



Estimativa da variabilidade de linhas puras em linhaça dourada (*Linum usitatissimum* L.)

Ana Caroline Basniak Konkol^{1*}, Ana Carolina da Costa Lara Fioreze¹, Alison Lucas Garcia¹, Karol Anne Krassmann¹, Clarice Elisabete Antunes¹, Círio Parizotto²

¹Universidade Federal de Santa Catarina, Curitibanos-SC; ²EPAGRI, Campos Novos-SC
* anacarolinebkonkol@gmail.com

RESUMO

A linhaça (*Linum usitatissimum* L.) é uma cultura de inverno, autógama e diploide ($2n = 2x = 30$ cromossomos) pertencente à família Linaceae que apresenta duplo propósito de produção. No Brasil, a linhaça é cultivada através de cultivares estrangeiras. Com o aumento da demanda por grãos no Brasil, e por ser uma alternativa para diversificação de culturas no inverno, nota-se a necessidade de genótipos superiores adaptados às condições edafoclimáticas brasileiras, principalmente para os caracteres de maturação e produtividade. À vista disso, o objetivo do presente estudo foi verificar a presença de variabilidade genética em linhagens de linhaça dourada através das estimativas de herdabilidade dos caracteres. Foi feita a avaliação das progênies selecionadas por meio do método seleção individual com teste de progênies para as características de DPE, DPIF, DPM, NCAPPL, PRODPL, PRODHA no ano de 2018 e 2019. Com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios foram estimadas as variâncias genética, variância ambiental e os coeficientes de herdabilidade através do programa computacional GENES. A partir dos resultados, foi possível verificar a existência de variabilidade genética entre as linhagens de linhaça dourada para caracteres de importância agrônômica, e a superioridade das progênies frente a testemunha.

Palavras-chave: Linhaça dourada; Variabilidade genética; Herdabilidade; Progênies superiores.

INTRODUÇÃO

Espécie originária do Oriente Próximo e regiões da Europa, a linhaça (*Linum usitatissimum* L.) é uma cultura autógama, diploide ($2n = 2x = 30$ cromossomos) que apresenta duplo propósito de produção: óleo e fibra. Sua domesticação foi baseada no uso de fibras, ainda no período neolítico, com posterior utilização do óleo (FU, 2005). Seus derivados demonstram grande importância econômica em diversos setores, como, na indústria de tintas, têxtil e alimentícia (GILL, 1987; SANKARI, 2000). No Brasil, esta cultura foi



CNPq



fapesc
Fundação de Amparo à
Pesquisa e Inovação do
Estado de Santa Catarina



Unifold Software Development



introduzida no século XVII e era produzida em larga escala, com o uso de cultivares nacionais, canadenses e argentinas, pelo Rio Grande do Sul até a quebra causada pela entrada de derivados de petróleo na indústria de tintas. Diante deste cenário, o país perdeu o material genético desenvolvido e não avançou em pesquisas de melhoramento genético para a seleção de cultivares (FLOSS *et al.*, 1983; TOMASINI, 1983).

Atualmente, os produtores de linhaça dourada usam e multiplicam sementes de origem desconhecida com caracteres de maturação e produtividade desuniformes e variáveis, fatores que afetam a lucratividade da cultura e que reduzem a área de produção de linhaça no Brasil. Contudo, tal heterogeneidade das populações de plantas, indica presença de variabilidade genética, o qual pode ser explorada via seleção, através de método utilizado em espécies autógamas como a seleção individual com teste de progênies, o qual já foi utilizado para várias culturas (SANTOS *et al.*, 2002; AMARAL *et al.*, 2019). O método consiste na seleção de plantas individuais, coletando suas progênies, que serão testadas e avaliadas a fim de selecionar as melhores linhas puras (BORÉM, 1996). À vista disso, o objetivo do presente estudo foi verificar a presença de variabilidade genética em linhagens de linhaça dourada através das estimativas de herdabilidade dos caracteres.

MATERIAL E MÉTODOS

No ano de 2017, 113 plantas de linhaça dourada (*Linum usitatissimum* L.) foram selecionadas fenotipicamente em uma lavoura comercial de aproximadamente 10 hectares, no município de Zortéa (SC), e colhidas individualmente. Os produtores utilizam sementes de genótipo oriundo de multiplicação por muitas gerações, não sendo este um genótipo melhorado. Destas 113, 73 foram selecionadas para avaliação em campo no ano de 2018.

No ano de 2018, 73 progênies mais testemunha (população original sem seleção) foram testadas por meio do delineamento blocos casualizados (DBC), com três repetições. A parcela experimental foi composta por uma linha de 1 metro contendo cerca de 100 plantas, e o espaçamento entre linhas foi de 0,34 m. Os tratos culturais como adubação e retirada de





plantas invasoras foi realizado manualmente, conforme a necessidade da cultura. As características avaliadas foram: dias para emergência (DPE), dias para início do florescimento (DPIF), dias para maturação (DPM), número de cápsulas por planta (NCAPPL), produtividade por planta (PRODPL em gramas) e produtividade por hectare (PROSHA, em kg ha^{-1}). A partir dos dados gerados, um ranking de produtividade de grãos e maturação foi utilizado para a seleção das progênies para o próximo teste.

No ano de 2019, 39 progênies mais a testemunha (população original) foram testadas por meio do delineamento blocos casualizados (DBC), com três repetições. O experimento foi conduzido de maneira semelhante ao ano anterior, somente com a inclusão da avaliação de dias para 50% do florescimento (DP50F), dias para fim do florescimento (DPFF) e peso de 1000 sementes (P1000).

A pesquisa nas safras 2018/19 e 2019/20 foram conduzidas na Fazenda Experimental Agropecuária da Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos/SC, a qual está localizada em uma latitude $27^{\circ}16''$ S e longitude $50^{\circ}30''$ O. Os dados obtidos de cada ano de avaliação foram analisados separadamente para análise de variância individual pelo teste $F(p < 0.05)$, testando as fontes de variação de progênies, progênies vs testemunha e bloco. Com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios foram estimadas as variâncias genéticas, variância ambiental e os coeficientes de herdabilidade através do programa computacional GENES (CRUZ, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No ano de 2018 foi possível observar significância pelo teste F ($p < 0,01$) para as características de ciclo (DPE e DPF) e de produção (NCAPPL, PRODPL e PROSHA) tanto para progênies, como progênies x testemunha. No ano de 2019, foi observada significância ($p < 0,01$) para as progênies em caracteres de ciclo (DPIF, DP50F) e de um caráter de produção



CNPq



fapesc
Fundação de Amparo à
Pesquisa e Inovação do
Estado de Santa Catarina



Unfold Software Development



(P1000). Para progênies vs testemunha houve significância para a característica de ciclo DP50F (Tabela 1). Estes resultados indicam a presença de variabilidade genética na população de plantas original e ainda entre as progênies, o que motiva a continuação da seleção. Adicionalmente, a diferença significativa entre progênies e testemunha comprova a eficiência na seleção, e a superioridade das progênies (linhagens).

Tabela 1 – Quadrados médios e parâmetros genéticos para as características avaliadas em progênies de linhaça dourada nos anos de 2018 e 2019, em Curitibanos/SC.

Safra 2018						
Parâmetro	DPE	DPF	DPM	NCAP	PRODPL	PRODHA
Genótipos	35,41**	9,62**	40,91 ^{ns}	434,35**	0,72**	256215,07**
G x test.	0,15**	1,26**	31,28 ^{ns}	66,19**	0,06**	3565,72**
Média	8,23	82,69	146,79	52,90	1,33	848,78
Média test.	8,00	83,33	150,00	57,57	1,19	814,54
CV (%)	6,06	1,16	3,87	29,81	37,66	34,06
σ_f^2	0,16	3,24	13,68	146,49	0,24	86574,69
σ_e^2	0,08	0,30	10,78	82,90	0,08	27866,35
σ_g^2	0,08	2,94	2,90	63,59	0,16	58708,34
h ²	0,49	0,91	0,21	0,43	0,65	0,68

Safra 2019									
Parâmetro	DPE	DPIF	DP50F	DPFF	DPM	NCAP	P1000	PRODPL	PRODHA
Genótipos	1,84 ^{ns}	13,36**	8,03**	64,78 ^{ns}	44,76 ^{ns}	213,47*	0,12**	0,37*	236329,0 ^{ns}
G x test.	2,48 ^{ns}	1,59 ^{ns}	8,20*	11,28 ^{ns}	0,95 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,00 ^{ns}	228010,0 ^{ns}
Média	7,77	90,05	94,03	132,08	166,11	54,29	5,75	2,33	2848,46
Média test.	8,67	89,33	95,67	134,00	166,66	54,17	5,73	2,33	2576,33
CV (%)	16,89	1,22	1,36	5,13	3,89	21,25	2,91	21,01	16,66
σ_f^2	0,60	4,56	2,67	22,07	15,31	73,07	0,04	0,12	78851,30
σ_e^2	0,57	0,40	0,54	15,30	13,95	44,38	0,01	0,08	75095,82
σ_g^2	0,03	4,16	2,13	6,77	1,36	28,69	0,03	0,04	3755,48
h ²	0,06	0,91	0,80	0,31	0,09	0,39	0,78	0,37	0,05

**significativo a 1% de probabilidade, *significativo a 5% de probabilidade e ^{ns} não significativo pelo teste F.



No ano de 2018, as linhagens testadas obtiveram uma redução de quase quatro dias em DPM, na comparação com a testemunha. No ano de 2019, no caso de DPFF, houve redução do ciclo de florescimento em três dias, considerando que o início tardou um dia em comparação à testemunha. A média de PRODHA para as linhagens foi 272,13 kg ha⁻¹ mais elevada que a da testemunha, em 2019, enquanto que em 2018 foi de 34,24 kg ha⁻¹ (Tabela 1).

Os resultados de médias de progênies e testemunha são promissores, considerando que dentre as progênies testadas existem muitas superiores à média. Entretanto, a seleção eficiente se baseia em variância genética, sendo que ao escolher as progênies superiores estejamos selecionando a genética e não ambiente. Nesse sentido, é viável comprovar a variabilidade genética, através do coeficiente de herdabilidade, levando em consideração que esta representa a proporção herdável de uma característica e indica a possibilidade da continuação do processo de seleção (FERREIRA, 2004). Para o ano de 2018, os caracteres que obtiveram maior herdabilidade foram DPIF e PRODPL e PRODHA, variando de 0,65 a 0,91. Já no ano de 2019, os coeficientes de herdabilidade DPIF, DP50F, e P1000 variaram de 0,66 a 0,91. Os caracteres DPM e PRODHA, os quais são objetivos da seleção, demonstraram grande variação de um ano para o outro, passando de 0,21 a 0,09 (2018 e 2019) e de 0,68 a 0,05 (2018 e 2019, respectivamente). Esses resultados refletem a redução na variabilidade genética para estes caracteres em virtude da intensidade de seleção.

CONCLUSÃO

Foi possível verificar a existência de variabilidade genética entre as linhagens de linhaça dourada para caracteres de importância agrônômica, e a superioridade das progênies frente a testemunha.

REFERÊNCIAS

AMARAL, L. O. *et al.* Pure line selection in a heterogeneous soybean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 3, p 277-284, 2019.



CNPq



fapesc
Fundação de Amparo à
Pesquisa e Inovação do
Estado de Santa Catarina





ANDRUSZCZAK, S. *et al.* Yield and quality traits of two linseed (*Linum usitatissimum* L.) cultivars as affected by some agronomic factors. **Plant Soil Environ.**, v. 61, n. 6, p. 247-252, 2015.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 2 ed. Viçosa: Editora UFV, 1998. 453 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa: Editora UFV, 2012, v. 1, 514 p.

FERREIRA, D. F. **Melhoramento de Plantas: Princípios, Bases Genéticas e Procedimentos**. Edufal, Maceió, 2004. 86 p.

FLOSS, E.L. **Linho, cultivo e utilização**. Boletim Técnico n 3- EMBRAPA. Passo Fundo, FAUPF, 1983.

FU, Y. B. Geographic patterns of RAPD variation in cultivated flax. **Crop Sci**, v. 45, p. 1084-1091. 2005.

GILL, K.S. **Flax**. Índia: Indian Council of Agricultural Research, 1987. 386 p.

SANKARI, H.S. Linseed (*Linum usitatissimum* L.) cultivars and breeding lines as stem biomass producers. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.184, p. 225-231, 2000.

SANTOS, P. S. J.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Seleção de linhas puras no feijão 'Carioca'. *Ciência e Agrotecnologia*, edição especial, p. 1492-1498, 2002.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, p. 507-512, 1974.

TOMASINI, R. G. **Linho: resultado de pesquisas**. Passo Fundo: EMBRAPA, 1983. 39 f.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq.

Agradecimentos: EPAGRI.



CNPq



fapesc
Fundação de Amparo à
Pesquisa e Inovação do
Estado de Santa Catarina



COOCAM
Semeando Confiança



Unfold Software Development