



Seleção de genótipos de amendoim forrageiro para velocidade de estabelecimento utilizando metodologia de modelos mistos¹

Giselle Mariano Lessa de Assis², Judson Ferreira Valentim³, José Marlo Araújo de Azevedo⁴, Aliedson Sampaio Ferreira⁵

¹Projeto parcialmente financiado com recursos do FDCT/FUNTAC.

²Pesquisadora da Embrapa Acre. e-mail: giselle@cpafac.embrapa.br

³Pesquisador da Embrapa Acre. e-mail: judson@cpafac.embrapa.br

⁴Estudante de Engenharia Agrônoma da UFAC. e-mail: m.marlo@yahoo.com.br

⁵Estudante de Engenharia Agrônoma da UFAC. e-mail: aliedson.ferreira@uol.com.br

Resumo: O conhecimento sobre a velocidade de estabelecimento do amendoim forrageiro está restrito a poucos genótipos. Com a ampliação da coleção de germoplasma desta leguminosa, torna-se necessário avaliar geneticamente um maior número de indivíduos. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e selecionar genótipos de amendoim forrageiro para velocidade de estabelecimento. Foi empregada a metodologia de modelos mistos, considerando-se as características cobertura do solo e taxa de acúmulo de matéria seca. Verificou-se presença de variabilidade genética para ambas as características. As herdabilidades individuais no sentido amplo foram de magnitude mediana. A maior variabilidade entre os genótipos para cobertura do solo ocorreu entre a 12^a e a 16^a semana após o plantio. Os genótipos selecionados para velocidade de estabelecimento foram Ap 8, Ap 16, Ap 19, Ap 24, Ap 65, H 9, H 14, Alqueire-1, Amarillo e Belmonte.

Palavras-chave: *Arachis*, BLUP, dados longitudinais, leguminosas forrageiras, REML, seleção

Selection of forage peanut genotypes for speed of establishment using mixed model methodology

Abstract: Knowledge about speed of establishment of forage peanut is restricted to few genotypes. With the expansion of the germplasm collection of this legume, it becomes necessary to evaluate genetically greater number of individuals. The objective of this work was to estimate genetic parameters and to select genotypes of forage peanut for speed of establishment. Mixed model methodology was used, considering the traits ground cover and dry matter accumulation rate. Genetic variability was detected for both traits. Individual broad-sense heritabilities were of medium magnitude. The largest variability among genotypes for ground cover occurred between the 12nd and 16th weeks after planting. The genotypes selected for speed of establishment were Ap 8, Ap 16, Ap 19, Ap 24, Ap 65, H 9, H 14, Alqueire-1, Amarillo and Belmonte.

Keywords: *Arachis*, BLUP, forage legumes, longitudinal data, REML, selection

Introdução

Uma das dificuldades na implantação do amendoim forrageiro em pastagens é o seu lento estabelecimento. No entanto, o conhecimento sobre a velocidade de estabelecimento do amendoim forrageiro está restrito a algumas variedades lançadas e a um número limitado de genótipos avaliados (Perez e Pizarro, 2005; Valentim et al., 2003). Devido ao aumento da coleção de acessos de amendoim forrageiro e à obtenção de híbridos intra e interespecíficos, torna-se necessário avaliar geneticamente tal coleção quanto à velocidade de estabelecimento. Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e selecionar genótipos de amendoim forrageiro para velocidade de estabelecimento, utilizando a metodologia de modelos mistos.

Material e Métodos

Foram avaliados 21 genótipos de amendoim forrageiro, sendo 11 acessos de *Arachis pintoi* (Ap 1, Ap 8, Ap 16, Ap 17, Ap 19, Ap 20, Ap 21, Ap 24, Ap 29, Ap 31 e Ap 65), quatro de *A. repens* (Ar 5, Ar 25, Ar 26 e Ar 27), dois híbridos intraespecíficos de *A. pintoi* (H 11 e H 14), um híbrido interespecífico de *A. pintoi* x *A. repens* (H 9) e três cultivares de *A. pintoi* (Alqueire-1, Amarillo e Belmonte). O experimento foi estabelecido no Campo Experimental da Embrapa Acre em dezembro de 2005, em um Argissolo Vermelho Amarelo com textura média.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições. A seleção para velocidade de estabelecimento foi baseada nos valores genotípicos preditos das características

cobertura do solo (%) e taxa de acúmulo de matéria seca (kg/ha.dia). Os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos pelo método da melhor predição linear não viesada (BLUP), conforme metodologia de modelos mistos (Henderson, 1984). Esta metodologia, inicialmente utilizada na avaliação genética animal, vem despertando o interesse de melhoristas vegetais, principalmente no melhoramento de culturas perenes. Entre outras características, ela permite a avaliação de elevado número de genótipos, pode ser aplicada a dados desbalanceados, considera as diversas medições no mesmo indivíduo ao longo do tempo, além de ser um método ótimo, que minimiza o erro quadrático médio.

A cobertura do solo foi avaliada em intervalos de aproximadamente quatro semanas, obtendo-se 10 medições ao longo do tempo. Em outubro de 2006, foi realizado o primeiro corte para quantificação da matéria seca acumulada no período de estabelecimento, sendo analisada a variável taxa de acúmulo de matéria seca (kg/ha.dia). O seguinte modelo estatístico foi utilizado para cobertura do solo: $y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + m_k + gb_{ij} + gm_{ik} + bm_{jk} + e_{ijk}$, em que μ é a média geral, g_i é o efeito do genótipo i , b_j é o efeito do bloco j , m_k é o efeito da medição k , gb_{ij} é o efeito da interação genótipos x blocos, gm_{ik} é o efeito da interação genótipos x medições, bm_{jk} é o efeito da interação blocos x medições e e_{ijk} é o efeito residual. Para taxa de acúmulo de matéria seca o modelo utilizado não incluiu o efeito de medição e suas interações.

A acurácia seletiva foi estimada para ambas as características. A significância dos componentes de variância foi testada pelo Teste da Razão de Verossimilhança. As análises foram realizadas por meio do programa SELEGEN (Resende, 2002).

Resultados e Discussão

Encontram-se na Tabela 1 as estimativas da média geral, da variância genotípica, da herdabilidade individual no sentido amplo e da acurácia seletiva para as características avaliadas. Verifica-se que a variabilidade genotípica foi significativa para ambas as características, o que viabiliza a seleção de genótipos superiores. As herdabilidades foram de magnitude mediana, o que ressalta a importância de se realizar a seleção dos genótipos com base nos seus valores genotípicos e não nas médias fenotípicas. A acurácia seletiva foi classificada como muito alta (>0,90).

Tabela 1 Média geral, variância genotípica (Vg), herdabilidade individual no sentido amplo (h^2) e acurácia (\hat{r}_{gg}) estimadas para cobertura do solo e taxa de acúmulo de matéria seca (TAMS).

Variável	Média	Vg	h^2	\hat{r}_{gg}
Cobertura do solo (%)	58,13	157,65**	0,36**	0,92
TAMS (kg/ha.dia)	10,30	7,44**	0,58**	0,92

^{ns} e ** - não significativo e significativo a 1% de probabilidade pelo Teste da Razão de Verossimilhança da *deviance*, respectivamente (teste de qui-quadrado, com 1 grau de liberdade).

A metodologia empregada neste estudo permite prever os valores genotípicos para cada uma das medições realizadas, considerando, no entanto, a informação contida em todo o conjunto de dados (Henderson, 1984). Os valores genotípicos somados à média geral ($u+g$) em cada medição para cobertura do solo encontram-se na Figura 1, onde foram incluídos os indivíduos superiores, selecionados com base no BLUP dos valores genotípicos. Verifica-se que a variabilidade dos valores genotípicos se modifica conforme o mês de avaliação. Em janeiro de 2006, praticamente não se observou variação entre os valores genotípicos (desvio-padrão igual a 1%), mostrando que não é possível diferenciar os genótipos em relação à cobertura do solo 4 semanas após o plantio. Nota-se que a maior variabilidade entre os genótipos pode ser detectada na 12ª e 16ª semana após o plantio (março e abril), sendo os desvios-padrão iguais a 16% e 15%, respectivamente. A partir do mês de junho, pouca variabilidade é observada, principalmente ao desconsiderar o acesso Ap 1. Neste período, embora de baixa magnitude, a maior variabilidade ocorreu no mês de agosto, sendo possível identificar em quais genótipos houve menor senescência das folhas em função do déficit hídrico (Ap 19, H 14 e Amarillo).

A utilização do acesso Ap 1 em programas de melhoramento deve ser realizada com cautela, pois apesar do seu rápido estabelecimento e elevado vigor, se mostrou susceptível no primeiro ano de avaliação a uma doença não identificada, que causou redução drástica da cobertura do solo a partir da 28ª semana.

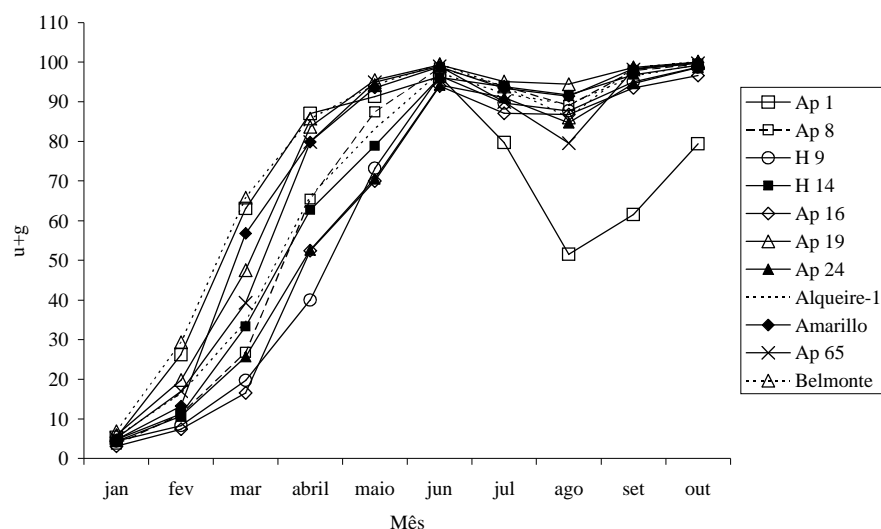


Figura 1 Melhor preditor linear não-viesado (BLUP) dos valores genotípicos somado à média geral ($u+g$) dos genótipos superiores para a característica cobertura do solo, em cada medição.

Em relação à taxa de acúmulo de matéria seca, os genótipos superiores com base nos valores genotípicos foram: Ap 65, Amarillo, Ap 8, Belmonte, Alqueire-1, H 9, Ap 19, H 14, Ap 20, Ap 16 e Ap 24. Verifica-se que o acesso Ap 1 não foi selecionado para esta característica, como era esperado, devido à doença apresentada. Por outro lado, o acesso Ap 20, que não foi selecionado para cobertura do solo, apresentou superioridade genética para taxa de acúmulo de matéria seca.

Nota-se que as três cultivares avaliadas se destacaram nas condições edafoclimáticas do Acre e que nenhum dos quatro acessos de *A. repens* foram selecionados para velocidade de estabelecimento.

Conclusões

Existe variabilidade genética para as características relacionadas à velocidade de estabelecimento de amendoim forrageiro, o que viabiliza a seleção de genótipos superiores.

A maior variabilidade entre os genótipos para cobertura do solo ocorre entre a 12ª e a 16ª semana após o plantio.

Os genótipos selecionados para velocidade de estabelecimento são Ap 8, Ap 16, Ap 19, Ap 24, Ap 65, H 9, H 14, Alqueire-1, Amarillo e Belmonte.

Agradecimentos

À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, por intermédio do pesquisador José Francisco Montenegro Valls, pela disponibilização dos genótipos de amendoim forrageiro utilizados neste estudo.

Literatura citada

- HENDERSON, C. R. **Applications of Linear Models in Animal Breeding**. Guelph, Canada: University Guelph Press, 1984, 423p.
- PEREZ, N.B.; PIZARRO, E.A. Potencial forrajero del género *Arachis* en el trópico americano. In: SEMINARIO MAJO Y UTILIZACIÓN DE PASTOS Y FORRAJES EM LOS SISTEMAS DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 9. **Anais...** San Cristobal, 2005, p.13-29.
- RESENDE, M.D.V. **O software SELEGEN-REML/BLUP: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada**. Colombo, PR: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Florestas, 2002.
- VALENTIM, J.F.; ANDRADE, C.M.S.; MENDONÇA, H.A. et al. Velocidade de estabelecimento de acessos de amendoim forrageiro na Amazônia Ocidental. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.32, n.6, p.1569-1577, 2003.