



Ciência Rural

ISSN: 0103-8478

cienciarural@mail.ufsm.br

Universidade Federal de Santa Maria
Brasil

Silva, Giovani Olegario da; Silva Pereira, Arione da; Queiroz de Souza, Velci; Félix de Carvalho,
Fernando Irajá; Vieira, Eduardo Alano
Capacidade de combinação multivariada para caracteres de tubérculo em gerações iniciais de seleção
em batata
Ciência Rural, vol. 38, núm. 2, março-abril, 2008, pp. 321-325
Universidade Federal de Santa Maria
Santa Maria, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33138204>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica
Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Capacidade de combinação multivariada para caracteres de tubérculo em gerações iniciais de seleção em batata

Multivariate combining ability for tuber characters in potato early generation selection

Giovani Olegario da Silva^I Arione da Silva Pereira^{II} Velci Queiroz de Souza^{III}
Fernando Irajá Félix de Carvalho^{III} Eduardo Alano Vieira^{IV}

RESUMO

A análise dialélica propicia estimativas de parâmetros úteis à seleção de genitores e ao entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres. O objetivo deste trabalho foi estimar a capacidade geral e específica de combinação multivariada de genótipos de batata em gerações iniciais de seleção. Foram avaliadas 20 famílias clonais de batata (5*4) de nove genótipos, em um esquema dialélico, por duas gerações sucessivas. Os experimentos foram conduzidos na Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, RS (31°S, 52°W), na primavera de 2005 e no outono de 2006. Foram avaliados 14 caracteres morfológicos de tubérculo e selecionados os seis mais estáveis ou que melhor repetiram perante as gerações para outras análises. A análise de variância revelou diferença significativa para todos os caracteres. A análise de variância multivariada dialélica com componentes principais mostrou os genótipos "2CRI-1149-1-78", "Eliza", "C-1786-6-96" e "White Lady" com maior capacidade geral de combinação para os caracteres aparência, aspereza, sobrançelha, apontamento, curvatura e achatamento de tubérculo, contribuindo com efeitos aditivos nos cruzamentos. Os cruzamentos "C-1750-15-95"/"Agria", "C-1786-6-96"/"Asterix" e "Eliza"/"Asterix" destacaram-se em capacidade específica de combinação para sobrançelha, apontamento, curvatura e achatamento de tubérculo, e "2CRI-1149-1-78"/"Vivaldi", "Eliza"/"BP1" e "Eliza"/"Agria", para aparência, aspereza e sobrançelha de tubérculo.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L., análise dialélica, gerações precoces.

ABSTRACT

The diallel analysis provides estimates of useful parameters to parent selection and to the understanding of the

genetic effects involved in a trait control. This research was aimed at estimating multivariate combining ability of potato parents in the initial generations of selection. Twenty potato clonal families (5*4) of nine genotypes in a partial diallel design were evaluated for two successive generations. The experiments were conducted at the Embrapa Clima Temperado, in Pelotas, RS (31° S, 52° W), in the spring of 2005 and autumn of 2006. Fourteen morphological tuber traits were evaluated and the six more stable, or those that were best repeated in the generations were selected for further analysis. The analysis of variance revealed significant differences for all traits. The diallel multivariate analysis, using principal components, showed "2CRI-1149-1-78", "Eliza", "C-1786-6-96" and "White Lady" genotypes with higher general combining ability for tuber appearance, smoothness, eye brown, pointing, curving and flatness, contributing with additive effects for crossings. The "C-1750-15-95"/"Agria", "C-1786-6-96"/"Asterix" and "Eliza"/"Asterix" cross combinations were outstanding for specific combining ability for tuber eye brown, pointing, curving and flatness, and "2CRI-1149-1-78"/"Vivaldi", "Eliza"/"BP1" and "Eliza"/"Agria" for tuber appearance, smoothness and eye brown.

Key words: *Solanum tuberosum* L., diallel analysis, early generations.

INTRODUÇÃO

A elevada heterozigosidade, aliada à herança tetrassômica da batata *Solanum tuberosum* L., dificultam a aplicação de vários modelos biométricos (GOPAL, 1998), uma vez que a teoria genético-biométrica pressupõe herança dissômica e equilíbrio panamítico da população base, da qual os pais ou

^IEmbrapa Hortaliças, BR 060, Km 09, CP 218, 70359-970, Gama, DF, Brasil. E-mail: olegario@cnph.embrapa.br. Autor para correspondência.

^{II}Embrapa Clima Temperado, CP 403, 96001-970, Pelotas, RS, Brasil.

^{III}Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Pelotas (UFPEL), Campus Universitário, s/n, CP 354, 96010-900, Pelotas, RS, Brasil.

^{IV}Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, CP 08223, 73310-970, Planaltina, DF, Brasil.

linhagens endogâmicas são amostradas (BARBOSA & PINTO, 1998). No entanto, em batata, os valores dos genitores e suas habilidades em produzir boas combinações podem ser preditas em gerações iniciais de seleção e incorporados como prática em programas de melhoramento (BROWN & DALE, 1998).

Entre as metodologias de escolha de genitores mais comumente utilizadas inclui-se a dialélica, proposta por GRIFFING (1956), em que são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC). As metodologias de análise dialélica propiciam estimativas de parâmetros úteis à seleção de genitores para hibridação e ao entendimento das ações gênicas envolvidas na determinação dos caracteres (CRUZ & REGAZZI, 1997).

Em relação às análises multivariadas, na obtenção de materiais genéticos superiores, os melhoristas necessitam avaliar vários caracteres para determinar a superioridade relativa dos mesmos. Na aplicação de técnicas biométricas normalmente se utiliza a análise univariada, e a análise dessas variáveis isoladamente pode não ser suficiente para modelar o fenômeno, pois não considera as correlações existentes entre elas. Dessa forma, a utilização da teoria de análise multivariada permite combinar as múltiplas informações obtidas na unidade experimental, facilitando a seleção e possibilitando a discriminação das populações mais promissoras, principalmente no contexto genético (LEDO et al., 2003).

O objetivo deste trabalho foi estimar as capacidades de combinação multivariada de genitores de batata em gerações iniciais de seleção.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos na Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, RS (31°S, 52°W). Foi avaliada uma população híbrida de batata originada de cruzamentos controlados entre nove genitores, que foram escolhidos objetivando cruzamentos contrastantes para os caracteres aferidos. Cada cruzamento originou uma das 20 famílias analisadas na forma de um fatorial de dois grupos de genitores (4*5), com semelhança ao “experimento 2” de Comstock & Robinson, segundo CRUZ & REGAZZI (2001). Os quatro genitores do primeiro grupo foram: “C-1750-15-95”, “2CRI-1149-1-78”, “C-1786-6-96” e “Eliza”; e os cinco genitores do segundo grupo foram as cultivares: “White Lady”, “Asterix”, “BP-1”, “Vivaldi” e “Agria”. As famílias foram avaliadas sem a inclusão dos

genitores, os quais não necessariamente precisam ser incluídos para se fazer boas inferências (TAI & DE JONG, 1991).

Na primavera de 2005, um tubérculo de tamanho mediano de cada genótipo, padronizado para todos os genótipos, foi plantado em campo (primeira geração clonal). Os tubérculos foram distribuídos em blocos ao acaso, com três repetições. A parcela foi composta de uma amostra de 15 tubérculos (genótipos) escolhidos aleatoriamente para representar o cruzamento. O espaçamento foi de 0,30 e 0,80m, entre plantas e entre linhas, respectivamente. A colheita foi efetuada aos 110 dias, quando os tubérculos foram transportados para instalações apropriadas para serem efetuadas as avaliações. Posteriormente, os tubérculos foram armazenados em câmara fria, a 4°C.

No outono de 2006, três tubérculos de tamanho mediano de cada genótipo foram cultivados em campo (segunda geração clonal), constituindo a parcela. O delineamento experimental foi o mesmo utilizado na geração anterior. Após a senescência das plantas, foram efetuadas a colheita e a avaliação dos tubérculos.

Em ambas as gerações, os tubérculos de cada parcela foram avaliados para os seguintes caracteres fenotípicos: rendimento (g); número/planta; peso médio (g planta⁻¹); formato (1- redondo, 5- alongado); uniformidade de formato (1- desuniforme, 5- uniforme); tamanho do maior tubérculo (1- pequeno, 5- grande); uniformidade de tamanho (1- desuniforme, 5- uniforme); aspereza da película (1- reticulada, 5- lisa); profundidade dos olhos (1- profundo, 5- raso); sobrelha (1- extremamente proeminentes, 5- sem sobrelhas); achatamento (1- extremamente achatados, 5- não achatados); curvatura (1- extremamente curvados, 5- não curvados); apontamento (1- extremamente apontados, 5- não apontados) e aparência (1- péssima, 5- excelente). Os seguintes caracteres foram os mais estáveis, por apresentarem valores menos contrastantes nas duas gerações para o coeficiente de variação fenotípico, os valores das médias e as herdabilidades: aspereza da película, sobrelha, achatamento, curvatura, apontamento e aparência de tubérculo. Dessa forma, foram selecionados para serem utilizados nas análises.

Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta, análise de componentes principais e análise dialélica parcial, usando o programa computacional GENES (CRUZ, 2001). A herdabilidade média para as duas gerações foi estimada por meio do quadrado médio esperado pela fórmula:

$$h_a^2 = s_G^2 / s_P^2$$

em que,

$$s_G^2 = QM_G + QM_B - QM_E$$

$$s_P^2 = QM_G + QM_B$$

s_G^2 : Variância genética;

QM_G : quadrado médio de genótipos;

QM_B : quadrado médio de bloco;

QM_E : quadrado médio do erro.

Os caracteres mais importantes na determinação do primeiro e do segundo componente principal foram identificados por meio da correlação entre os componentes principais e a média dos caracteres, utilizando-se o programa SAS Learning Edition (2002). Na análise de variância multivariada dialélica, foram utilizadas as médias ajustadas das tabelas dialélicas e as informações da análise de variância univariada preliminar, com o modelo 4, proposto por GRIFFING (1956), de acordo com metodologia descrita por LEDO et al. (2003). A hipótese de igualdade dos efeitos genéticos da análise dialélica multivariada foi efetuada com o teste de Wilks, usando-se a aproximação F (HARRIS, 1975).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta revelou diferença significativa ($P < 0,05$) entre as famílias para todos os caracteres, evidenciando que foi possível discriminar os genótipos estudados por meio dos caracteres aferidos. A interação família*geração, no entanto, não foi significativa para nenhum dos caracteres (Tabela 1), indicando que, nas sucessivas gerações, as famílias apresentaram comportamentos semelhantes com efeito aditivo de famílias e geração.

As estimativas de herdabilidade foram altas ($H^2 > 0,80$) para os caracteres apontamento, curvatura e achatamento de tubérculo, indicando predominância

de efeitos de ordem genética no controle destes caracteres (Tabela 1), e que a aplicação de seleção poderia trazer ganhos genéticos consideráveis desde as primeiras gerações de cultivo.

A ANOVA da extensão multivariada do modelo de GRIFFING (1956) revelou efeitos significativos com relação à CEC e CGC, para os dois grupos de genitores (Tabela 2), indicando que os caracteres podem ser considerados conjuntamente na análise dialélica (LEDO et al. 2003). Desta forma, foi utilizada a análise multivariada de componentes principais para a análise dialélica parcial, sendo os dois primeiros componentes, componente principal 1 (CP1) e componente principal 2 (CP2), responsáveis por 45 e 35% da variação total, respectivamente, totalizando 80%.

A correlação entre CP1 e CP2 revelou que sobrançelha, apontamento, curvatura e achatamento de tubérculo foram os caracteres de maior influência no CP1, enquanto aparência, aspereza e sobrançelha de tubérculos foram os de maior influência no CP2 (Tabela 3), servindo esta análise de base para a verificação de quais caracteres estão mais relacionados a cada componente.

As CGC e CEC para os dois componentes principais e para os genitores dos grupos 1 e 2 foram significativas, com exceção da CGC para os genitores do grupo 2, em relação ao CP1. Os valores de CGC e CEC indicam que, para o conjunto de caracteres estudados, não houve predominância de ação gênica aditiva ou não aditiva. Isto pode ser explicado pela ação diferenciada para cada caráter. A predominância de CGC ou CEC, para caracteres de tubérculo de batata, depende da população e dos caracteres considerados nos estudos, do desenho experimental e/ou das condições ambientais (KILLICK, 1977; MARIS, 1989).

Para o CP1, “C-1786-6-96” e “Eliza”, foram os genitores que apresentaram as maiores capacidades

Tabela 1 – Graus de liberdade, quadrados médios da análise conjunta da primeira e da segunda geração clonal para caracteres fenotípicos de tubérculos de batata. Pelotas, 2006.

Fonte de variação	GL	Caracteres de tubérculo					
		apar	asper	sobran	apont	curv	achat
Família (F)	19	0,20*	0,61*	0,25*	0,20*	0,09*	0,63*
Geração (Ger)	1	4,49*	12,16*	0,003	0,04	0,02	0,02
F*Ger	19	0,06	0,24	0,07	0,06	0,04	0,15
Resíduo	76	0,07	0,20	0,10	0,03	0,01	0,08
CV(%)	-	11,14	11,05	6,94	3,87	2,40	6,48
H ² (%)	-	64,44	66,97	61,00	82,78	85,50	86,73

*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F.

H²: herdabilidade, Apar: Aparência; Asper: Aspereza; Sobran: Sobrançelha; Apont: Apontamento; Curv: Curvatura; Achat: Achatamento.

Tabela 2 – Resumo de análise de variância multivariada baseada na média da primeira e da segunda geração clonal segundo o modelo 4 de Griffing (1956), de acordo com seis caracteres fenotípicos. Pelotas, 2006.

Fonte de variação	GL	Λ	F
CGC	3	0,00002	243,73*
CGC	4	0,00001	188,28*
CEC	12	0,00001	43,83*
Resíduo	76		

*Significativo a 1% pelo teste F (HARRIS, 1975).

GL: grau de liberdade, Λ : estimativa do valor de Wilks.

de combinação, dentre os genitores do grupo 1. Para CP2, “2CRI-1149-1-78” e “Eliza” apresentaram as maiores CGC no grupo 1, e “White Lady” no grupo 2 (Tabela 4), indicando predominância de efeitos aditivos para a melhoria dos caracteres aparência, aspereza, sobrançelha, apontamento, curvatura e achatamento de tubérculo. Portanto, o desempenho da família pode ser previsto sem a realização dos cruzamentos e avaliação dos híbridos (BARBOSA & PINTO, 1998). Verifica-se que Eliza teve elevada CGC nos dois componentes principais, destacando-a como o melhor genitor do grupo 1.

Para CP1, as combinações de cruzamento de maior CEC foram “C-1750-15-95”/“Agria”, “2CRI-1149-1-78”/“Agria”, “C-1786-6-96”/“Asterix” e “Eliza”/“Asterix” (Tabela 5). No entanto, simplesmente a significância da CEC não é suficiente para recomendar um cruzamento. É necessário que, pelo menos, um dos genitores apresente elevada CGC (CRUZ & REGAZZI, 1997). De acordo com as estimativas de CGC, apenas o cruzamento 2CRI-1149-1-78/“Agria” não teve um de seus componentes com valor alto. Portanto, exceto este cruzamento, todos os demais são recomendados.

Para CP2, os cruzamentos “2CRI-1149-1-78”/“Vivaldi”, “C-1786-6-96”/“Vivaldi”, “Eliza”/“BP1” e

Tabela 3 – Correlação entre caracteres fenotípicos para os dois primeiros componentes principais (CP) da média das duas primeiras gerações clonais de batata. Pelotas, 2006.

Caracter	CP1	CP2
Aparência	-0,03	0,89*
Aspereza	0,19	0,78*
Sobrançelha	0,66*	0,62*
Apontamento	0,90*	-0,28
Curvatura	0,85*	-0,28
Achatamento	0,65*	-0,08

*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t-Student.

Tabela 4 – Capacidade geral de combinação para genótipos de batata para o primeiro (CP1) e o segundo (CP2) componente principal. Pelotas, 2006.

Genótipo	CP1*	CP2*
Grupo 1		
C-1750-15-95	0,44	-1,20
2CRI-1149-1-78	-1,75	0,83
C-1786-6-96	0,67	-0,26
Eliza	0,63	0,64
Grupo 2		
White Lady	0,67	1,22
Asterix	-0,53	-0,24
BP1	0,05	0,43
Vivaldi	-0,39	-0,93
Agria	0,20	-0,48

*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t-Student.

“Eliza”/“Agria” apresentaram as maiores CEC. O único cruzamento que não teve um de seus componentes com elevada CGC foi “C-1786-6-96”/“Vivaldi”.

CONCLUSÕES

Os genótipos “2CRI-1149-1-78”, “Eliza”, “C-1786-6-96” e “White Lady” são genitores com alto

Tabela 5 – Capacidade específica de combinação para os dois primeiros componentes principais (CP), na média da primeira e da segunda geração clonal, em batata. Pelotas, 2006.

Grupo 1	Grupo 2	CP1*	CP2*
C-1750-15-95	White Lady	-0,15	0,10
C-1750-15-95	Asterix	-1,66	0,06
C-1750-15-95	BP1	0,12	-0,15
C-1750-15-95	Vivaldi	0,51	-0,78
C-1750-15-95	Agria	1,19	0,77
2CRI-1149-1-78	White Lady	0,66	-0,16
2CRI-1149-1-78	Asterix	-1,53	-0,48
2CRI-1149-1-78	BP1	-0,04	-0,72
2CRI-1149-1-78	Vivaldi	-0,77	1,11
2CRI-1149-1-78	Agria	1,70	0,26
C-1786-6-96	White Lady	-0,98	0,47
C-1786-6-96	Asterix	1,84	0,08
C-1786-6-96	BP1	-0,09	-0,01
C-1786-6-96	Vivaldi	0,72	1,27
C-1786-6-96	Agria	-1,49	-1,82
Eliza	White Lady	0,48	-0,40
Eliza	Asterix	1,35	0,34
Eliza	BP1	0,02	0,87
Eliza	Vivaldi	-0,45	-1,61
Eliza	Agria	-1,39	0,80

*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t-Student.

potencial para a melhoria conjunta dos caracteres aparência, aspereza, sobrançelha, apontamento, curvatura e achatamento de tubérculo, contribuindo com efeitos aditivos nos cruzamentos.

As melhores combinações específicas de cruzamentos para, principalmente, os caracteres sobrançelha, apontamento, curvatura e achatamento de tubérculo são “C-1750-15-95”/“Agria”, “C-1786-6-96”/“Asterix” e “Eliza”/“Asterix”. Para aparência, aspereza e sobrançelha de tubérculo, as melhores combinações são “2CRI-1149-1-78”/“Vivaldi”, “Eliza”/“BP1” e “Eliza”/“Agria”.

REFERÊNCIAS

- BARBOSA, M.H.P.; PINTO, C.A.B.P. Análise dialélica parcial entre cultivares de batatas nacionais e introduzidas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.3, p.307-320, 1998.
- BROWN, J.; DALE, M.F.D. Identifying superior parents in a potato breeding program using cross prediction techniques. **Euphytica**, Dordrecht, v.104, n.3, p.143-149, 1998.
- CRUZ, C.D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- GOPAL, J. Identification of superior parents and crosses in potato breeding programmes. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.96, n.2, p.287-293, 1998.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Melbourne, v.9, n.3, p.463-493, 1956.
- HARRIS, R.J. **A primer of multivariate statistics**. New York: Academic, 1975. 332p.
- KILLICK, R.J. Genetic analysis of several traits in potatoes by means of a diallel cross. **Annals of Applied Biology**, Warwick, v.86, n.2, p.279-289, 1977.
- LEDO, C.A.S. et al. Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.27, n.6, p.1214-1221, 2003.
- MARIS, B. Analysis of an incomplete diallel cross among three ssp. *tuberosum* varieties and seven long-day adapted ssp. *andigena* clones of the potato (*Solanum tuberosum* L.). **Euphytica**, Dordrecht, v.41, n.1-2, p.163-182, 1989.
- SAS LEARNING EDITION. **Getting started with the SAS learning edition**. Cary, 2002. 200p.
- TAI, G.C.C.; DE JONG, H. Evaluation of potato hybrids obtained from tetraploid-diploid crosses.2. progeny analysis. **Plant Breeding**, Berlin, v.107, n.3, p.183-189, 1991.