



USO DE MODELOS MISTOS (REML/BLUP) NA ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA EM GERMOPLASMA DE MANDIOCA (*Manihot esculenta* Crantz)

Eder Jorge de Oliveira¹, Fabiana Aud², Cinara Fernanda Garcia Morales², Vanderlei da Silva Santos¹, Fabiana Kotwiski³, Reizaluomar de Jesus Neves³

¹Pesquisador da *Embrapa Mandioca e Fruticultura*, Caixa Postal 007, 44380-000, Cruz das Almas, BA. E-mail: eder.oliveira@embrapa.br, vanderlei.silva-santos@embrapa.br

²Analista da *Embrapa Mandioca e Fruticultura*, Caixa Postal 007, 44380-000, Cruz das Almas, BA. E-mail: fabiana.aud@embrapa.br, cinara.morales@embrapa.br

³Analista da *Bahiamido*, 44571 970, Laje, BA. E-mail: fabiana@bahiamido.com.br, reiza@bahiamido.com.br

Introdução

As estimativas de parâmetros genéticos são de fundamental importância para os programas de melhoramento de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), uma vez que os melhoristas utilizam estas informações como um indicador da pressão de seleção a ser utilizada em populações segregantes. De modo geral, estes programas de melhoramento têm como objetivo o desenvolvimento de variedades com alto potencial produtivo e alta qualidade de amido. Como a maioria destas características são controladas por muitos genes com forte efeito ambiental, convencionalmente é necessária a realização de extensivas e demoradas avaliações de populações segregantes em condições de campo. Portanto, estimações precisas dos componentes de variância são importantes para a predição de valores genéticos e para maximizar a acurácia da seleção.

Um procedimento com ótimas propriedades de estimação/predição no melhoramento vegetal é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), cujos resultados são muito superiores na estimação dos componentes de variância e predição de valores genéticos em comparação com o método de quadrados mínimos e índice multi-efeitos, respectivamente, quando os dados a serem analisados estão desbalanceados (Resende e Fernandes, 1999). Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar os componentes de variância e herdabilidade para várias características agrônômicas e produtivas em mandioca.

Material e Métodos

O ensaio de campo foi instalado em setembro de 2011 na Cooperativa de Produtores de Amido (Coopamido) no município de Laje (BA). O delineamento experimental foi de

blocos aumentados com 629 acessos de germoplasma de mandioca como tratamentos não comuns e 11 testemunhas como tratamentos comuns, distribuídos em 10 blocos com parcela de 10 plantas. Os acessos são oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizada em Cruz das Almas (BA). O espaçamento utilizado foi de 0,90m entre linhas e 0,80m entre plantas e os tratos culturais foram realizados de acordo com recomendações da cultura (Souza et al., 2006). A colheita foi realizada aos 20 meses de plantio.

Os dados avaliados em $t\cdot ha^{-1}$ foram peso de raízes comerciais (PRC) e não comerciais (PRNC); 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 %.

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 alta variação genética entre os acessos de germoplasma de mandioca.

A produtividade média de raízes comerciais (PRC) foi de $45,03 t\cdot ha^{-1}$ e de raízes não comerciais (PRNC) foi de $9,19 t\cdot ha^{-1}$ (Tabela 2). Considerando a indústria de farinha e amido não consideram o formato e a regularidade das raízes para processamento, temos que a produtividade média dos acessos de germoplasma analisado foi de $54,23 t\cdot ha^{-1}$. Embora a herdabilidade não seja uma propriedade específica do caráter, mas também função da

população em estudo e das condições ambientais a que estão sujeitos os indivíduos que compõem a mesma, comparações com outros trabalhos são inevitáveis. Assim, considerando tempo de colheita similar ao do presente experimento, Sagrilo et al. (2002) observaram produtividade média de raízes de 35,38 t.ha⁻¹, ao avaliarem três cultivares de mandioca. Ainda de acordo com estes autores os valores de IC e PROD-AMD, foram de 54,00% e 11,00 t.ha⁻¹, respectivamente, em avaliações conduzidas aos 21 meses de avaliação no município de Araruna (PR). Mesmo havendo diferenças nas condições climáticas, o que dificulta comparações entre experimentos, elevado potencial para aumento de PRC, IC e PROD-AMD pôde ser encontrado na avaliação do germoplasma de mandioca.

Tabela 1. Estimativas de deviance para nove características agrônômicas e produtivas avaliadas em acessos de germoplasma de mandioca.

Efeito	PRC		PRNC		PPA	
	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)
Genótipo	5518,54	85,05**	3369,53	87,59**	4760,42	213,58**
Modelo completo	5603,59		3457,12		4974	
	IC		AP		Renda	
	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)
Genótipo	4198,25	87,07**	252,21	579,58**	7625,69	155,32**
Modelo completo	4285,32		831,79		7781,01	
	MS		AMD		PROD-AMD	
	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)	Deviance	LRT(c ²)
Genótipo	2562,19	201,18**	2562,19	211,18**	3755,03	73,68**
Modelo completo	2763,37		2763,37		3828,71	

As maiores h_a^2 (>0,54) foram observadas para as características renda, MS e AMD. Por outro lado, para PRNC a h_a^2 foi bastante baixa (0,09), enquanto para AP, PPA, PRC, PROD-AMD, IC, as h_a^2 podem ser consideradas intermediárias com estimativas de 0,19; 0,26; 0,33; 0,33 e 0,36, respectivamente. Estas estimativas de h_a^2 evidenciam o grande efeito ambiental no controle da maioria das características avaliadas, o que certamente demandará estratégias mais elaboradas para a seleção de plantas em populações segregantes. Os desvios padrão para as estimativas de h_a^2 foram relativamente baixos, o que indica boa predição dos

valores genéticos. Por outro lado, a h_{gm}^2 foi superior à h_a^2 para todas as características, indicando que a seleção com base neste critério pode ser mais efetiva.

Tabela 2. Estimativas de componentes de variância para peso de raízes comerciais (PRC) e não comerciais (PRNC); peso da parte aérea (PPA); índice de colheita (IC); altura de plantas (AP); renda e produtividade de amido (PROD-AMD).

	PRC		PRNC		PPA	
σ_g^2	235,679		3,700		81,706	
σ_b^2	59,446		6,198		80,181	
σ_e^2	429,809		30,830		152,076	
h_a^2	0,325	± 0,06	0,091	± 0,03	0,260	± 0,05
c_b^2	0,082		0,152		0,255	
h_{gm}^2	0,354		0,107		0,349	
Ac	0,570		0,301		0,510	
\bar{X}	45,036		9,196		29,875	
	IC		AP		Renda	
σ_g^2	44,956		0,054		8463,143	
σ_b^2	14,457		0,162		1997,040	
σ_e^2	66,271		0,064		4095,823	
h_a^2	0,358	± 0,06	0,193	± 0,05	0,581	± 0,08
c_b^2	0,115		0,579		0,137	
h_{gm}^2	0,404		0,459		0,674	
Ac	0,598		0,440		0,763	
\bar{X}	64,272		2,315		449,648	
	MS		AMD		PROD-AMD	
σ_g^2	8,720		8,720		20,952	
σ_b^2	3,082		3,082		2,842	
σ_e^2	4,152		4,152		39,956	
h_a^2	0,547	± 0,08	0,547	± 0,08	0,329	± 0,06
c_b^2	0,193		0,193		0,045	
h_{gm}^2	0,677		0,677		0,344	
Ac	0,739		0,739		0,573	
\bar{X}	31,263		26,613		14,428	

σ_g^2, σ_b^2 e σ_e^2 : variância genotípica, ambiental entre blocos e 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.

A acurácia que informa sobre o correto ordenamento dos acessos para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico dos acessos foi bastante relacionada com a magnitude da h_a^2 sendo maior que 0,70 apenas para renda, MS e AMD.

Conclusões

As características produtivas mais importantes na cultura da mandioca como PRC e PROD-AMD apresentam baixa herdabilidade, assim: 1) a seleção de plantas em estágios iniciais de melhoramento deve ser evitada; 2) estratégias de melhoramento que levem em consideração a avaliação das progênes antes da seleção para o inter cruzamento deve ser priorizada.

Agradecimentos

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

Referências

RESENDE, M.D.V. de; FERNANDES, J.S.C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v.17, p.89-107, 1999.

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

SAGRILO, E.; VIDIGAL FILHO, P.S.; PEQUENO, M.G.; SCAPIM, C.A.; VIDIGAL, M.C.G.; MAIA, R.R.; KVITSCHAL, M.V. Efeito da época de colheita no crescimento vegetativo, na produtividade e na qualidade de raízes de três cultivares de mandioca. **Bragantia**, v.61, p. 115-125, 2002.

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