

## Geração de clones superiores de mandioca em progênies F<sub>1</sub>, S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>

Eduardo Melo da Silva<sup>1</sup>; Rafael Parreira Diniz<sup>2</sup>; Massaine Bandeira e Sousa<sup>2</sup>; Luciano Rogério Braatz<sup>3</sup>; Eder Jorge de Oliveira<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, eduardomelo96@hotmail.com;

<sup>2</sup>Pós-doutorando da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia/Embrapa Mandioca e Fruticultura, rafadiniz\_rpd@yahoo.com.br, massainebandeira@hotmail.com; <sup>3</sup>Doutorando da Universidade Federal de Viçosa, lucianorogério@gmail.com; <sup>4</sup>Pesquisador – Melhoramento Genético - Embrapa Mandioca e Fruticultura, eder.oliveira@embrapa.br

No melhoramento genético da mandioca, progênies F<sub>1</sub>, resultantes da hibridação entre dois genitores contrastantes, são bastante utilizadas para a seleção de plantas superiores. Por outro lado, progênies S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub> são menos utilizadas devido à redução no desempenho agrônômico, provocado pela depressão endogâmica. Contudo, a seleção de progênies superiores em populações oriundas de autofecundações tem sido mencionada como uma alternativa para reduzir a presença de alelos deletérios no melhoramento da cultura. O objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho agrônômico de diferentes progênies de mandioca e estimar as correlações no primeiro ensaio de avaliação clonal (CET). Para isso, 264 progênies F<sub>1</sub>, 69 S<sub>1</sub> e 93 S<sub>2</sub> foram avaliadas no CET, sob o delineamento de blocos aumentados, com sete testemunhas, distribuídos em dez blocos. Foram avaliadas as seguintes características agrônômicas: produtividade da parte aérea (PPA – t ha<sup>-1</sup>); produtividade total de raízes (PTR - t ha<sup>-1</sup>); teor de matéria seca nas raízes (MSE – %); e produtividade de amido (PAM - t ha<sup>-1</sup>). Foi realizada a análise de variância para cada característica, de acordo com o modelo para a análise em bloco aumentados, considerando todos os efeitos como fixos. As médias ajustadas foram estimadas, sendo, posteriormente, estimadas as correlações de Pearson entre as características. As análises foram realizadas pelos pacotes *agricolae* e *corrgram* do software R. Os três tipos de progênies (F<sub>1</sub>, S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>) apresentaram alta variação nas médias para as quatro características agrônômicas, indicando que a seleção de clones pode resultar em ganhos genéticos, independentemente do tipo de progênie gerada. Os valores médios das progênies F<sub>1</sub> e S<sub>1</sub> foram superiores aos valores médios das testemunhas e da média geral para todas as características, exceto MSE, na qual as progênies S<sub>1</sub> apresentaram baixos valores. Em geral, as progênies S<sub>2</sub> apresentaram valores médios inferiores à média geral para as quatro características, possivelmente como resultado da elevação da homoziguidade dos clones. A porcentagem de progênies F<sub>1</sub> e S<sub>1</sub> com desempenho acima da média geral foi semelhante para PPA e PTR, porém, para MSE os valores foram de 60% (F<sub>1</sub>) e 43% (S<sub>1</sub>), enquanto para PAM esses valores foram de 54% (F<sub>1</sub>) e 47% (S<sub>1</sub>). A BRS Mulatinha apresentou o melhor desempenho agrônômico, destacando-se às demais testemunhas, com valores de 25,38 t ha<sup>-1</sup> (PPA), 21,23 t ha<sup>-1</sup> (PTR), 36,72% (MSE) e 7,70 t ha<sup>-1</sup> (PAM). O percentual de indivíduos com desempenho agrônômico superior à BRS Mulatinha variou de 10% (PPA) a 32% (MSE) para progênies F<sub>1</sub>, de 14% (PPA e MSE) a 20% (PTR e PAM) para progênies S<sub>1</sub> e de 5% (PPA e PAM) a 27% (MSE) para progênies S<sub>2</sub>. As estimativas de correlação de Pearson para a associação entre PPA e PTR, e para PPA e PAM foram positivas e diferentes de zero para as três progênies e testemunhas. Entretanto, maiores valores (>0,85) foram observados para as testemunhas. A associação entre PTR e MSE foi próxima a zero para as três progênies avaliadas, evidenciando que não existe relação entre essas características quando a avaliação ocorre no CET. Os resultados desse trabalho evidenciam que, na seleção de clones superiores o melhorista pode optar pela utilização de progênies F<sub>1</sub> ou S<sub>1</sub>, por apresentarem maior número de clones superiores às testemunhas.

**Significado e impacto do trabalho:** O aumento da eficiência na seleção de clones superiores é um desafio para o melhoramento genético da mandioca. Nesse sentido, a avaliação de diferentes tipos de progênies (F<sub>1</sub>, S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>) pode auxiliar o melhorista na tomada de decisão no que se refere à seleção de clones superiores. Nesse trabalho foi observado que progênies S<sub>2</sub> devem ser utilizadas com precaução, pois elas apresentam um menor número de clones de alto desempenho em relação às progênies F<sub>1</sub> e S<sub>1</sub>. Embora possam ser úteis para geração de linhagens com alta homoziguidade para posterior exploração do vigor híbridos em cruzamentos.