

Seleção de Famílias de Cana-de-Açúcar via Reml/Blup

Ricardo Augusto de Oliveira¹, João Carlos Bessalho F.², Edelclaiton Daros³, José Luis Camargo Zambon⁴, Marcos Deon Vilela de Resende⁵

Introdução

Uma das etapas importantes no melhoramento da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) corresponde à fase inicial (T1). Nesta fase são produzidos milhares de indivíduos heterozigotos, provenientes de hibridações entre genitores previamente selecionados. Para esta fase, a seleção de famílias pode ser preferida quando a seleção é prática baseada em caracteres de baixa herdabilidade. O processo de seleção torna-se mais efetivo, pois estes caracteres de baixa herdabilidade, quando analisados em estudos de famílias, 75% a 80% da variação fenotípica podem ser explicados devidos aos fatores genéticos [2].

O estudo de famílias tem importância também para a seleção de genitores a serem adotados em futuros cruzamentos e recombinações, visando assim à geração de novas progênes a serem avaliadas. Para isso, torna-se importante selecionar os melhores genitores com base no valor genético aditivo ($u+a$) [3]. Os melhores genitores terão ainda, maior importância nas hibridações, indicando que estes podem ser utilizados para gerar populações melhoradas, aumentando assim, a probabilidade de encontrar clones superiores em suas progênes [1]. Atualmente, para este estudo de famílias tem se adotado a metodologia dos modelos mistos Reml/Blup [4], permitindo estimar os parâmetros genéticos [1].

O objetivo deste trabalho foi selecionar famílias de cana-de-açúcar oriundas de cruzamentos biparentais e selecionar genitores com base no seu valor genético aditivo, por meio da metodologia dos modelos mistos, Reml/Blup.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido a campo em área experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da UFPR, localizada em

área comercial da Usina Cocamar, situada no Município de São Tomé, Região Noroeste do Estado do Paraná.

No estudo, foram utilizadas 85 famílias de irmãos-germanos, da série RB03, oriundos de cruzamentos biparentais realizados na Estação de Cruzamento da Serra do Ouro (PMGCA/UFAL), Município de Murici, Alagoas, no ano de 2003. As progênes oriundas dos cruzamentos biparentais foram plantadas e mantidas em casa-de-vegetação do PMGCA/UFPR, localizada na Estação Experimental de Paranavaí, Município de Paranavaí, no Estado do Paraná. As plântulas foram transplantadas para o campo no mês de abril de 2004. O experimento foi colhido em ciclo cana-planta em abril de 2005, sendo avaliado em ciclo de cana-soca em abril de 2006.

O delineamento experimental foi em blocos incompletos, sendo os tratamentos compostos pelas famílias de irmãos-germanos e pelas testemunhas (variedades). As testemunhas utilizadas foram as variedades comerciais: RB72454, RB867515, RB855453, e RB855156. A parcela experimental foi composta por dez plantas dispostas em linha e espaçadas entre si em 0,5 m. O espaçamento entre parcela/linha foi de 1,4m. As variáveis amostradas a campo foram: número de colmos por touceira, brix (% de sólidos solúveis) e massa média de dez colmos amostrados aleatoriamente (kg). Posteriormente foi estimado a massa média de colmos por touceira (kg) e a tonelada de brix por hectare (TBH).

Os dados foram analisados via modelos mistos Reml/Blup, onde o Reml (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e Blup (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genéticos aditivos e genotípicos, considerando equação matricial descrita abaixo:

$$y = Xf + Za + Wc + Ub + e, \text{ onde:}$$

y, f, a, c, b, e : vetores de dados, efeito fixo da parcela, efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos da capacidade específica de combinação (aleatório), efeitos do blocos (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

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

1. Primeiro Autor é Doutorando do Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal/Agronomia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. Bolsista CAPES. E-mail: rico@ufpr.br

2. Segundo Autor é Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. E-mail: bespa@ufpr.br

3. Terceiro Autor é Professor Associado do Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. E-mail: ededaros@ufpr.br

4. Quarto Autor é Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. E-mail: joseluis@ufpr.br

5. Quinto Autor é Pesquisador da Embrapa Gado de Corte, BR262, km4, CEP 79.002-970, Campo Grande, MS. E-mail: deon@cnpf.embrapa.br

Apoio financeiro: FUNPAR

Tabela 1. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), herdabilidade da média da família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância entre blocos ($\hat{\sigma}_{bl}^2$), variância genética de dominância entre famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variância residual entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$), coeficiente de variação genética (CV), coeficiente de variação relativa (CVr) e média geral, para os caracteres número de perfilhos por touceira, brix (% sólidos solúveis), massa de colmos por touceira e TBH (teor de brix por hectare), de 85 famílias de irmão-germano de cana-de-açúcar.

Caracteres	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{bl}^2$	$\hat{\sigma}_d^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	\hat{h}_a^2	\hat{h}_g^2	\hat{h}_{mf}^2	CV	CVr	Média Geral	
Nº perfilhos	3,50	0,61	0,00	32,28	36,39	0,10	0,020	0,10	0,29	16,04	0,23	8,25
Brix	3,40	0,40	0,00	1,12	4,91	0,69	0,054	0,69	0,82	6,38	1,22	20,43
Massa colmo	1,65	1,95	2,47	26,18	32,25	0,05	0,015	0,36	0,38	25,47	0,35	7,13
TBH	3,25	24,64	40,50	133,17	201,56	0,02	0,008	0,82	0,54	50,11	0,56	12,95

Tabela 2. Componentes de média BLUP para as 30 melhores famílias de irmãos-germanos (Vgf) e para os 30 melhores genitores (a= efeito genético aditivo, u+a= média genética e ganho genético em %).

Clas*	Seleção de Famílias		Seleção de genitores			
	Famílias	Vgf	Genitores	a	u+a	Ganho (%)
1	449	32,89	SP80-1816	1,39	14,34	10,75
2	1910	30,05	RB8495	1,05	14,00	8,08
3	5811	24,29	RB835090	0,91	13,86	7,06
4	1417	23,76	RB825336	0,76	13,71	5,86
5	4341	23,42	RB825548	0,67	13,62	5,15
6	6114	23,08	RB855113	0,44	13,39	3,41
7	3946	23,02	RB835054	0,39	13,34	3,02
8	1217	22,35	RB92579	0,38	13,33	2,96
9	4419	20,79	SP70-1143	0,36	13,31	2,80
10	1727	20,62	RB966928	0,34	13,29	2,66
12	1340	20,47	RB855156	0,33	13,28	2,58
13	6645	19,07	RB8317	0,32	13,27	2,47
14	435	18,44	SP77-5185	0,31	13,26	2,39
15	4422	18,03	CP5376	0,30	13,25	2,29
16	4426	17,89	RB83102	0,25	13,20	1,96
17	578	17,13	RB841842	0,24	13,19	1,85
18	4948	17,01	RB735200	0,21	13,16	1,62
19	1714	16,60	RB912850	0,17	13,12	1,29
21	6013	15,77	RB845197	0,17	13,12	1,29
22	6147	15,64	RB956911	0,15	13,10	1,12
23	4921	15,36	RB931555	0,10	13,05	0,80
24	4331	15,33	RB925345	0,10	13,05	0,79
25	2835	15,33	RB92606	0,08	13,03	0,64
26	4929	15,24	CO62175	0,08	13,03	0,62
27	491	15,17	SP80-3280	0,07	13,02	0,58
28	2812	14,70	RB806043	0,06	13,01	0,49
29	6748	14,54	RB768647	0,03	12,98	0,25
30	5140	14,46	RB925211	0,03	12,98	0,21
11**	RB72454	20,61				
20**	RB85156	16,28				

*Classificação das famílias, para os cruzamentos e para os genitores.

** Classificação das duas melhores variedades utilizadas como padrões na avaliação de famílias.

Para análise dos dados adotou-se o modelo 35, para dialelos não aparentados, do programa computacional Selegen Reml/Blup [5].

Resultados e Discussão

Os parâmetros genéticos estimados pelo Reml/Blup no estudo de 85 famílias de irmãos-germanos estão apresentados na Tabela 1. Os coeficientes de variação genética indicaram haver variabilidade com possibilidade de seleção para os caracteres número de perfilhos por touceira, massa média de touceira e tonelada de brix por hectare (TBH), pois os valores situaram-se entre 16,04% a 50,11%. Valores acima de 10%, já indicam haver presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção. Exceto para o caráter Brix, esta variação genética foi inferior a este parâmetro (6,38%), sendo que o CVr de 1, 22 indicou que magnitude desta variação foi próxima da variação causada pelo efeito do ambiente (5,21%), o que restringe a seleção com base apenas neste caráter Brix.

Para os caracteres número de perfilhos e brix, a variação genética poder ser explicada principalmente pelo efeito genético aditivo dos parentais utilizados nas hibridações. Para o caráter massa de colmo por touceira e TBH, a variação genética também pode ser explicada devido a variação genética de dominância, sendo que para o caráter TBH este efeito foi de maior importância.

Comparando-se a seleção individual com a seleção de famílias, verifica-se que haveria baixa eficiência seletiva para estes caracteres, pois as suas respectivas herdabilidades foram de baixas magnitudes a nulas, exceto para o caráter brix ($\hat{h}_a^2=0,69\pm 0,05$). Com isso a seleção de famílias seria mais eficiente, com base nestes caracteres de seleção, pois a herdabilidade média da família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2) para os caracteres analisados, variaram de 0,29 para o caráter número de perfilhos a 0,82 para o caráter brix.

Visando identificar famílias promissoras em produção de açúcar por área, verificou-se que para o caráter TBH a seleção entre famílias ($\hat{h}_{mf}^2=0,54$) seria efetiva.

Considerando a importância de selecionar novos genótipos de cana-de-açúcar que tenham maior produtividade de açúcar por área, são apresentados na Tabela 02, os valores genotípicos das 30 melhores famílias, juntamente com o efeito genético aditivo e seus respectivos ganhos genéticos em % dos 30 melhores genitores utilizados no respectivo estudo de famílias. Nota-se que dez (10) famílias apresentaram valores genotípicos superiores a melhor testemunha. Isto indicaria haver grande probabilidade de encontrar novos genótipos promissores em produção de açúcar

por hectare dentro destas melhores famílias. Uma forma de explorar o potencial destas famílias seria realizar o plantio de seedlings em maior número para estas famílias, sendo posteriormente realizada a seleção individual com base nesta característica.

A melhor família foi a 449, que apresentou valor genotípico do cruzamento de 32,89 (TBH), sendo proveniente do cruzamento entre os genitores SP80-1816 (?) e RB825336 (?). Pelos resultados apresentados na Tabela 2, nota-se que genitor SP80-1816 foi o que apresentou o maior efeito genético aditivo e a sua escolha em novos cruzamentos proporcionariam ganho em torno de 10%. Lembrando que de acordo com o presente estudo, poderiam ser explorados ainda, cruzamentos específicos devido ao maior efeito da variação genética de dominância ($\hat{\sigma}_d^2$). Entretanto se fosse utilizado este genitor em policruzamentos, em que não se conhece a origem do genitor masculino, o efeito genético aditivo do genitor SP80-1816 tenderia a ser diferente, pois a sua contribuição nestas cinco melhores famílias foi de origem paterna (?).

Outro genitor que teve grande importância na formação das famílias foi o RB8495, sendo o segundo melhor genitor com ganho genético aditivo próximo de 8%. Este genitor apareceu em quatro das 30 melhores famílias avaliadas, sendo que, em duas vezes apareceu como genitor masculino (?) e nas outras duas como genitor feminino (?).

O estudo de famílias é uma estratégia importante para estimar o efeito genético aditivo dos genitores envolvidos nos cruzamentos. Com isso, genitores promissores em aumentar a produção de açúcar por área podem ser explorados em novas combinações híbridas, visando uma maior probabilidade em identificar genótipos em populações melhoradas para esta característica de produtividade.

Referências

- [1] BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*: Viçosa, v.5, p.443-450, 2005.
- [2] BRESSIANI, J.A. Seleção sequencial em cana-de-açúcar. Piracicaba: 2001. 159p. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de A. gricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.
- [3] RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada. *Embrapa Informação Tecnológica*, Colombo, 2005. 130p
- [4] RESENDE, M.D.V. Genética, biométrica e estatística: no melhoramento de plantas perenes. *Embrapa Informação Tecnológica*, Brasília, 2002. 975p.
- [5] RESENDE, M.D.V. O software Selegen Reml/Blup. *Embrapa Informação Tecnológica*, Colombo, 2002. 67p. (Documentos - 77).