

Seleção de Clones de Cana-de-Açúcar na Fase T2 Usando Modelos Mistos

João Carlos Bernaldo F. ¹, Ricardo Augusto de Oliveira ², José Luis Camargo Zambon ³, Edelclaiton Daros ⁴ e Marcos Deon Vilela de Resende ⁵

Introdução

Nos estágios iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar, o melhorista precisa avaliar um grande número de novos genótipos, mas, na maioria das vezes, possui uma quantidade limitada de colmos, inviabilizando a implantação de repetições [1]. Para resolver esse problema, Federer [2] propôs o uso do delineamento em blocos aumentados para o teste de novos clones de cana-de-açúcar. O delineamento em blocos aumentados é caracterizado pela ausência de repetições dos tratamentos principais (clones) e pela presença de testemunhas repetidas (variedades) em todos os blocos.

Os experimentos em blocos aumentados podem ser avaliados pela metodologia tradicional de análise de variância. Entretanto, existe uma série de vantagens no uso de modelos mistos (Reml/Blup) para estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos neste tipo de delineamento e em outros utilizados no melhoramento da cana-de-açúcar: (a) pode ser aplicado a dados desbalanceados; (b) não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; (c) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de vários experimentos, gerando estimativas mais precisas; (d) corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não viciada os valores genotípicos, conduzindo à maximização do ganho genético com seleção [3].

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos usando o procedimento Reml, prever as médias genotípicas de cada clone utilizando o procedimento Blup, e selecionar clones precoces da série RB00 no estado do Paraná na fase T2.

Material e Métodos

O experimento de T2 foi conduzido na Estação Experimental de Paranavaí (SCA/UFPR) com 149 clones selecionados na fase T1 e dois padrões como testemunhas, RB855453 e RB855156. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos aumentados [2]. Cada bloco foi constituído por 18 tratamentos regulares (clones) e dois tratamentos comuns (testemunhas).

A parcela experimental foi composta por duas linhas de cinco metros e as linhas foram espaçadas de 1,4 metros entre si. Os experimentos foram plantados em abril de 2003, colhidos em cana planta em abril de 2004 e colhidos em primeira soca em abril de 2005.

O experimento foi colhido e amostrado por biometria. A massa de dez canas (M10C) foi obtida pela pesagem de uma amostra de dez colmos de cada parcela colhidos aleatoriamente e o número de colmos por parcela (NCP) foi avaliado pela contagem de todos os colmos de cada parcela. O teor de sólidos solúveis (Brix) foi obtido por meio de refratômetro manual com três repetições por parcela. A produtividade de sacarose por parcela foi estimada através do cálculo da produção de sólidos solúveis por parcela em kg foi obtido pela fórmula:

$$KBP = (M10C \times NCP \times Brix) / 1000.$$

O experimento foi analisado via metodologia de modelos lineares mistos (procedimento Reml/Blup), conforme Resende [4]. Os efeitos de blocos e genótipos foram considerados como aleatórios. Dessa forma, os parâmetros genéticos foram estimados via Reml e os valores genotípicos ou médias genotípicas ajustadas dos clones foram preditas pelo procedimento Blup, por meio do software Selegen-Reml/Blup [4].

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico para a avaliação de clones no delineamento de blocos aumentados com uma observação por parcela:

$$y = Xf + Zg + Wb + e, \text{ em que:}$$

1. Primeiro Autor é Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. E-mail: bespa@ufpr.br

2. Segundo Autor é Doutorando do Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal/Agronomia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. Bolsista CAPES. E-mail: rico@ufpr.br

3. Terceiro Autor é Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. E-mail: joseluis@ufpr.br

4. Quarto Autor é Professor Associado do Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, CEP 80035-050. E-mail: ededaros@ufpr.br

5. Quinto Autor é Pesquisador da Embrapa Gado de Corte, BR262, km4, CEP 79.002-970, Campo Grande, MS. E-mail: deon@cnpf.embrapa.br

Apoio financeiro: FUNPAR

y, f, g, b, e = vetores de dados, de efeito fixo (média geral), de efeitos genotípicos de clones (aleatório), de efeitos de blocos (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

X, Z e W = matrizes de incidência para f, g e b, respectivamente.

Resultados e Discussão

A. Componentes de variância

Os coeficientes de variação experimental (CVe) obtidos para M10C (15,14), NCP (12,29), Brix (4,80) e KBP (23,26) (Tabela 1) podem ser considerados baixos e indicam uma boa precisão experimental. O CVe estimado para Brix foi o menor quando comparado com as outras variáveis analisadas, um resultado semelhante ao obtido por Leite *et al.* [5].

Os coeficientes de variação genotípicas apresentaram valores maiores que 10% (26,87, 26,87 a 35,45) para as variáveis M10C, NCP e KBP, confirmando a presença de variabilidade genética para essas características. A presença dessa variabilidade mostra a possibilidade de seleção efetiva dos clones para essas características.

Para a variável Brix, o coeficiente de variação genotípica foi menor que 10% (6,13%), mostrando uma baixa variabilidade genética para essa variável. Isto mostra uma possibilidade restrita para a seleção de clones superiores para essa característica nos materiais avaliados.

B. Herdabilidade no Sentido Amplo e Seleção genotípica

Foi verificada a presença de variabilidade genética significativa entre os clones estudados para as quatro variáveis analisadas, como demonstrado pelas estimativas de herdabilidade e seus erros padrões (h²g). Em comparação com as magnitudes das herdabilidades, os erros padrões foram de pequena magnitude, garantindo que as herdabilidades não iriam alcançar um valor zero pelos limites dos intervalos de confiança, um fato que indicaria ausência de variabilidade genética.

Para a variável M10C, a herdabilidade no sentido amplo foi considerada de alta magnitude (0,70±0,18), indicando grande possibilidade de seleção e apresentando acurácia seletiva dos clones de 87% (Tabela 1). De todos os clones avaliados em T2, 104 clones apresentaram médias genotípicas superiores em M10C, quando comparado com a colocação do melhor padrão, RB855453 (Tabela 2). A seleção dos 20 melhores clones para essa variável resultou num ganho de 44,53% sobre a média geral.

Para o caráter NCP, a herdabilidade no sentido amplo foi considerada de alta magnitude (0,83±0,20), indicando grande possibilidade de seleção e apresentando acurácia seletiva dos clones de 91% (Tabela 1). De todos os clones avaliados em T2, 41 clones apresentaram médias genotípicas superiores em NCP, quando comparado com a colocação do melhor padrão, RB855453 (Tabela 2). A seleção dos 20 melhores clones para essa variável resultou num ganho de 40,81% sobre a média geral.

Para o caráter Brix, a herdabilidade no sentido amplo foi considerada de alta magnitude (0,61±0,17), indicando grande possibilidade de seleção e apresentando acurácia seletiva dos clones de 79% (Tabela 1). De todos os clones avaliados em T2, apenas 2 clones apresentaram médias genotípicas superiores em Brix, quando comparado com a colocação do melhor padrão, RB855156 (Tabela 2). A seleção dos 20 melhores clones para essa variável resultou num ganho de 7,34% sobre a média geral.

Para o caráter KBP, a herdabilidade no sentido amplo foi considerada de alta magnitude (0,66±0,18), indicando grande possibilidade de seleção e apresentando acurácia seletiva dos clones de 84% (Tabela 1). De todos os clones avaliados em T2, 103 clones apresentaram médias genotípicas superiores em KBP, quando comparado com a colocação do melhor padrão, RB855453 (Tabela 2). A seleção dos 20 melhores clones para essa variável resultou num ganho de 55,32% sobre a média geral.

Pode-se concluir que, exceto para o caráter Brix, existe grande variabilidade genética na população de clones avaliada, configurando uma excelente oportunidade para uma seleção precisa.

Além disso, o ranking dos clones baseados nos valores genotípicos preditos para KBP é uma ótima ferramenta para o melhoramento na fase T2. Entretanto, a seleção também deve levar em conta informações sobre suscetibilidade a doenças como ferrugem, carvão, escaldadura e mosaico.

Referências

- [1] SOUZA E.F.M.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P.B. 2006. Designs and model effects definitions in the initial stage of a breeding program. Pesquisa Agropecuária Brasileira, n. 41, p. 369-375.
- [2] FEDERER, W.T. 1956. Augmented (or hoonuiaku) designs. Hawaiian Planters' Record, n. 55, p. 191-208.
- [3] RESENDE, M.D.V., FURLANI-JÚNIOR, E., MORAES, M.L.T.; FAZUOLI, L.C. 2001. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. Bragantia n. 60, p. 185-193.
- [4] RESENDE, M.D.V. 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 975p.
- [5] LEITE, M.S.O.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P.B. 2006. Effects of plot size on the estimation of genetic parameters in sugarcane families. Crop Breeding and Applied Biotechnology, n. 6, p. 40-46.

Tabela 1. Estimativas da variância genotípica entre clones (Vg), variância ambiental entre blocos (Vb), variância ambiental dentro de blocos (Vê), da variância fenotípica (Vf), herdabilidade individual no sentido amplo (h2g), herdabilidade individual no sentido amplo ajustada para os efeitos de bloco (h2gaj), coeficiente de determinação dos efeitos de blocos (c2bloc), coeficiente de variação ambiental (Cve), coeficiente de variação genética (CVgi), coeficiente de variação relativa (CVr), variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV), desvio padrão do erro de predição dos valores genotípicos (SEP), acurácia de seleção de genótipos (Acclon) e média geral para as variáveis peso de dez canas (M10C), número de colmos por parcela (NCP), teor de sólidos solúveis (Brix) e quilos de brix por parcela (KBP) em clones de cana-de-açúcar (série RB00) na Estação Experimental de Paranavaí, estado do Paraná.

Estimativa	M10C	NCP	BRIX	KBP
Vg	11,52	753,43	1,49	82,80
Vbloc	1,39	0,14	0,06	7,61
Ve	3,66	158,81	0,91	35,65
Vf	16,57	912,37	2,46	126,05
h2g	0,70 ± 0,18	0,83 ± 0,20	0,61 ± 0,17	0,66 ± 0,18
c2bloc	0,08	0,00	0,02	0,06
h2gaj	0,76	0,83	0,62	0,70
Acclon	0,87	0,91	0,79	0,84
CVgi%	26,87	26,77	6,13	35,45
CVe%	15,14	12,29	4,80	23,26
CVr	1,77	2,18	1,28	1,52
PEV	2,78	131,16	0,57	24,92
SEP	1,67	11,45	0,75	4,99
Média geral	12,63	102,53	19,91	25,67

Tabela 2. Valores genotípicos para os 20 melhores clones e dois padrões em estudo para as variáveis peso de dez canas (M10C), número de colmos por parcela (NCP), teor de sólidos solúveis (Brix) e quilos de brix por parcela (KBP) em clones de cana-de-açúcar (série RB00) na Estação Experimental de Paranavaí, estado do Paraná.

Clone	M10C	Clone	NCP	Clone	Brix	Clone	KBP
26	21,97	150	183,86	107	22,11	26	47,49
14	20,99	127	178,91	26	21,94	71	44,64
98	20,49	134	173,13	RB855156*	21,85	18	42,85
12	20,23	158	159,08	153	21,77	8	42,74
8	19,93	34	149,16	159	21,77	139	42,03
139	19,86	132	145,88	120	21,57	158	41,13
75	19,47	71	144,21	145	21,56	72	40,72
72	19,16	148	140,09	68	21,47	13	40,46
13	18,71	87	140,07	12	21,34	127	39,95
57	18,70	50	138,42	130	21,32	87	39,18
93	17,46	25	135,94	18	21,30	9	39,07
11	17,35	89	135,94	143	21,15	12	38,42
10	16,74	48	135,12	96	21,12	34	38,40
32	16,65	53	134,29	98	21,12	16	38,32
16	16,59	85	134,29	150	21,11	14	37,69
146	16,54	96	134,29	71	21,05	10	37,58
130	16,36	138	133,49	29	21,03	57	37,58
17	16,29	10	132,65	64	21,01	64	36,73
30	15,90	31	130,16	37	20,98	138	36,54
49	15,82	3	128,52	54	20,96	130	35,77
RB855453*	10,91	RB855453*	114,80	89	20,95	RB855453*	25,22
RB855156*	10,34	RB855156*	97,87	RB855453*	20,14	RB855156*	22,23

* Padrões utilizados no estado do Paraná