

Estimativas de Coeficientes de Repetibilidade e Número Mínimo de Medições para Predição do Valor Genético em Pinhão-Manso

Tatiana Barbosa Rosado¹; Alexandre Alonso Alves¹; Bruno Galvêas Laviola¹; Fábio de Lima Gurgel²; Rodrigo Barros Rocha³; Julio Cesar Albrecht⁴; Rhyanne Dias Costa¹; Jaito Zen Costa¹; Elizandro Deutsch Trenhago¹; Flávio Souto de Oliveira¹; Leonardo Lopes Bhering⁵

Resumo

Apesar do crescente interesse no plantio de Pinhão Manso, esforços de melhoramento ainda estão em fase inicial. Neste contexto, um importante recurso foi estabelecido visando embasar trabalhos de melhoramento: a montagem de um banco de germoplasma com cerca de 200 acessos. O objetivo deste estudo foi estimar o coeficiente de repetibilidade de sete características, mensuradas em 110 acessos (famílias de irmãos completos) deste banco de germoplasma em diferentes estágios de desenvolvimento. Os resultados demonstram que maiores valores relativos de variância aditiva foram encontrados apenas para produção e altura, e a existência de baixa variância ambiental (tanto de natureza temporária quanto permanente) entre plantas de um mesmo bloco. Devido aos altos valores de repetibilidade encontrados para todas as características, cerca de três mensurações são necessárias para prever, acurada e eficientemente, o real valor de melhoramento de um dado indivíduo.

Introdução

Apesar do crescente interesse no plantio de *Jatropha curcas*, não existem cultivares comercialmente disponíveis (Carels, 2009) e os esforços de melhoramento ainda estão em fase inicial (Rosado et al., 2010). Nesse contexto, um importante recurso recentemente estabelecido visando futuros trabalhos de melhoramento foi a montagem de um banco de germoplasma com cerca de 200 acessos pela Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). Estes acessos foram coletados em várias regiões do Brasil, cobrindo áreas que vão da região Equatorial do Maranhão (lat 1°49' S) ao sul do estado do Rio Grande do Sul (lat 30° S) (Rosado et al., 2010). Como este conjunto de acessos efetivamente constitui um importante recurso para esforços de melhoramento, que irão provavelmente envolver seleção recorrente de genótipos elite, uma caracterização inicial desses acessos foi realizada analisando-se fenotipicamente numerosas características de interesse (Laviola et al., 2010) e dissecando-se sua diversidade molecular (Rosado et al., 2010). Os resultados de ambos os estudos indicam que, apesar de limitada, existe variabilidade genética disponível para melhoramento no germoplasma atualmente disponível no Brasil. Entretanto, como as análises fenotípicas (e os parâmetros genéticos estimados) foram baseados no primeiro ano de produção (árvores pouco desenvolvidas), existe necessidade de dar continuidade às análises deste mesmo grupo de indivíduos.

Mensurações sequenciais permitem estimar a correlação entre medidas tomadas em um mesmo genótipo em tempos predeterminados (repetibilidade) e verificar se a superioridade inicial de alguns genótipos é mantida ao longo do tempo ou se é devida a condições transitórias do ambiente. A veracidade desta expectativa pode ser medida por meio do coeficiente de repetibilidade de características, uma vez que altos valores de repetibilidade indicam que é possível prever o real valor de melhoramento de um indivíduo baseado em um pequeno número de medições. Na prática, o coeficiente de repetibilidade é utilizado para determinar o número mínimo de múltiplas medições que são necessárias para se realizar a seleção com um dado grau de acurácia e eficiência, assim como custos e esforços mínimos.

O propósito deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos em plantas em desenvolvimento destes mesmos 110 acessos (famílias de meios irmãos), que foram avaliadas anteriormente em estágios iniciais de desenvolvimento. Este trabalho também objetivou estimar coeficientes de repetibilidade para várias características considerando os resultados de duas rodadas de medidas. Os principais objetivos foram determinar (i) os parâmetros genéticos e os coeficientes de repetibilidade de sete características e (ii) o número mínimo de mensurações requeridas para determinar corretamente o real valor de melhoramento de um indivíduo. Em conjunto, estes dados podem fornecer informações fundamentais sobre como os genótipos deste banco de germoplasma podem ser usados com propósito de melhoramento e como proceder uma fenotipagem mais eficiente da população de melhoramento.

¹Embrapa Agroenergia, PqEB, Brasília, DF, 70770-901, Brasil; ²Embrapa Amazônia Oriental, Trav. Dr. Enéas Pinheiro s/n° Caixa Postal 48, Belém, PA, 66095-100, Brasil; ³Embrapa Rondônia, BR 364, Km 5,5, Zona Rural, Porto Velho, RO, 76815-800, Brasil e ⁴Embrapa Cerrados, BR 020 Km 18, Planaltina, DF, 73310-970, Brasil; ⁵Universidade Federal de Viçosa, Av.P.H.Rolphs, Viçosa, MG, 36570-000, Brasil.

Material e Métodos

O experimento foi realizado com 110 acessos do banco de germoplasma de pinhão manso estabelecidos na área experimental da Embrapa Cerrados [Planaltina-DF, Brazil (latitude sul 15° 35' 30" e longitude oeste 47° 42' 30", com 1.007 m de altitude)]. O experimento foi montado utilizando um esquema de blocos casualizados com duas repetições e cinco plantas arranjadas em linhas (espaçamento de 4x2m). As avaliações fenotípicas dos 110 acessos foram realizadas considerando componentes de produtividades, características agrônomicas e descritores específicos, de acordo com o desenvolvimento das plantas (Laviola et al., 2010). O presente trabalho apresenta os dados do segundo ano de produção (Novembro de 2009 a Julho de 2010). Dados do primeiro ano (Novembro de 2008 a Julho de 2009), previamente publicados por Laviola et al. (2010), também foram utilizados para estimar o coeficiente de repetibilidade de características medidas nas duas rodadas de avaliação e do número mínimo de medições necessárias para se determinar corretamente o real valor de melhoramento de um indivíduo. As características que foram avaliadas duas vezes são (i) produtividade de grãos (Prod, g); (ii) número total de ramos por planta (NTR); (iii) altura das plantas (Alt, m); (iv) diâmetro do caule (DC, mm); (v) projeção da copa na linha (PC_{linha}, m); (vi) projeção da copa na entrelinha (PC_{entre}, m); e (vii) volume da copa (VC, m³). O volume da copa foi estimado aproximando-se o volume de um cilindro com base elíptica usando a fórmula descrita por Laviola et al. (2010).

Apesar de pertencerem a diferentes sítios de amostragem, as progênes de meios irmãos foram analisadas conjuntamente como se pertencessem a uma mesma população. A análise dos dados foi realizada por meio do modelo estatístico oito (blocos completos com resultados por indivíduos) do software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007). O modelo genético e as equações de modelos mistas usadas para solucioná-lo estão descritas em detalhes em Resende (2007). Resumidamente, as estimativas de parâmetros genéticos (V_a – variância genética aditiva; V_{par} – variância ambiental entre parcelas; V_p – variância de efeito permanente de parcela; V_e – variância residual (ambiental + não-aditivo); V_f – variância fenotípica individual; h_a^2 – herdabilidade individual no sentido restrito (efeito aditivos); c_{par}^2 – coeficiente de determinação do efeito de parcela e c_p^2 – coeficiente de determinação do efeito permanente) e o coeficiente de repetibilidade individual (r) foram obtidos com base na seguinte equação de modelo misto: $y = X_m + Z_a + W_p + T_s + e$, onde y é o vetor de dados, m é o efeito da combinação mensuração-repetição (assumido como efeito fixo) acrescido da média geral, a é o vetor de efeitos genéticos aditivos individuais (assumido como aleatório), p é o vetor de efeito de parcela (assumido como aleatório), s é o vetor de efeitos permanentes (assumido com aleatório) e e é o vetor de erros ou resíduo (aleatório). Letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos. Também foram calculados: herdabilidades individuais associadas à média de colheita (h_{im}^2); coeficiente de determinação genotípico (R_g^2); acurácia dos valores genético-aditivos preditos com base em m_i ($i=1...10$) medições; juntamente com eficiência dessas m_i medidas quando comparadas com a situação em que apenas uma medida da característica é realizada.

Resultados e Discussão

Os componentes de variância e as estimativas de parâmetros genéticos para sete importantes características estão sumarizados na Tabela 1. Em geral, altos valores de variância genética aditiva foram encontrados para produção e altura, fato que diretamente refletiu em maiores valores de herdabilidade individual em senso restrito (h_a^2) (Tabela 1).

Valores intermediários de variância genética aditiva foram encontrados para DC, PC_{linha}, PC_{entre} e VC. Entretanto, ao se considerar a variável NTR foi verificado que a variância genética é bastante reduzida, indicando que a maior parte da variabilidade é de natureza ambiental. Com base nos resultados aqui apresentados (estimativas de componentes de variância e herdabilidades – Tabela 1), também fica claro que os acessos que compõem este banco de germoplasma possuem variabilidade genética, embora restrita, para todas as características e que essa variabilidade é herdável. Como as estratégias de melhoramento em *J. curcas* provavelmente se basearão em seleção recorrente intra-populacional e multiplicação sexual dos genótipos selecionados (apesar de propagação clonal não ser descartada), a descoberta de elevada variância genética aditiva é encorajadora. Dada a alta magnitude dos valores de variância aditiva para muitas características, pode-se especular que o melhoramento para genótipos altamente produtivos ou para uma dada arquitetura de plantas pode ser facilmente atingível em estágios iniciais do programa de melhoramento.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos, coeficientes de repetibilidade e estatísticas gerais para as sete características avaliadas.

DC	h^2_{im}	0.46	0.54	0.57	0.59	0.60	0.61	0.61	0.62	0.62	0.62
	R^2_g	0.71	0.83	0.88	0.90	0.92	0.93	0.94	0.95	0.95	0.96
	Acurácia	0.68	0.73	0.75	0.77	0.77	0.78	0.78	0.78	0.79	0.79
	Eficiência	1.00	1.08	1.11	1.13	1.14	1.14	1.15	1.15	1.16	1.16
CP _{rinha}	h^2_{im}	0.32	0.39	0.42	0.44	0.45	0.46	0.46	0.47	0.47	0.48
	R^2_g	0.63	0.77	0.83	0.87	0.89	0.91	0.92	0.93	0.93	0.94
	Acurácia	0.56	0.62	0.65	0.66	0.67	0.68	0.68	0.68	0.69	0.69
	Eficiência	1.00	1.10	1.15	1.17	1.18	1.20	1.20	1.21	1.21	1.22
CP _{entre}	h^2_{im}	0.37	0.43	0.45	0.46	0.47	0.48	0.48	0.48	0.49	0.49
	R^2_g	0.73	0.84	0.89	0.91	0.93	0.94	0.94	0.95	0.96	0.96
	Acurácia	0.61	0.65	0.67	0.68	0.69	0.69	0.69	0.69	0.70	0.70
	Eficiência	1.00	1.07	1.10	1.11	1.12	1.13	1.14	1.14	1.14	1.14
VC	h^2_{im}	0.56	0.66	0.70	0.73	0.74	0.75	0.76	0.77	0.77	0.77
	R^2_g	0.68	0.81	0.86	0.89	0.91	0.93	0.93	0.94	0.95	0.95
	Acurácia	0.74	0.81	0.84	0.85	0.86	0.87	0.87	0.87	0.88	0.88
	Eficiência	1.00	1.08	1.12	1.14	1.15	1.16	1.16	1.17	1.17	1.17

No caso do pinhão manso, a acurácia da predição baseada em três medidas (i.e. a correlação entre o valor genotípico predito e valor real do indivíduo) é também elevada (74% em média), indicando que estratégias de seleção devem de fato ser baseadas em três medidas sequenciais. Deve-se também considerar que existe um considerável ganho em eficiência, o que é altamente desejável em qualquer programa de melhoramento.

Até o presente momento, este é o mais representativo estudo de parâmetros genéticos e de coeficientes de repetibilidade de numerosos caracteres no germoplasma cultivado de Pinhão Manso no Brasil. Conjuntamente, estes dados provêm informações fundamentais sobre como genótipos do banco de germoplasma do Brasil podem ser utilizados em estratégias de melhoramento e ainda um modelo eficiente de fenotipagem e seleção da população de melhoramento.

Agradecimentos

A Finep e CNPq pelo financiamento da pesquisa.

Referências

- Carels N. (2009) *Jatropha curcas*: A Review. Adv. Bot. Res. 50:39-86.
- Chia G.S., Lopes R., Cunha R.N.V., Rocha R.N.C., Lopes M.T.G. (2009) Repeatability for bunch production in interspecific hybrids between caiaué and african oil palm. Acta Amazonica 39:249-254.
- Laviola B.G., Rosado T.B., Bhering L.L., Kobayashi A.K., Resende M.D.V. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. Pesquisa Agropecuária Brasileira 45:1117-1123.
- Resende M.D.V. (2007) SELEGEN-REML/BLUP - Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos Embrapa Florestas, Colombo, PR.
- Rosado T.B., Laviola B.G., Faria D.A., Pappas M.R., Bhering L.L., Quirino B., Grattapaglia D. (2010) Molecular Markers Reveal Limited Genetic Diversity in a Large Germplasm Collection of the Biofuel Crop *Jatropha curcas* L. in Brazil. Crop Science 50:2372-2382. DOI: DOI 10.2135/cropsci2010.02.0112.