



ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE MANDIOCA (*Manihot esculenta* Crantz) EM ENSAIOS CLONAIIS

Juan Paulo Xavier de Freitas¹, Osvaldo Sebastião de Oliveira Filho², Cinara Fernanda Garcia Morales³, Fabiana Aud³, Vanderlei da Silva Santos³ e Eder Jorge de Oliveira⁴

¹Estudante de Doutorado em Ciências Agrárias da *Universidade Federal do Recôncavo da Bahia*. CEP 44380.000, Cruz das Almas, BA. E-mail: juanagronomia@hotmail.com

²Estudante de Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais da *Universidade Federal do Recôncavo da Bahia*. CEP 44380.000, Cruz das Almas, BA. E-mail: osvaldoosof@yahoo.com.br

³Analista da *Embrapa Mandioca e Fruticultura*, CP 007, 44380-000, Cruz das Almas, BA. E-mail: cinara.morales@embrapa.br, fabiana.aud@embrapa.br

⁴Pesquisador da *Embrapa Mandioca e Fruticultura*, CP 007, 44380-000, Cruz das Almas, BA. E-mail: vanderlei.silva-santos@embrapa.br, eder.oliveira@embrapa.br

Introdução

As estimativas de parâmetros genéticos são de grande importância no melhoramento genético da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), porque direcionam a experimentação, o processo seletivo e definição dos métodos de melhoramento a serem utilizados.

A utilização da estimativa de parâmetros genéticos para identificar e selecionar cultivares com características superiores é rotineiramente utilizado em programas de melhoramento genético. Características como produtividade são controladas por muitos genes com forte efeito ambiental, no entanto estimativas precisas dos componentes de variância são importantes para a predição de valores genéticos e para maximizar a acurácia seletiva. Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para diversas características agrônomicas e produtivas em progênies de mandioca em ensaios clonais.

Material e Métodos

Foram avaliadas 230 progênies oriundas de 21 populações segregantes F₁ na fase clonal na área experimental da Aliança Cooperativa do Amido (Laje, BA). Como se trata de geração inicial de melhoramento em que a quantidade de material propagativo é bastante limitada, o experimento foi implantado utilizando parcela com cinco plantas no delineamento em blocos aumentados com dez repetições, sendo 230 tratamentos não comuns e 14 tratamentos comuns (3 clones (9602-02, 9655-02 e 9824-09); 5 variedades

locais: Cascuda, Cigana, Eucalipto, Fécula-Branca e Mani-Branca; e 6 variedades BRS Dourada, BRS Formosa, BRS Gema-Ovo, IAC-90, BRS Jari e BRS Kiriris). O espaçamento utilizado foi de 0,90 x 0,80 m e os tratos culturais realizados de acordo com recomendações da cultura (Souza et al., 2006). A colheita foi realizada aos 9 meses após o plantio.

Os dados avaliados em t.ha⁻¹ foram produtividade de raízes (PROD); peso da parte aérea (PPA); produtividade de amido (PROD-AMD - considerando o teor de amido e a produtividade total de raízes). Também foram avaliados o índice de colheita (IC), que caracteriza a relação entre produção de raízes e a biomassa aérea da mandioca, mensurado em %; altura de plantas (AP), mensurada em m; renda, mensurada pela pesagem em balança hidrostática de 5 kg de raízes frescas submersas em água; teor de matéria seca, em %; teor de matéria seca (MS), em %; teor de amido (AMD), em %. A característica vigor foi avaliada utilizando escala de nota que variou de 1 (desenvolvimento fraco) a 4 (ótimo desenvolvimento).

As doenças avaliadas foram mancha branca (*Passalora manihotis* - PM), cuja escala de notas variou de 0 (sem sintomas) a 6 (desfolha completa da planta), e mancha-parda (*P. henningsii* - PH) e queima das folhas (*P. vicosa* - PV), cuja escala de notas variou de 0 (sem sintomas) a 5 (desfolha completa da planta).

As estimativas de componentes de variância foram obtidas utilizando o seguinte modelo linear misto: $y = Xf + Zg + Wb + e$, em que y , é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos fixos (média geral), g é o vetor dos efeitos genotípicos, b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos, e e é o vetor de erros, ambos assumidos como aleatórios. X , Z e W – são matrizes de incidência conhecidas, as quais associam as incógnitas f , g e b ao vetor de dados y , respectivamente. Todas as estimativas foram obtidas procedimento REML do software *Selegen* (Resende, 2007).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentados os valores de deviance, cujos resultados demonstram a existência de diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado a 5% de probabilidade, para as características analisadas indicando a existência de diferença genética entre as progênies avaliadas.

A média da produtividade de raízes das progênes (PROD) foi de 20,02 t.ha⁻¹ (Tabela 2). Esta produtividade supera em muito a média nacional de 14,61 t.ha⁻¹ (IBGE 2011), principalmente considerando que a colheita foi realizada de forma precoce (9 meses).

Tabela 1. Estimativas de deviance para doze características agrônômicas e produtivas avaliadas em progênes de mandioca.

	PROD		PPA		IC	
Efeito	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)
Genótipo	1961,49	78,65**	2106,90	115,98**	2108,25	147,48**
Modelo completo	2040,14		2222,88		2255,73	
	RENDA		MS		AMD	
Efeito	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)
Genótipo	3387,35	183,69**	888,49	183,57**	888,49	183,57**
Modelo completo	3571,04		1072,06		1072,06	
	PROD-AMD		VIGOR		PM	
Efeito	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)
Genótipo	1032,49	88,63**	-113,99	63,99**	444,85	130,39**
Modelo completo	1121,12		-50,00		575,24	
	PH		PV		AP	
Efeito	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)
Genótipo	-154,80	77,48**	-376,53	46,03**	-425,87	173,46**
Modelo completo	-77,32		-330,50		-252,41	

** altamente significativo a 5 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT(c²): teste de razão de verossimilhança .

Estimativas intermediárias de herdabilidade individual ($h_a^2 > 0,40$) foram observadas para as características PROD, IC, renda, MS, AMD, PM e AP o que evidencia variabilidade passível de seleção nestas progênes para essas características. Por outro lado, baixas estimativas de h_a^2 para as características PPA, PROD-AMD, vigor, PH e PV, evidenciam o grande efeito ambiental no seu controle, o que certamente demandará estratégias mais elaboradas para a seleção de plantas em populações segregantes.

Tabela 2. Estimativas de componentes de variância para características produtivas e de resistência a doenças em progênies de mandioca.

	PROD	PPA	IC	RENDA
σ_g^2	34,69	36,92	66,89	2381,11
σ_b^2	4,01	21,13	37,93	1091,69
σ_e^2	46,84	75,76	57,74	1737,42
h_a^2	0,40 ± 0,09	0,28 ± 0,08	0,41 ± 0,09	0,46 ± 0,10
c_b^2	0,05	0,16	0,04	0,21
h_{gm}^2	0,43	0,33	0,53	0,69
Ac	0,64	0,53	0,64	0,68
\bar{X}	20,02	23,63	46,05	485,50
	MS	AMD	PROD-AMD	VIGOR
σ_g^2	2,73	2,73	2,67	0,09
σ_b^2	1,25	1,25	0,53	0,04
σ_e^2	1,99	1,99	3,81	0,18
h_a^2	0,46 ± 0,10	0,46 ± 0,10	0,38 ± 0,09	0,30 ± 0,08
c_b^2	0,21	0,21	0,08	0,13
h_{gm}^2	0,58	0,58	0,41	0,34
Ac	0,68	0,68	0,62	0,54
\bar{X}	32,18	27,53	5,52	2,23
	PM	PH	PV	AP
σ_g^2	0,84	0,10	0,04	0,07
σ_b^2	0,16	0,05	0,01	0,04
σ_e^2	0,61	0,16	0,10	0,06
h_a^2	0,52 ± 0,11	0,33 ± 0,08	0,25 ± 0,07	0,43 ± 0,10
c_b^2	0,10	0,16	0,07	0,24
h_{gm}^2	0,58	0,39	0,27	0,56
Ac	0,72	0,57	0,50	0,65
\bar{X}	2,53	1,33	1,81	1,74

σ_g^2 , σ_b^2 e σ_e^2 : variância genotípica, variância ambiental entre blocos e variância residual, respectivamente; h_a^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, c_b^2 : coeficiente de determinação de bloco, h_{gm}^2 : herdabilidade média de genótipo, Ac: acurácia da seleção de genótipos, \bar{X} : média geral.

Os desvios padrão para as estimativas de h_a^2 foram relativamente baixos, o que indica boa predição dos valores genéticos. Além disso, a herdabilidade em nível de média de genótipos foi (h_{gm}^2) foi ligeiramente maior do que h_a^2 para todas as características.

A acurácia seletiva variou de 0,50 (PV) a 0,72 (PM), indicando que a predição dos valores genéticos para algumas características em mandioca pode apresentar algum viés. Contudo, nas fases iniciais de seleção é esperado que a acurácia seja baixa da qualidade experimental que é prejudicada em função do baixo número de repetições. Como a acurácia depende da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação e do número de repetições, alterações nestes componentes podem contribuir para melhorar suas estimativas.

Conclusões

As características PROD, IC, renda, MS, AMD, PM e AP apresentam herdabilidade e acurácias intermediária nas progênies avaliadas e, portanto podem ser alvo de seleção nas fases iniciais dos programas de melhoramento de mandioca, sobretudo para descarte dos genótipos de pior performance.

Agradecimentos

Os autores agradecem à CAPES e à Aliança Cooperativa do Amido pelo apoio financeiro e suporte necessário para realização desta pesquisa.

Referências

RESENDE, M.D.V. de. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359p.

SOUZA, L.S., FARIAS, R.N. **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Cruz das Almas – BA. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 817 p., 2006.

IBGE - **Produção Agrícola Municipal, 2011**. Consultado em 01/09/2013.