

Parâmetros genéticos em híbridos interespecíficos de dendê (*Elaeis guineensis* x *Elaeis oleifera*) no primeiro ano de produção.

Rui Alberto Gomes Jr. (Embrapa Amazônia Oriental, ruigomes@cpatu.embrapa.br), Fábio de Lima Gurgel (Embrapa Amazônia Oriental, gurgel@cpatu.embrapa.br), Raimundo Nonato Vieira da Cunha (Embrapa Amazônia Ocidental, raimundo.cunha@embrapa.br), Angela Maria de Sousa (UFRA, agro_angela@yahoo.com.br), Rosa do Anjo Conceição (UFRA, rosadoanoconceicao@hotmail.com), Marcos Deon Vilela de Resende (Embrapa Florestas/UFV, marcos.deon@ufv.br).

Palavras Chave: melhoramento vegetal, híbridos interpopulacionais, BLUP.

1 - Introdução

Os programas de melhoramento genético do dendezeiro têm apresentado excelentes resultados em termos de ganho anual como, por exemplo, o programa de melhoramento do Cirad, do qual são oriundas as cultivares produzidas pela Embrapa, que apresentou um ganho anual de 1,2% até o terceiro ciclo de seleção. Contudo, o ciclo de cada geração no programa de melhoramento é longo, bem como o prazo para lançamentos de novos cultivares¹.

Além disso, as espécies perenes, como o dendezeiro, possuem programas de melhoramento diferenciados devido a vários fatores, como várias colheitas ao longo dos anos e sazonalidade da produção, sendo que nessas condições, o uso de técnicas adequadas de seleção permitiria maximizar os ganhos e direcionar os programas de forma mais eficiente. Sendo assim, o uso de metodologias que aumentem a acurácia do processo seletivo, é de extrema importância. Neste contexto o procedimento ótimo de predição de variáveis aleatórias (valores genéticos) é o BLUP (Best Linear Unbiased Prediction)², o qual assume serem conhecidos os componentes de variância. Na prática, os componentes de variância devem ser estimados com a maior precisão possível, empregando-se o procedimento padrão ao aplicar modelos lineares mistos, que é o da máxima verossimilhança restrita (REML)³. Tal procedimento permite a seleção de indivíduos com os maiores valores genéticos, independentemente de sua procedência, sendo esta a estratégia mais plausível em termos seletivos, em detrimento da seleção de procedências⁴.

No caso do dendezeiro apenas um estudo realizado na Indonésia⁵ foi realizado até o momento de forma a conhecer as estimativas dos parâmetros genéticos dos caracteres de importância para a cultura. As estimativas de parâmetros genéticos e a sua compreensão são importantes no conhecimento da estrutura genética e também na inferência da variabilidade genética presente na população, além de proporcionar subsídios para prever os ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento. Estimativas como a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais para o delineamento das estratégias de melhoramento a serem adotadas⁶.

A Embrapa Amazônia Oriental em parceria com a Marborges Agroindústria S.A. possui experimentos do programa de melhoramento genético de híbridos interespecíficos (HIE), cujos primeiros experimentos foram instalados em 2007 pela Embrapa Amazônia Ocidental. Resultados conclusivos serão obtidos ao final do nono ano da cultura, ou seja, em 2017. Todavia, resultados parciais deverão ser divulgados anualmente, por se tratar de experimentos pioneiros no Brasil e haver grande demanda de informações pela cadeia produtiva da palma de óleo. Estas informações serão analisadas por meio da estimação de parâmetros genéticos utilizando a metodologia BLUP/REML, devido às características do delineamento utilizado, o caráter perene da cultura e avaliação de todas as colheitas que são distribuídas ao longo do ano.

Neste sentido, o presente estudo objetiva estimar os parâmetros genéticos e a variabilidade entre híbridos interespecíficos de palma de óleo em seu estágio inicial de produção de cachos (3º ano após o plantio).

2 – Material e Métodos

O experimento avaliado consiste nos primeiros ensaios de competição de híbridos interespecíficos de Palma de Óleo em área de incidência de Amarelecimento Fatal no Brasil. Foi instalado no ano de 2007 em área de incidência do Amarelecimento Fatal na empresa Marborges Agroindústria S.A., localizada no município de Moju (PA), onde os tratamentos corresponderam a 42 híbridos interespecíficos de dendezeiro (*Elaeis guineensis* x *Elaeis oleifera*) cultivar Manicoré. As sementes híbridas pré-germinadas foram fornecidas pela Embrapa Amazônia Ocidental, provenientes da Estação Experimental do Rio Urubu, localizada em Rio Preto da Eva (AM). O experimento consiste de três ensaios em delineamento de blocos casualizados completos, com 16 tratamentos e 4 repetições cada. Dos 16 tratamentos, três são testemunhas comuns aos três ensaios. A parcela experimental possui 12 plantas, em espaçamento de 9m em disposição triangular, e 7,8m entre linhas. O stand do experimento possui 2.302 plantas. As práticas de manejo, adubação, controle de pragas e doenças, e colheita, são realizadas de acordo com a rotina da empresa. Desde 2009 tem-se realizado anualmente as seguintes avaliações morfológicas: emissão foliar anual (EF), diâmetro do estipe (DE), comprimento da ráquis da folha 17 (CR17) e a área foliar (AF). As avaliações de produção de cachos por planta (PCP) iniciaram-se em 2010, nas quais a cada vinte dias realiza-se uma ronda para colheita dos cachos maduros, que são pesados e registrados também o número de cachos por planta (NCP), a fim de se obter o peso médio de cachos por planta (PMC). As estimativas dos parâmetros genéticos destas variáveis foram obtidas com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP, empregando o software Selegen-Reml/Blup^{7,8}. O modelo estatístico empregado foi o 7 e 148 (avaliação de indivíduos em progênies de irmãos germanos em um local e uma safra, várias repetições e várias observações por parcela), que é dado por $y = Xr + Zg + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados a média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

3 - Resultados e Discussão

Sabe-se que as estimativas e a compreensão dos parâmetros genéticos em híbridos interespecíficos de Palma de Óleo (*Elaeis guineensis* x *Elaeis oleifera*) são importantes para o conhecimento da estrutura genética das populações e na inferência da variabilidade genética presente, além de proporcionar subsídios para prever os ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento dessa cultura⁸. Já se pode observar pela avaliação preliminar de primeiro ano em híbridos interespecíficos de dendê (Tabela 1), que ocorre ampla variabilidade genética para as variáveis morfo-agronômicas analisadas. Por meio dos componentes de variância é possível obter as estimativas de herdabilidade. A herdabilidade no sentido restrito (h^2_a) é mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração⁹. As variáveis PMC (0,50) e PCP (0,68)

apresentaram as maiores h^2_{ad} , refletindo diretamente na herdabilidade aditiva dentro da parcela (h^2_{ad} , 0,38 e 0,55). A herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h^2_g), ou seja, dos efeitos genotípicos totais foi baixa para todas as variáveis analisadas, mas quando analisou-se a herdabilidade da média de progênie ou cruzamento (h^2_{mc}) obteve-se valores de alta magnitude para as variáveis de produção NCP (0,88), PCP (0,90), PMC (0,93) e morfológica EF (0,70). O parâmetro c^2_{parc} (coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas) quantifica a variabilidade dentro dos blocos. Bons experimentos em plantas perenes apresentam valores desse coeficiente em torno de 10% de toda variação fenotípica dentro dos blocos proporcionada pela variação ambiental entre parcelas⁸. As variáveis estudadas apresentaram c^2_{parc} abaixo deste limite, exceto DE (0,15) e AF (0,33). Os coeficientes de determinação para os efeitos da interação (c^2_{int}) também apresentaram valores inferiores a 10%, com exceção para a variável DE (0,40). As estimativas dos coeficientes de variação genotípica (CVgi%) e residual (CVe%) em geral revelaram boa precisão da avaliação genotípica. Deve-se observar contudo que a variável Produção de Cachos por planta (PCP) obteve um maior Cve% (19,72%), indicando grande variação dos dados analisados, devido em parte a variação na sazonalidade de produção existente nas progênies estudadas, utilizando-se dados de apenas um ano de produção. As acurácias na seleção de progênies (acprog) foram altas para as variáveis NCP (0,94), PCP (0,95), PMC (0,97), EF (0,84).

Embora preliminar, com este estudo conclui-se que há variabilidade genética entre as progênies estudadas, o que permitirá estimar futuramente os ganhos de seleção entre estes materiais, bem como a importância dos caracteres estudados como critério de seleção dos materiais promissores.

4 - Agradecimentos

A Marborges Agroindústria S.A.
Ao CNPq pelo suporte financeiro a pesquisa

Tabela 1. Estimativa de parâmetros genéticos e estatística geral das variáveis número de cachos por planta (NCP, n), produção de cachos por planta (PCP, Kg.planta⁻¹. ano⁻¹), peso médio de cachos (PMC, Kg.cacho⁻¹), emissão foliar (EF, n), DE (diâmetro do estipe, cm), comprimento da ráquis da folha 17 (CR17, cm), e área foliar (AF, cm²) em análise de 2.302 plantas de 42 progênies de híbridos interespecíficos de dendê (*Elaeis guineensis* x *Elaeis oleifera*).

Parâmetros	NCP	PCP	PMC	EF	DE	CR17	AF
Vg	3,64	181,84	0,79	4,70	0,47	112,26	218.052,90
Vparc	0,78	41,56	0,10	0,38	6,97	130,68	15.784.101,68
Vbloc	0,47	15,15	0,02	1,09	18,30	170,76	1.258.478,56
Vdentro	14,47	483,73	1,42	14,57	20,49	1048,21	29.869.178,66
Vf	19,36	722,28	2,33	20,75	46,23	1471,08	47.143.102,02
h^2_a	0,38	0,50	0,68	0,45	0,02	0,15	0,01
h^2_{ad}	0,25	0,38	0,55	0,32	0,02	0,11	0,01
h^2_g	0,19	0,25	0,34	0,23	0,01	0,09	0,01
h^2_{mc}	0,88	0,90	0,93	0,70	0,05	0,35	0,02
c^2_{parc}	0,04	0,06	0,04	0,02	0,15	0,09	0,33
c^2_{bloc}	0,02	0,02	0,01	0,05	0,40	0,12	0,03
CVgi%	20,62	29,39	17,95	4,11	1,11	3,43	1,60
CVe%	15,22	19,72	9,51	2,70	4,92	4,64	11,65
acprog	0,94	0,95	0,97	0,84	0,22	0,59	0,14
Média	9,25	45,89	4,94	51,10	61,51	335,48	36.623,18

*Vg: variância genotípica entre progênies de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia; Vparc: variância ambiental entre parcelas; Vbloc: variância ambiental entre blocos; Vdentro: variância residual dentro da parcela; Vf: variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro da parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância; h^2_g : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo; h^2_{mc} : herdabilidade da média de progênie; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c^2_{bloc} : coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; Cve%: coeficiente de variação residual; acprog: acurácia da seleção de progênies; Média: média geral do experimento.

5 - Bibliografia

- WONG, C.K.; R, BERNARDO. Genomewide selection in oil palm: increasing selection gain per unit time and cost with small populations. **Theoretical and Applied Genetics**, n.116, p.815–824, 2008.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 528 p.
- SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.
- RESENDE, M. D. V.; STURION, J. A.; SIMEÃO, R. M. Estratégias para o melhoramento genético da erva-mate. In: CONGRESSO SUL-AMERICANO DA ERVA-MATE, 1.; REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SUL SOBRE A CULTURA DA ERVA-MATE, 2., 1997, Curitiba. **Anais...** Colombo: Embrapa-CNPQ, 1997. p. 243-266. (Embrapa-CNPQ. Documentos, 33).
- PURBA, A.R.; FLORI, A.; BAUDOUIN, L.; HAMON, S. Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis*, Jacq) agronomic performances using the best linear unbiased predictor (BLUP). **Theoretical Applied Genetics**, v.102, p.787-792, 2001.
- LAVIOLA, B.G.; ROSADO, T.B.; BHERING, L.L.; KOBAYASHI, A.K.; RESENDE, M.D.V. Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.45, n.10, p.1117-1123, out. 2010.
- RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, BA, v. 22, n. 11, p. 44-52, 2000
- RESENDE, M.D.V. 2002. **Software Selegen-Reml/Blup**. Embrapa Floresta, Colombo. 67p.
- BORÉM, A. & VIANA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV, 2005. 525p.