

## Estabilidade temporal em genótipos de pinhão-mansão via modelo misto

Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br), Paulo Eduardo Teodoro (UFV, eduteodoro@hotmail.com), Erina Vitória Rodrigues (Embrapa Agroenergia, erina.rodrigues@colaborador.embrapa.br), Rhyanne Dias Costa (Embrapa Agroenergia, rh dico@gmail.com), Rosana Falcão (Embrapa Agroenergia, rosana.falcao@embrapa.br), Laise Teixeira da Costa (Embrapa Agroenergia laise.costa@embrapa.br), Júlio César Marana (Embrapa Agroenergia julio.marana@embrapa.br)

**Palavras Chave:** *Jatropha curcas* L., distância de Mahalanobis, variabilidade genética

### 1 - Introdução

O pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.) é uma oleaginosa perene, com potencial de produção de óleo de alta qualidade para a produção de biodiesel. Apesar de possuir ampla adaptabilidade a diversos ambientes no Brasil, a espécie encontra-se em fase de domesticação, e ainda não há cultivares e sistemas de cultivo validados para as diferentes regiões produtoras no país. Assim, a identificação de genótipos com alta adaptabilidade fenotípica e estabilidade produtiva é necessária para que esta oleaginosa possa se consolidar como uma alternativa para a produção de biodiesel (Laviola et al., 2014).

O método de modelos de modelos mistos, quando utilizada para investigar a interação genótipos x medições (G x M) em espécies perenes, permite considerar erros correlacionados dentro de ambientes/medições; fornece valores genéticos considerando o erro experimental e pode ser aplicado a qualquer número de ambientes/medições. Além disso, ele gera resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, o que os outros métodos não permitem (Rosado et al., 2012).

Diante disso, o objetivo desse trabalho foi utilizar o método de modelos mistos para identificar genótipos de pinhão-mansão com alta estabilidade produtiva.

### 2 - Material e Métodos

O experimento foi realizado na área experimental da Embrapa Cerrados entre os anos de 2010 a 2015 no município de Planaltina, Distrito Federal. O município está situado a 15°35'30''S, 47°42'30''W, a 1007 m de altitude. O clima é tropical com inverno seco e verão chuvoso (Aw) segundo a classificação de Köppen, com temperatura média anual de 22 °C, umidade relativa de 73% e precipitação pluvial média de 1.100 mm. O solo predominante no local foi classificado como Latossolo Vermelho com alto teor de argila.

Foram realizados cruzamentos em esquema dialélico completo, desbalanceado para número de cruzamentos, totalizando 4 autofecundações e 9 hibridações. O delineamento utilizado foi blocos ao acaso, com 5 repetições, 3 plantas por parcela e espaçamento de 4

x 2 m. Para realização dos cruzamentos foram utilizados 4 genótipos selecionados no banco de germoplasma com as seguintes características: porte baixo (CNPAE-107), elevada produção de grãos (CNPAE-190), ausência de toxidez nos grãos (CNPAE-170) e resistência a oídio (CNPAE-259). A produtividade de grãos foi avaliada em quatro medições correspondentes ao segundo, terceiro, quarto e quinto ano após o plantio.

As estimativas das variâncias foram obtidas utilizando o método da máxima verossimilhança restrita (REML), enquanto os valores genéticos foram estimados pelo método do melhor preditor linear não viesado (BLUP). Foi utilizado o modelo  $y = X_m + Z_a + W_p + Q_i + T_s + e$ , em que  $y$  é o vetor de dados,  $m$  é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),  $p$  é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios),  $i$  é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições (aleatórios),  $s$  é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do *software* Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007).

### 3 - Resultados e Discussão

A estimativa da variância da interação G x M inflacionou a variância fenotípica individual dos genótipos, sendo responsável por 41% da variância fenotípica total, o que conduziu a baixas estimativas de herdabilidade individual entre progênies, repetibilidade individual e correlação genotípica através das medições (Tabela 1). Neste contexto, um genótipo com boa produtividade em uma medição, pode não ser o melhor em outras medições, o que revela a necessidade de empregar métodos de adaptabilidade e estabilidade para identificar os genótipos superiores.

**Tabela 1.** Estimativas dos Componentes da variância (REML individual) para a produtividade de grãos de 13 genótipos de pinhão-mansão.

Parâmetro	Estimativa
Variância genotípica entre progênes	18.585,12
Variância ambiental entre parcelas	7.299,82
Variância da interação G x M	49.909,50
Variância dos efeitos permanentes	6.838,94
Variância residual temporária	39.512,99
Variância fenotípica individual	122.146,36
Herdabilidade individual entre progênes	0,15
Coefficiente de determinação dos efeitos de parcela	0,06
Coefficiente de determinação da interação G x M	0,41
Coefficiente de determinação dos efeitos permanentes	0,06
Repetibilidade individual	0,27
Correlação genotípica através das medições	0,27
Media da produtividade ao longo das medições	395,42

É possível verificar na Tabela 2 que o valor genotípico para a média das medições gerou resultados similares ao método em que se capitaliza a adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), simultaneamente. De acordo com esses métodos, os genótipos que reúnem alta adaptabilidade e estabilidade produtiva são CNPAE-107 x CNPAE-107, CNPAE-170 x CNPAE-107, CNPAE-190 x CNPAE-107 e CNPAE-190 x CNPAE-190.

**Tabela 2.** Valores genéticos considerando as quatro medições e estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos (MHPRVG) de 13 genótipos de pinhão-mansão.

Genótipo	Todas as medições	MHPRVG
107x107	544,73	481,08
107x190	535,29	475,69
107x259	245,12	320,02
170x107	571,22	477,99
170x170	253,59	288,46
170x190	493,58	441,02
170x259	213,56	269,84
190x107	611,32	540,87
190x190	581,75	586,04
190x259	234,12	262,52
259x107	333,44	444,37
259x190	123,77	138,01
259x259	398,98	360,54

Estes valores genotípicos podem, também, ser considerados para recomendações desses genótipos em outros ambientes com padrão de interação G x M similar à verificada neste experimento. Segundo Rosado et al. (2012), isto ocorre porque o método de modelos mistos penaliza os valores genotípicos preditos. Assim, o mesmo desempenho das médias genéticas da produtividade de grãos é esperado, quando as progênes supracitadas forem submetidas a ambientes com características similares aos deste estudo.

#### 4 – Conclusões

Os genótipos CNPAE-107 x CNPAE-107, CNPAE-170 x CNPAE-107, CNPAE-190 x CNPAE-107 e CNPAE-190 x CNPAE-190 reúnem alta adaptabilidade e estabilidade produtiva.

#### 5 – Agradecimentos

Embrapa, CNPq, Capes e Finep

#### 6 - Bibliografia

- <sup>1</sup> Laviola, B. G.; Silva, S. D. A.; Juhász, A. C. P.; Rocha, R. B.; Oliveira, R. J. B.; Albrecht, J. C.; Alves, A. A.; Rosado, T. B. Desempenho agrônomico e ganho genético pela seleção de pinhão-mansão em três regiões do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **2014**, 49, 356-363.
- <sup>2</sup> Resende, M. D. V. SELEGEN- REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Embrapa Florestas: Colombo (2007).
- <sup>3</sup> Rosado, A. M.; Rosado, T. B.; Alves, A. A.; Laviola, B. G.; Bhering, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **2012**, 47, 964-971.