis@cnpa.embrapa.br).

4. Quarto Autor é Pesquisador da Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, CEP 66095-100. E-mail: [rafael@cpatu.embrapa.br](mailto:rafael@cpatu.embrapa.br).

## Material e métodos

O experimento para seleção precoce de famílias superiores foi instalado no delineamento aleatorizado em blocos, com quatro plantas/parcela e três repetições. Para a avaliação foram considerados variáveis de caracterização do fruto (comprimento e largura) e componentes de produção (peso médio de fruto/planta; peso médio de polpa com sementes/planta e peso médio de polpa/planta). Todas as análises foram realizadas por meio de software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002).

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico para a avaliação das progênes no delineamento de blocos ao acaso com uma observação por parcela:

### Modelo linear misto (modelo aditivo univariado)

$y = Xb + Za + Wc + e$ , em que

$y$ ,  $b$ ,  $a$ ,  $c$  e  $e$ : vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios dos indivíduos), de efeitos de parcela (aleatórios) e dos erros aleatórios, respectivamente.

$X$ ,  $Z$  e  $W$ : matrizes de incidência para  $b$ ,  $a$  e  $c$ , respectivamente.

## Resultados e Discussão

A estatística coeficiente de variação ambiental ( $CV_e\%$ ) tem uma propriedade referencial sobre o nível de precisão com que o experimento foi conduzido. É sabido que características quantitativas bastante influenciadas pelo ambiente apresentam via de regra altos valores de CV. Nesse trabalho, esse fato foi evidenciado para as características: peso médio do fruto, peso médio de polpa com sementes e peso médio de polpa, com valores: 37,2%, 39,2%, 40,8% e 47,1% respectivamente. ).

Por outro lado, para o coeficiente de variação de natureza genética ( $CV_g$ ), que quantifica a porcentagem de variação genética acessíveis nos material genéticos experimentais, altos valores são desejáveis. Alves & Resende (2008) relatam coeficientes de variação genética ( $CV_g$ ) variando de 27% a 88% no âmbito de progênie e de 38% a 123% no âmbito individual como estatísticas que revelam excelentes possibilidades para a seleção na população estudada. Os coeficientes de variação genética aditiva individual apresentaram altas magnitudes para as características físicas dos frutos com valores maiores que os respectivos coeficientes de variação ambiental. Esse resultado indica condição favorável para seleção do material em estudo. As variáveis de componentes de produção, como esperado, apresentaram  $CV_e\%$  de maior monta que seus coeficientes de variação genéticos, obviamente, devido influência marcante do efeito ambiental na manifestação desses caracteres.

De acordo com Maia *et al.* (2009), o número de repetições é determinante para reduzir a variância fenotípica entre as médias das progênes. A raiz quadrada da herdabilidade ao nível de médias resulta nas acurácias seletivas (raiz quadrada da  $h^2$ ), na ordem de: 0.8182; 0.7707 para as características; comprimento e largura do fruto atestando boa precisão e controle das causas de variação ambiental de ordem aleatória promovendo segurança na seleção.

É possível que a redução na taxa de sobrevivência dos indivíduos e a presença de plantas improdutivas, causas do desbalanceamento do experimento, tenha contribuído para as moderadas a baixas acurácias médias observadas (0.5375; 0.5174; 0.4951 e 0.1587) para as características: peso médio de frutos, peso médio de polpa com sementes, peso médio de polpa e peso médio de sementes, respectivamente. Assim, o uso de procedimentos estatísticos que lidam naturalmente com o desbalanceamento são recursos adequados no sentido de contornar problemas dessa natureza. Para Resende (2001) plantas com altos valores genéticos preditos mas com acurácia baixa, devem ser utilizados com ressalvas.

A herdabilidade ao nível de média de progênes ( $h^2_{mp}$ ) é estimada quando se usa médias como unidade de avaliação/seleção; neste particular atingimos um nível significativo de precisão devido a diminuição dos erros experimentais prevaletes com o incremento proporcional do número de repetições. São factíveis as boas expectativas de seleção em que temos  $h^2_{mp} = 0.289; 0.268$  e  $0.245$  para características componentes da produção (peso médio de fruto/planta; peso médio de polpa com sementes/planta; peso médio de polpa/planta)

Ao se estimar a herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a = 0.1625 \pm 0.145; 0.1611 \pm 0.145$  e  $0.1563 \pm 0.143$ ) considera-se a dispersão genética aditiva, o que é pertinente, neste caso, pois tratamos de seleção populacional onde exploramos a variância genética aditiva. Com respeito aos desvios apresentados, suas magnitudes não levam aquelas estimativas a assumirem o valor zero. O que é favorável e esperado para os caracteres considerados

A seleção com base em testes de progênes de meios-irmãos explora toda a variância genética aditiva na seleção realizada entre indivíduos na população como um todo, isto é, procedendo-se seleção entre e dentro das famílias. As estimativas dessa variância mostraram-se significativas para todos os caracteres considerados. Adicionalmente, entre as características avaliadas os caracteres relacionados ao rendimento se complementam e podem ser usados simultaneamente na escolha de parentais promissores para composição do lote de recombinação de primeiro ciclo.

Uma seleção de parentais em uma população constituída por famílias de meios irmãos implica na existência de dispersão genética aditiva entre eles. A variância genética aditiva para as variáveis envolvidas na produtividade mostraram menor amplitude que suas respectivas variâncias de efeitos residual (ambiental + não aditiva). A natureza quantitativa desses caracteres causa essa dispersão residual acentuada (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de Componentes de Variância e parâmetros genéticos (REML Individual) para os variáveis de caracterização do fruto (comprimento e largura) e componentes de produção (peso médio de fruto/planta; peso médio de polpa com sementes/planta; peso médio de polpa/planta; peso médio de sementes/planta).

## Conclusões

- A população experimental possibilitou a seleção de indivíduos superiores para formação de população base para o melhoramento genético do cupuaçu;
- a avaliação genética permitiu eleger plantas superiores para multiplicação clonal.

## Referências

- ALVES, R.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no Estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. Revista Brasileira de Fruticultura. Jaboticabal – SP, v. 30, n. 3, p. 696-701. 2008.
- MAIA, M. C. C.; RESENDE, M.D.V.de; PAIVA, J. R. de; CAVALCANTE, J. J. V. e BARROS, L. M. de. Seleção Simultânea para Produção, Adaptabilidade e Estabilidade Genotípicas em Clones de Cajueiro, Via Modelos Mistos. Revista de Pesquisa Agropecuária Tropical. Goiânia – GO, v. 39, n.1, p. 43-50. 2009.
- RESENDE, M. D. V. Melhoramento de Espécies Perenes. . In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Eds.). *Recursos genéticos em melhoramento de plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 357-422.
- RESENDE, M. D. V. Software Selegen–REML/BLUP. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67 p. (Embrapa Florestas, Documentos, 77).
- Vencovsky, R. e BARRIGA, P. Genética Biométrica no Fitomelhoramento. RIBEIRÃO PRETO: SOCIEDADE BRASILEIRA DE GENÉTICA, 1992. 496 p.

**Tabela 1.** Estimativas de Componentes de Variância e parâmetros genéticos (REML Individual) para os variáveis de caracterização do fruto (comprimento e largura) e componentes de produção (peso médio de fruto/planta; peso médio de polpa com sementes/planta; peso médio de polpa/planta; peso médio de sementes/planta).

Estimativas	P (Fruto)	P (polpa +sem)	P (polpa)	Os parâmetros apresentados na Tabela 1 são definidos a seguir:
Va	<b>21.2380</b>	7.2133	3.8586	Va: variância genética aditiva.
Vparc	<b>10.4572</b>	5.4038	3.9776	Vparc: variância ambiental entre parcelas.
Ve	<b>99.0274</b>	32.1570	16.8475	Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).
Vf	<b>*****</b>	44.7742	24.6837	Vf = Va + Vparc + Ve:
h2a	<b>0.1625 +0.145</b>	0.1611+- 0.145	0.1563+- 0.143	h2a = Va/Vf: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.
h2aj	<b>0.1766</b>	0.1832	0.1864	h2aj = Va/(Va + Ve): herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela.
c2parc	<b>0.0710</b>	0.1207	0.1611	c2parc = Vparc/Vf: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.
h2mp	<b>0.2890</b>	0.2677	0.2451	h2mp = (0.25 Va) / [(0.25 Va + Vparc/3 + (0.75 Va + Ve)/12]: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa, em que 3 é o número de repetições e 12 é o número de repetições multiplicado pelo número de plantas por parcela (4).
Acprog	<b>0.5375</b>	0.5174	0.4951	Acprog = raiz quadrada de h2mp: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.
h2ad	<b>0.1386</b>	0.1440	0.1466	h2ad = (0.75 Va) / (0.75 Va + Ve): herdabilidade aditiva dentro de parcela.
CVgi%	<b>27.4229</b>	27.4375	26.8878	CVgi% = [(Va) <sup>1/2</sup> / Média Geral] * 100: coeficiente de variação genética aditiva individual.
CVgp%	<b>13.7115</b>	13.7188	13.4439	CVgp%: [(Va/4) <sup>1/2</sup> / Média Geral] * 100: coeficiente de variação genotípica entre progênes.
Cve%	<b>37.2545</b>	39.2955	40.86489	Cve% = {[(0.75 Va + Ve)/3 + Vparc] <sup>1/2</sup> / Média Geral} * 100: coeficiente de variação experimental.
CVr	<b>0.3680</b>	0.34912	0.3290	CVr = CVgp/Cve = coeficiente de variação relativa.
PEV	<b>3.7753</b>	1.3205	0.7282	PEV = (1 - Acprog <sup>2</sup> ) Va/4: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa.
SEP	<b>1.9430</b>	1.1491	0.8534	SEP = raiz quadrada da PEV: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.
Média	<b>16.8052</b>	9.7887	7.3057	Média geral do experimento.

**Tabela 2** Componentes de Média (BLUP Individual).

SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS								
Planta/ Bloco	P(fruto)		P(polpa+sems)			P(polpa)		
	Ganho	Nova Média	Planta	Ganho	Nova Média	Planta	Ganho	Nova Média
9.3B1	<b>12.4316</b>	29.2367	18.2B1	7.5579	17.3465	18.2B1	5.1778	12.4835
10.4B2	<b>9.3926</b>	26.1978	10.4B2	5.6857	15.4744	10.4B2	3.8557	11.1614
10.2B3	<b>8.2180</b>	25.0232	10.2B3	4.8311	<b>I. 14.6198</b>	<b>II.12.4B1</b>	3.2992	10.6049
18.2B1	<b>7.5574</b>	24.3626	18.4B1	4.3904	14.1791	10.1B1	3.0187	10.3244
10.2 B1	6.9760	23.7812	10.1B2	4.0985	13.8871	29.2B2	2.8007	10.1064
10.1B2	<b>6.5646</b>	23.3698	10.1B1	3.8827	13.6714	18.4B1	2.6353	9.9410