

GISLÂYNE MAÍRA PEREIRA DE FARIA

**CONTROLE GENÉTICO DO TEOR DE ÓLEO EM SEMENTES DE
ALGODÃO (*Gossypium spp*)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2012

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

F224c
2012

Faria, Gislâyne Maíra Pereira de, 1984-

Controle genético do teor de óleo em sementes de algodão
(*Gossypium* spp) / Gislâyne Maíra Pereira de Faria. – Viçosa,
MG, 2012.

xi, 61f. : il. ; (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Cosme Damião Cruz.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Algodão - Melhoramento genético. 2. Óleo de algodão.
3. Seleção de plantas - Melhoramento genético. 4. Algodão -
Semente. 5. Óleos vegetais. 6. Genética quantitativa.

I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 633.513

GISLÂYNE MAÍRA PEREIRA DE FARIA

**CONTROLE GENÉTICO DO TEOR DE ÓLEO EM SEMENTES DE
ALGODÃO (*Gossypium spp*)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Aprovada: 9 de agosto de 2012.

Marciane da Silva Oliveira

Luiz Paulo de Carvalho
(Co-orientador)

Cosme Damião Cruz
(Orientador)

À Deus,

*Por sempre tomar conta da minha vida
e iluminar os meus caminhos!*

OFEREÇO

*Aos meus pais, José e Inês,
Aos meus irmãos, Pábulo, Walhas e Dieime
e a minha querida sobrinha, Lorys,
avós, Antônio (in memorian), Francisca, Permínio (in memorian) e
Antônia e familiares,
por todo amor, apoio e confiança.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus, por ter iluminado meu caminho e me abençoado com as graças alcançadas;

Aos meus pais, José e Inês, pelos exemplos de determinação, humildade, carinho, confiança, por quem tenho amor incondicional;

Aos meus irmãos Pábulo, Walhas e Dieime, pelo amor, amizade e incentivo;

A minha querida sobrinha Lorys, por tornar nossas vidas mais alegre;

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade oferecida para a realização deste trabalho;

À Fundação de Amparo a Pesquisa e Extensão em Minas Gerais (FAPEMIG), pela concessão da bolsa de estudo;

Ao Departamento de Genética e Melhoramento, pelo suporte acadêmico;

Ao Professor, Cosme Damião Cruz pela sua orientação, amizade, disponibilidade, dedicação e ensinamento;

Ao Dr. Luiz Paulo de Carvalho pela co-orientação neste trabalho, amizade e pela disponibilidade em participar da banca e por todo conhecimento dividido;

Ao Professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro pela co-orientação neste trabalho, pela confiança e amizade e exemplo transmitido;

A Dra. Marciane da Silva Oliveira pela disponibilidade em participar da banca e por todo conhecimento dividido e pela imensa amizade;

A todos os professores e colegas do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, em especial àqueles que contribuíram de alguma forma para minha formação acadêmica e que contribuem para a qualidade do programa;

Às secretárias do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Edna e Rita, pela amizade, eficiência e disponibilidade em ajudar.

A Embrapa Algodão de Campina Grande, Paraíba, que tanto faz pela sociedade brasileira e pelo apoio à realização deste trabalho de dissertação;

A Embrapa Instrumentação Agropecuária de São Carlos, São Paulo, principalmente ao Doutor Luiz Alberto Conalço, por disponibilizar o seu laboratório, e pela ajuda e ensinamentos durante as análises das sementes a Dra. Lucinéia Vizzotto Marconcini e a estagiária Danielli Cavaretti Golinelli;

Aos amigos, Aninha, Caio, Luiz Fernando, Bruno Brasileiro, Marciane, Camila, Isis, Gustavo, Ronaldo, Afonso, Felipe, Livinha, Vinícius e todos do laboratório de

bioinformática e do Genmelhor pela companhia, carinho e força nessa tão importante etapa da minha vida;

Aos meus amigos que não moram aqui em Viçosa, mas que sempre torceram por mim de longe;

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para meu crescimento profissional e para a realização deste trabalho, deixo aqui o meu sincero

MUITO OBRIGADA!!!

BIOGRAFIA

GISLÂYNE MAÍRA PEREIRA DE FARIA, filha de José Pereira dos Santos e Inês Barbosa de Faria Santos, nasceu em Juiz de Fora, Minas Gerais, em 29 de maio de 1984.

No município de Mercês, Minas Gerais, cursou o ensino Primário e Fundamental na Escola Estadual Sena Figueiredo, de 1991 a 1999. De 2000 a 2002, completou o ensino Médio no Colégio Centro Educacional Mercesano.

Em 2005, iniciou o curso superior na Universidade Federal de Viçosa – UFV, em Viçosa, Minas Gerais, colando grau em Julho de 2010 como Engenheira Agrônoma.

Em agosto de 2010, iniciou o curso de Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da UFV, na área de Melhoramento de Plantas e Genética Quantitativa.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	7
3. OBJETIVO GERAL	11
CAPÍTULO 1: Componentes de médias e variâncias de gerações no estudo do controle genético do teor de óleo do algodoeiro.....	12
1. Resumo	13
2. Introdução	13
3. Objetivos	15
4. Material e Métodos	16
4.1 Escolha dos genitores.....	16
4.2 Obtenção das gerações.....	16
4.3 Análise de teor de óleo.....	17
4.4 Análises de gerações.....	19
4.4.1 Análise baseada nos componentes de variância.....	19
4.4.2 Análise baseada nos componentes de média.....	24
5. Resultados e Discussão	27
6. Conclusões	36
7. Referências Bibliográficas	37
CAPÍTULO 2: Ganhos com a seleção para teor de óleo.....	41
1. Resumo	42
2. Introdução	42
3. Objetivos	45
4. Material e Métodos	45
4.1 Obtenção das gerações segregantes.....	45
4.2 Análise estatística.....	47
5. Resultados e discussão	49
6. Conclusões	56
7. Referências Bibliográficas	56
4. CONCLUSÕES GERAIS	61

RESUMO

FARIA, Gislâyne Maira Pereira de, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2012. **CONTROLE GENÉTICO DO TEOR DE ÓLEO EM SEMENTES DE ALGODÃO (*Gossypium spp.*)**. Orientador: Cosme Damião Cruz. Coorientadores: Luiz Paulo de Carvalho e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

Os objetivos do melhoramento genético do algodoeiro sempre foram direcionados para melhoria na produção e na qualidade da fibra. Atualmente, há necessidade de se identificar alternativas para o uso do petróleo como combustível de motores a diesel. O óleo de algodão tem muitas vantagens nutricionais em relação aos outros óleos e pode-se encontrar inúmeros produtos no mercado. A busca constante por genótipos com alto teor de óleo, sem, contudo perderem as altas produtividades já alcançadas tem sido o objetivo de muitos pesquisadores de algodão nos últimos anos. Um dos objetivos deste trabalho foi analisar a herança genética do teor de óleo do algodoeiro. Para tal, avaliaram-se as populações resultantes do cruzamento CNPAC300/91 (P1) e V3 (P2), os retrocruzamentos autofecundados originados do CNPAC300/91 (P1) e F₁; V3 (P2) e F₁, além das linhagens parentais. Foram utilizados os modelos completo e reduzido, para explicar o comportamento da média das gerações, no caráter em estudo, e estimação dos componentes de variância. O teor de óleo se comportou como um caráter quantitativo. Os progenitores CNPAC 300/91 x V3 não foram tão contrastantes para o teor de óleo, este fato comprometeu as interpretações biométricas, uma vez que pouca variabilidade genética foi expressa. A variância atribuída ao desvio de dominância correspondeu à maior parte da variância genética, no cruzamento, CNPAC 300/91 x V3. O efeito gênico atribuído ao desvio de dominância obteve a maior estimativa e a maior variância, portanto, apresentou-se como o efeito gênico de maior importância. O modelo aditivo-dominante foi satisfatório para explicar o comportamento médio das gerações, no caráter em estudo. A metodologia de análise de gerações mostrou-se de grande valia para o estudo dos principais parâmetros genéticos da cultura do algodoeiro. O outro objetivo foi selecionar genótipos segregantes do algodoeiro na geração F₅ através da estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos como herdabilidade, ganhos com a seleção direta e indireta. Para tal, foram selecionadas no Banco de Germoplasma da Embrapa Algodão com cerca de 300 acessos, três acessos com alto teor de óleo, que são, BRS Aroeira com 25,31%, Acala 1.13-3-1 com 26,71% e 149 FURRS com 26,01%, os quais foram cruzadas com linhagens elite do programa de melhoramento da Embrapa Algodão, realizando no total nove tipos de cruzamentos. As análises foram determinadas desde as sementes F₃, as

quais foram conduzidas até chegar à geração F_5 com 22 linhagens, estas foram avaliadas juntamente com duas testemunhas, a linhagem CNPAC 300/91 e o acesso V3 que possuem o mais baixo e o mais alto teor de óleo, respectivamente. As 22 linhagens foram avaliadas em um ensaio inteiramente ao acaso com 4 repetições; em cada repetição foram feitas três análises do teor de óleo, sendo que para a análise de variância usou-se a média destas três avaliações. Os dados estimados do teor de óleo das gerações em estudos possibilitaram estimar as variâncias fenotípicas, genotípicas, ambiental, herdabilidade pela regressão pai-filho, sendo F_3 (pai) e F_5 (filho), e obtenção do ganho genético. Foi determinado que existe variação genética entre as progênes, portanto, a possibilidade de se obterem ganhos pela seleção entre e dentro de progênes. A geração F_5 é a mais indicada para maximizar o ganho genético por seleção para o caráter teor de óleo em algodão. O ganho genético estimado na geração F_5 correspondeu a 4,98%, superior a geração F_3 denotando que a seleção para o caráter será bem mais eficiente, ao realizar a seleção direta na F_5 . A linhagem CNPA 2011/12 apresenta potencial para ser utilizada como genitor em programas de melhoramento visando melhoria do teor de óleo do algodoeiro.

ABSTRACT

FARIA, Gislâyne Maira Pereira de, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2012. **GENETIC CONTROL OF OIL CONTENT IN COTTON SEEDS (*Gossypium spp*)**. Adviser: Cosme Damião Cruz. Co-advisers: Luiz Paulo de Carvalho and Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The goals of genetic improvement of cotton have always been targeted for improvement in production and fiber quality. Currently, there is need to identify alternatives to the use of oil as fuel for diesel engines. The cottonseed oil has many nutritional advantages over other oils and can be found on the market numerous products. The constant search for genotypes with high oil content, without however losing the high productivity has been already achieved the goal of many researchers in recent years of cotton. One of the objectives of this study was to analyze the genetic inheritance of oil content in cotton. To do this, I evaluated the populations resulting from crosses CNPAC300/91 (P1) and V3 (P2), autofecundados originated from the backcrosses CNPAC300/91 (P1) e F_1 ; V3 (P2) e F_1 , the parental lines. We used the full and reduced models, to explain the behavior of the average generation, character study, and estimation of variance components. The oil content behaved as a quantitative character. Parents CNPAC 300/91 x V3 were not as contrasting to the oil content, this fact committed biometric interpretations, since little genetic variability was expressed. The variance attributed to dominance deviation, accounted for most of the genetic variance at the crossroads, CNPAC 300/91 x V3. The gene effect attributed to the shift of dominance had the highest estimate and the largest variance, therefore, presented itself as a major gene effect. The additive model-dominant was satisfactory to explain the average behavior of generations, the trait studied. The methodology of generations proved invaluable for the study of the main genetic parameters of cotton crops. The other goal was to select genotypes segregating cotton in the F_5 generation by estimating genetic and phenotypic parameters such as heritability, gains from the direct and indirect selection. To this end, the germplasm bank of Embrapa Cotton with 300 hits, three hits were selected with high oil content, which are BRS Aroeira with 25,31%, 26,71% in Acala 1.13-3-1 FURRS and 149 with 1,26% , which were crossed with elite lines from the Breeding Program of Embrapa Cotton, making a total of nine types of crosses. The analyzes were determined from the F_3 seeds, which were conducted until the F_5 generation with 22 lines, are evaluated along with two witnesses, the lineage CNPAC 300/91 and access V3 that have the lowest and the highest oil content, respectively, in the evaluation by Carvalho et al. (2010). The 22 lines were evaluated in

a completely randomized trial with four replications, in each replicate were made three analyzes of the oil content, and for the analysis of variance was used the average of these three assessments. The estimated data of the oil content of the generations of studies allowed to estimate the phenotypic variance, genotypic, environmental, heritability by parent-child regression, and F_3 (father) and F_5 (son), and obtaining genetic gain. It was determined that there is genetic variation among offspring, so the possibility of obtaining gains by selection among and within progenies. The F_5 generation is best to maximize the genetic gain from selection for seed oil content in cotton. The genetic gain estimated in the F_5 generation corresponded to 4.98%, higher than the F_3 generation indicating that selection for the character will be much more efficient to perform the direct selection in F_5 . The line CNPA 2011/12 has the potential to be used as parent in breeding programs aimed at improving the oil content of cotton.

1. INTRODUÇÃO GERAL

As preocupações com o aquecimento global, causado pelas emissões de gases de efeito estufa, e com o ambiente, devido às previsões alarmantes de mudanças climáticas, afetando, sobretudo, a agricultura e inúmeras espécies animais, têm viabilizado o avanço de pesquisas na busca de alternativas para substituir as fontes energéticas não – renováveis, que são na maioria proveniente do petróleo, do carvão e dos gases naturais, estes com possibilidade, ainda neste século, de esgotamento e escassez.

Com o objetivo de substituir os combustíveis derivados do petróleo, tem-se estudado o uso de derivados de óleos vegetais a partir de processos como a transesterificação, a qual é definida como a reação de um triacilglicerol (óleo ou gordura), com um álcool (etanol, metanol, propanol, etc.), catalisada por ácidos, bases ou enzimas, e o craqueamento, que se dá pela ação física do calor, o que dispensa a utilização de catalisadores, produzindo desta forma novos combustíveis, renováveis, denominados bicompostíveis, entre os quais se destaca atualmente o biodiesel (Sartori, et al., 2009).

Os óleos vegetais constituem uma das fontes renováveis mais promissoras para obtenção de combustíveis líquidos e lubrificantes. Além do alto poder calorífico e da elevada viscosidade, esses óleos detêm qualidades comumente não encontradas em outras formas alternativas de combustíveis e lubrificantes, como a ausência de enxofre na mistura de glicerídeos, cuja produção industrial, por outro lado, não gera substâncias danosas ao meio ambiente (Brasil, 1985; Sartori et al., 2009).

No Brasil, as discussões sobre biodiesel têm priorizado as oleaginosas que venham a gerar maior emprego de mão-de-obra e que possam incluir regiões que estão à margem do processo de desenvolvimento econômico. A produção de oleaginosas em lavouras familiares faz com que o biodiesel seja uma alternativa importante para erradicação da miséria no país, pela possibilidade de ocupação de enormes contingentes de pessoas (Amorim, 2005).

A disseminação da produção e uso do biodiesel como substituto do diesel fóssil é um fenômeno global, mas com diferentes motivações. Nos Estados Unidos a principal preocupação é com o estabelecimento de uma matriz energética menos dependente do petróleo importado, especialmente por ter esta *commodity* origem tipicamente em países de baixa estabilidade política. Para os europeus, a motivação principal é garantir a

sustentabilidade ambiental do crescimento econômico, inclusive mediante estabelecimento de metas de substituição de combustíveis fósseis e de redução de emissões (Leão e Hamacher, 2010).

No caso brasileiro a orientação estratégica foi pela estruturação de suprimento a partir de oleaginosas produzidas pela agricultura familiar, promovendo transferência de renda e geração de empregos no campo. Os benefícios sociais são, portanto, vantagens essenciais da adoção do biodiesel como combustível e se definem como um dos pilares motivacionais para a implantação e a continuidade do programa. Estudos mostram que cada 1% de substituição de diesel fóssil por biodiesel promove a geração de 45.000 empregos no campo, com renda média anual de US\$ 2.800,00 (Holanda, 2004).

No Brasil, com o desenvolvimento do Plano Nacional de Produção e Uso do Biodiesel (PNPB) e a obrigatoriedade da sua adição de 5% ao diesel mineral desde janeiro de 2008, o que representa um consumo anual de biodiesel de aproximadamente 2,25 milhões de metros cúbicos, fez com que uma nova cadeia produtiva surgisse no país (Hubner, 2007, p. A10; Lima Júnior, 2008; ANP, 2012).

O Brasil se apresenta para o século XXI como um dos principais celeiros de produção, face a outras nações do globo (Neves, 2007), possuindo alguns elementos chave para o desenvolvimento promissor dessa nova modalidade de energia (Lima Júnior, 2008), que é favorecido pelas suas excelentes condições edafoclimáticas e sua grande extensão territorial, tornando o país, em destaque no cenário mundial.

O PNPB propõe a produção de biodiesel a partir de diferentes matérias primas, dentre as principais oleaginosas o algodão preenche satisfatoriamente todos os requisitos-bases, pois fixa o produtor ao campo, é produtiva em termos de biomassa energética e ambientalmente renovável (Ramos et al., 2006; Ramos, 2008) , uma vez que todas as partes da planta podem ser aproveitadas, desde a fibra até os restos culturais, principalmente por não afetar a produção de alimentos para o homem.

O algodoeiro é uma dicotiledônea, da família das Malváceas. Segundo Fryxel et al. (1984), o gênero *Gossypium*, ao qual pertence, existem 52 espécies pertencentes a esse gênero; é composto de 35 espécies diplóides ($2n=2x=26$ cromossomos) e seis espécies alotetraplóides ($2n=4x=52$ cromossomos), o restante é de espécies selvagens e espécies cultivadas e espécies produtoras e não produtoras de fibra fiável. O algodão (*Gossypium hirsutum* L.r. *latifolium* huteh.) é a espécie mais cultivada entre as demais do gênero *Gossypium*, conhecida como algodoeiro Upland no hemisfério norte e no Brasil como “herbáceo” ou “anual” (Borém, 2005). Cerca de 90% da produção mundial

de algodão é devida a esta espécie alotetraplóide, segundo Cotton World Market and Trade (2011).

Considerando todos os gêneros e espécies de algodão englobado nas estatísticas do ICAC (International Cotton Advisory Committee), publicadas em 2011, a produção mundial de algodão situou-se em torno de 25 milhões de toneladas, ocupando uma área de 33 milhões de hectares. Os principais países produtores de algodão respondem por cerca de 80% da produção mundial. O Brasil está entre os cinco maiores produtores do mundo de algodão, com produção média anual de 5,0 milhões de toneladas em caroço (IBGE, 2011). Segundo dados da Confederação da Agricultura e Pecuária do Brasil (CNA), o algodão teve um faturamento 54,8% maior na safra de 2010/2011, chegando à marca de R\$ 4,6 bilhões. A área de plantio da safra 2010/2011 foi de 1,4 milhões de hectares, contra apenas 835,7 mil hectares em 2009/10, conforme informações da Companhia Nacional de Abastecimento (Conab, 2011). De acordo com AgraFNP, a produtividade média brasileira de algodão em caroço no ciclo 2010/2011 foi de 3,9 toneladas por hectare, aumento de 7,4% em relação à safra de 2009/2010. Além do fator clima, contribui para o incremento de produtividade o pacote tecnológico aplicado pelos agricultores das diversas regiões do país teve uma grande contribuição.

Atualmente a produção de algodão no Brasil ocorre predominantemente em três estados, Mato Grosso, Bahia e Goiás. O principal produtor é o estado de Mato Grosso, que colheu 1.983,9 milhão de toneladas na safra 2010/2011, que representa 53,5% da produção nacional, cuja média de produtividade foi de 3.900 kg/ha, ocupando uma área de quase 700,0 mil hectares. Seguido da Bahia, segundo produtor nacional, teve uma produção de 1, 511 milhão de toneladas, cuja média de produtividade foi de 3.866 kg/ha, ocupando uma área de 387,5 mil hectares, enquanto Goiás teve uma produção de 268,1 mil toneladas, cuja média de produtividade foi de 4.170 kg/ha, ocupando uma área de 72 mil hectares (Conab, 2011).

No Brasil, o algodão representa, economicamente, uma das mais importantes culturas cultivadas. Dentro das oleaginosas é a quarta mais cultivada no mundo, para os brasileiros, é a segunda maior, perdendo apenas para a soja. A principal produção do algodoeiro é o fruto e sua massa é composta pelas sementes (52%), fibras (40%) e demais estruturas botânicas (8%). As sementes contem aproximadamente 18% a 25% de óleo, 3% de fibras, 20% a 25% de proteínas e 42% de tegumentos (Embrapa, 2003).

O óleo de algodão é extraído da semente que também é conhecida como caroço do algodão. Ele é obtido após ter a remoção da pluma da semente, este caroço do

algodão é aberto, liberando o grão, que é esmagado para a extração do óleo, processo feito por prensagem hidráulica ou usando extratores químicos.

O óleo de algodão possui uma coloração escura, provocada por pigmentos que acompanham o gossipol no interior das glândulas distribuídas nos cotilédones e hipocótilo. A presença desses compostos leva à necessidade de se proceder ao refinamento do óleo para eliminação através do calor, uma vez que os mesmos são termolábeis e durante o refino são destruídos (Embrapa, 2003). Já existe hoje cultivares no mercado que não possui o gossipol em sua composição, o que permite uma maior facilidade durante o processo de obtenção do óleo de algodão.

O óleo de algodão contém uma mistura de ácidos graxos saturados e insaturados, sendo seu principal componente o ácido linoléico (58%), ácido palmítico (26%), ácido oléico (15%) e 1 % de outros ácidos (Liu et al., 2002; GBC internacional, 2011). Trata-se do óleo vegetal mais antigo produzido industrialmente, tendo sido consumido em larga escala no Brasil, até a década de 50, e reduzido com o aumento da produção de soja, o óleo de algodão está voltando ao consumo do brasileiro, seja através da utilização em lavouras para evitar a proliferação de pragas, o que favorece o meio ambiente, porque é natural e não polui, quanto na alimentação humana e animal.

Entre as diversas vantagens nutricionais apresentadas pelo óleo de algodão, pode-se destacar que é rico em vitamina E (antioxidante natural que auxilia no combate aos radicais livres); fonte equilibrada de ômega 3 e ômega 6 e livre de gorduras trans. Esses benefícios são mantidos mesmo após o aquecimento durante o processo de fritura, o que não acontece com os outros óleos vegetais. Além disso, apresenta um rendimento superior aos outros e também maior resistência à oxidação, o que permite uma mesma utilização por mais vezes com boa qualidade e características sensoriais. Na comparação com o óleo de soja, o de algodão tem um rendimento de duas até quatro vezes superiores e, em relação às gorduras hidrogenadas, pode chegar até 30% de rendimento, isso porque o óleo de algodão tem cadeia molecular maior ao ser comparado os outros óleos vegetais que geram baixa absorção (Abapa, 2011).

Os objetivos do melhoramento genético do algodoeiro realizado nas diversas partes do mundo sempre foram direcionados para a produção e qualidade da fibra, mas com a demanda crescente por biodiesel, os pesquisadores estão focando em obter novas cultivares com alto teor de óleo e também aumentar o teor de óleo nas cultivares já existente. O teor de óleo do algodão há algumas décadas, situava-se em torno de 15%, mas, com o melhoramento genético, este valor vem aumentando (Freire et al., 2009). Já existe cultivares com mais de 27% de teor de óleo, e estas adaptadas a várias regiões do

Brasil, o que torna a cultura do algodão, uma das melhores opções para produção de biodiesel.

Segundo Cruz e Regazzi (1997) e Borém (2005), para o desenvolvimento de um programa de melhoramento genético, com ações de curto, médio e longo prazos, a avaliação da natureza e magnitude dos efeitos gênicos que controlam um determinado caráter é de reconhecida importância no processo de seleção e predição do comportamento de gerações híbridas e segregantes.

De maneira geral, nos estudos genéticos de gerações têm sido adotadas duas linhas básicas de investigação: a primeira relacionada com a quantificação da magnitude e natureza da variabilidade genética disponível na população segregante, e a segunda com a avaliação da importância relativa dos efeitos gênicos que constituem as médias das populações estudadas (Cruz et al., 2004).

Um delineamento genético muito utilizado para avaliar simultaneamente várias gerações ou populações, incluindo genitores, híbridos (F_1) e gerações segregantes, como as populações F_3 e as derivadas de retrocruzamentos é a análise de gerações (Cruz, 2012; Cruz e Regazzi, 1997). Esta metodologia permite estimar parâmetros genéticos baseados nas médias e variâncias, e é de grande importância pela complementaridade das informações, provendo conhecimento mais profundo do fenômeno estudado.

Tanto nas médias quanto nas variâncias é importante reconhecer que proporção da estimativa obtida tem causa genética e não-genética; esta última, na maioria das vezes, atua contra os interesses do melhorista. Ainda é importante identificar na fração genética quais as proporções que podem ser atribuídas a fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos (Cruz et al., 2004).

De acordo com Falconer (1981) para caracteres quantitativos, as questões primárias da genética são formuladas em termos de variância. Para Ramalho et al. (1993) a variância é preferida em relação a média, porque em algumas situações pode não representar o que realmente está acontecendo, além de proporcionar estimativas de herdabilidade e predições de ganhos esperados com a seleção, o que não é possível com as médias.

O conhecimento da herança dos caracteres de interesse é essencial para programas de melhoramento genético. Entretanto, a herança é altamente influenciada pelo ambiente e pela constituição genotípica da população e, assim, o acúmulo de informações é de grande importância para um melhor conhecimento das heranças dos caracteres (Castro, 2008).

O conhecimento da variabilidade existente nas populações e, mais ainda, quanto dessa variabilidade é devido às diferenças genéticas é de fundamental importância em qualquer programa de melhoramento, pois permite estimar parâmetros genéticos de muita utilidade para os melhoristas (Matos Filho, 2006)

Pela sua importância, a herdabilidade deve ser conhecida para a condução de um programa de melhoramento, e muitas decisões práticas são tomadas em função de sua magnitude (Fehr, 1987; Ramalho et al., 1993). Segundo Ramalho et al., 1993 é um parâmetro que permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção fenotípica que pode ser herdada. Quando a herdabilidade é alta, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Por outro lado, sendo o seu valor baixo, a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose, consequência da autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (Robison, 1963; Fehr, 1987; Falconer & Mackay, 1996; Silveira, 2007).

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABAPA (Associação Baiana dos Produtores de Algodão). Produção de algodão será recorde em 2011. Disponível em: < <http://www.abapaba.org.br/noticia/3459>> Acesso em: 9 de março 2012.

AgraFNP (Informa economics). Publicação em 2012. Disponível em: <<http://www.informaecon-fnp.com>> Acesso em: 10 de março 2012.

AMORIM, P. Q. R. Perspectiva histórica da cadeia da mamona e a introdução da produção de biodiesel no semi-árido brasileiro sob o enfoque da teoria dos custos de transação. Monografia apresentada à Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo. Piracicaba – SP, 2005.

ANP (Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Bicomcombustível) (2012) Boletim Mensal de Biodiesel, Março.

BORÉM, A. Melhoramento espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 2 ° Ed., 969p. 2005.

BRASIL. Ministério da Indústria e Comércio. Secretaria de Tecnologia Industrial. Coordenadoria de Informações Tecnológicas. Produção de combustíveis líquidos a partir de óleos vegetais. Brasília, DF, 1985. 364 p.

CASTRO, L. P. Herança da produção de grãos e dos componentes de produção de soja. 2008. 44 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Planta). Escola Superior Luiz de Queiroz (Esalq/USP), SP.

CNA (Confederação Nacional de Agricultura). Disponível em:< <http://www.cna.org.br>. Acesso em: 10 de março 2012.

CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). Acompanhamento da safra brasileira: Safra 2010/2011, Terceiro Levantamento dezembro/ 2011. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11_12_08_10_58_12_08.pdf> Acesso em: 11 de março 2012.

CRUZ, C. D. Princípios de Genética Quantitativa. Editora UFV. Viçosa (MG). 2º reimpressão. 394p. 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genéticos. Viçosa. UFV, 1997, 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético (volume 1). 3ª Ed. Viçosa: UFV. 2004. p.171-193.

EMBRAPA (Empresa Brasileira de pesquisa agropecuária). Cultura do Algodão Herbáceo na Agricultura Familiar. <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Algodao/AlgodaoAgriculturaFamiliar/subprodutos.htm>. Embrapa, jan. 2003. Acesso em: 12 de março 2012.

FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Trad. SILVA, M. A.; SILVA, J. C., Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ. 1981, 279p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. New York: Longman, 1996. 464p.

FEHR, W.R. Principles of cultivar development. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

FREIRE, R. M. M.; CARVALHO, L. P.; SILVA, C. M.; LIMA, M. M. A.; SANTOS, J. W.; FIRMINO, P. T. Avaliação de novos genótipos de algodão colorido quanto ao teor de óleo na semente. In: 7º Congresso Brasileiro de Algodão, 2009, Foz do Iguaçu. Sustentabilidade da cotonicultura brasileira e Expansão dos mercados: anais. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2009. p. 1472-1476.

FRYXEL, P. A.; KOHEL, R. J.; LEWIS, C. F. Cotton as a world crop. In: Cotton. Wisconsin: American Society of Agronomy, 1984. 605 p.

GBC Internacional. Óleo de Algodão. Disponível em: http://www.gbcinternacional.com/site/index.php?option=com_content&view=article&id=72%3Aoleo-de-algodao&catid=36&Itemid=66, Acesso em: 13 de março 2012.

HOLANDA, A. Biodiesel e inclusão social. Brasília, 2004. NBB (National Biodiesel Board). Benefits of Biodiesel. Disponível em: <<http://www.biodiesel.org/resources/fuelfactsheets>> Acesso em: 22 de novembro de 2011.

HUBNER, N. Biodiesel, o novo combustível para o Brasil. Valor econômico. São Paulo, 26 de março de 2012. Opinião, A10.

ICAC (International Cotton Advisory Committee). Estatísticas 2011. Disponível em: <http://www.icac.org/cotton_info/publications/press/2011/pr_april_2011.pdf> Acesso em: 06 de março 2012.

IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística). Censo Agropecuário 2011. http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa_201202.pdf. Acesso em: 10 de março 2012.

LEÃO, R. C.; HAMACHER, S. Biodiesel e agricultura familiar: um modelo para otimização da cadeia de suprimento. Rio Oil & Gas Expo and Conference 2010.

LIMA JÚNIOR, J. C. Condicionantes da viabilidade de produção do biodiesel a partir do dendê e do pinhão-manso no semi-árido Brasileiro. 2008.164 p. Dissertação (Mestrado em Administração de Organizações). Faculdade de Economia, Administração e Contabilidade, Ribeirão Preto/USP, SP.

LIU Q, SINGH S, GREEN A. High-stearic and high-oleic cottonseed oils produced by hairpin RNA-mediated post transcriptional gene silencing. *Plant Physiology.*, 2002. 129: 1732–1743.

MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento). http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/file/Ministerio/gestao/projecao, Acesso em: 8 de março 2012.

MATOS FILHO, C. H. A. Análise genética de caracteres relacionados à arquitetura de planta em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). 2006. 56 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal). Universidade Federal do Piauí- UFPI, Teresina.

NEVES, M. F. (Coord.). Agronegócios e desenvolvimento sustentável. Uma agenda para a liderança mundial na produção de alimentos e bioenergia. São Paulo: Atlas, 2007.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Editora UFG, Goiânia, 1993. 271p.

RAMOS, A. M. Comportamento morfológico e genético de cultivares de mamoneira em condições de baixas altitudes nos tabuleiros costeiros de Sergipe. 2008. 55 p. Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas). Universidade Federal de Sergipe, Sergipe, SE.

RAMOS, N. P.; AMORIM, E. P.; SAVY FILHO, A. Potencial da cultura da mamona como fonte de matéria-prima para o Programa Nacional de Produção e Uso do Biocombustível. In: CÂMARA, G.M.S; HEIFFIG, L. S. Agronegócio de plantas oleaginosas: matérias-primas para biodiesel. Piracicaba: ESALQ/USP/LPV, 2006.p 81-104.

ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. Statistical genetics and plant breeding. Washington: NAS-NCR, 1963, p.609-614.

SARTORI, M. A.; PEREZ, R.; JÚNIOR, A. G. S.; MACHADO, S. R. S.; SANTOS, M. M. S.; MIRANDA, C. A. C. Análise de arranjos para extração de óleos vegetais e suprimento de usina de biodiesel. Rev. Econ. Social. Rural vol. 47 no. 2 Brasília Apr./June 2009.

SILVEIRA, G. D. Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja. 2007. 45 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Planta). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Câmpus de Jaboticabal, SP.

USDA (United States Department of Agriculture). Estatísticas 2011. <<http://www.fas.usda.gov/psdonline/psdHome.aspx>> Acesso em: 11 de março 2011.

3. OBJETIVO GERAL

Analisar a herança do caráter teor de óleo oriundas de seis populações segregantes do algodoeiro, verificar a variabilidade genética e determinar o ganho genético com a seleção em cruzamentos promissores para a extração de linhagens superiores.

CAPÍTULO 1

COMPONENTES DE MÉDIAS E DE VARIÂNCIAS DE GERAÇÕES NO ESTUDO DO CONTROLE GENÉTICO DO TEOR DE ÓLEO DO ALGODOEIRO

COMPONENTES DE MÉDIAS E DE VARIÂNCIAS DE GERAÇÕES NO ESTUDO DO CONTROLE GENÉTICO DO TEOR DE ÓLEO DO ALGODOEIRO

1. Resumo

O objetivo deste trabalho foi analisar a herança genética do teor de óleo do algodoeiro. Para tal, avaliaram as populações resultantes do cruzamento CNPAC300/91 (P_1) e V3 (P_2), os retrocruzamentos autofecundados originados do CNPAC300/91 (P_1) e F_1 ; V3 (P_2) e F_1 , além das linhagens parentais, na área experimental da Embrapa Algodão, em Campina Grande, PB, no ano de 2010. Foram avaliados os modelos completo e reduzido, para explicar o comportamento da média das gerações, no caráter em estudo, e estimação dos componentes de variância. O teor de óleo se comportou como um caráter quantitativo, e o efeito gênico atribuído ao desvio de dominância o mais importante. No cruzamento, CNPAC 300/91 x V3 a variância atribuída ao desvio de dominância, correspondeu à maior parte da variância genética, para o teor de óleo. As interações não-alélicas não diferiram significativamente de zero, em relação ao caráter teor de óleo, a 1% e 5% de probabilidade, pelo teste t. O modelo aditivo-dominante foi satisfatório para explicar o comportamento da média das gerações, no caráter em estudo. A metodologia de análise de gerações mostrou-se de grande valia para o estudo dos principais parâmetros genéticos da cultura do algodoeiro.

2. Introdução

O gênero *Gossypium* é constituído de 52 espécies, sendo que a *Gossypium hirsutum* L. responde por cerca de 90 % da produção mundial de algodão. No Brasil, é cultivado principalmente na região Centro-oeste e Nordeste, tornando-se uma importante fonte de renda, principalmente, por fixar o homem ao campo e gerar muitos empregos no meio rural e urbano.

O Brasil é um dos maiores produtores desta oleaginosa, e é destaque no cenário econômico mundial para a produção de biodiesel, por possuir a maior área potencialmente agricultável do mundo, com cerca de 200 milhões de hectares; a melhor tecnologia agrícola do mundo tropical; mão-de-obra farta e grande disponibilidade de água, indispensáveis para seu cultivo (Beltrão, 2005; Manfio, 2010). O algodoeiro

possui um grande diferencial das demais oleaginosas, pelo fato do produto final não interferir na produção de alimentos para o homem.

O recente crescimento da demanda por este biocombustível tem despertado grande interesse dos pesquisadores da cultura do algodoeiro para o melhoramento genético voltado para as características da semente que antes eram pouco focalizadas. Desta maneira, procura-se desenvolver cultivares que possuem maior porcentagem de óleo nas suas sementes.

De acordo com Wan- Chao (2008), pesquisadores da Universidade do Texas nos EUA, produziram dois mutantes com características desejáveis de alto teor de óleo na semente e potencial para produção de biodiesel. Estas identificações foram feitas a partir de populações quimicamente induzidas à mutação e foram identificadas seis linhas M8 com aumento do teor de óleo.

Carvalho et al. (2009) realizaram estudo que possibilitou a seleção de progenitores com a finalidade de aumento do teor de óleo em sementes de algodoeiro. Foram selecionados dez genótipos com alto teor de óleo do acesso do banco de germoplasma da Embrapa Algodão, os quais foram divididos em dois grupos de progenitores que participaram de dois grupos de cruzamentos dialélicos. Verificou que existia grande variabilidade entre os progenitores e os que mais se destacaram como bons combinadores para serem recomendados para programas de melhoramento com seleção intrapopulacional são V3, STO-B-59, e Parrot.

Em um programa de melhoramento genético, segundo Cruz e Regazzi (1997), é preciso basear-se no conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter, permitindo maior eficiência na seleção e na predição do comportamento de gerações segregantes e híbridas.

Carvalho, (1995) analisou o controle genético para a porcentagem de fibra e peso de capulho e encontrou significância apenas para variação causada pela ação gênica aditiva, nos dois caracteres em questão com herdabilidade média 60%, o que possibilita a seleção de linhagens de algodão promissoras nas gerações segregantes.

Utilizando variedades híbridas F₂ nos Estados Unidos, Tang et al. (1996) observaram valores significativos da variância de dominância para todas as características de interesse para o algodoeiro e também a ocorrência de variância fenotípica expressiva para a produtividade de fibra, porcentagem de fibra e peso de capulho. Considerando a importância destes caracteres, sugeriram que estes híbridos são mais indicativos para cultivo do que linhas puras. A variância aditiva foi mais

significativa para muitas características avaliadas, no entanto a variância de dominância foi maior.

Novaes et al. (2011), com o objetivo de estudar a herança da resistência do algodoeiro a *R. areola*, realizaram o cruzamento entre a linhagem FMT02102996 (resistente) e a cultivar FMT 701 (suscetível). Destes cruzamentos foram avaliadas as progênes F_1 , F_2 , $RC1F1_R$ e $RC1F1_S$. Os resultados revelaram que a resistência do algodoeiro à mancha-de-ramularia é condicionada por um gene dominante.

A análise de gerações é um delineamento genético em que são avaliadas simultaneamente várias gerações ou populações, incluindo genitores, híbridos (F_1) e gerações segregantes, como as populações F_3 e as derivadas de retrocruzamentos (Cruz, 2012, Cruz e Regazzi, 1997).

Durante a condução das populações segregantes, as estimativas de variabilidade genética e da herdabilidade, do caráter em estudo, deve ser monitorada para que o processo de seleção seja bem sucedido. O valor do coeficiente de herdabilidade está intimamente relacionado com a resposta à seleção (Castro, 2008).

Por meio das estimativas dos parâmetros genéticos, obtidas por meio do estudo do controle genético dos caracteres, é possível ter conhecimento da variabilidade genética e, portanto, dispor de ferramentas para auxiliar na identificação do método de melhoramento a ser adotado, da característica a ser enfatizadas e das unidades de seleção a ser recombinadas. Assim, de maneira geral, estas estimativas fornecem indicação do grau de dificuldade para se atingir os objetivos desejados em um programa de melhoramento genético (Ramalho et al., 1993).

3. Objetivos

Pelo exposto, realizou-se este trabalho com o objetivo de avaliar a população segregante F_3 , híbridos F_1 , os retrocruzamentos autofecundados RC_{1a} e RC_{2a} e os progenitores quanto ao caráter teor de óleo em algodão e obter estimativas de parâmetros genéticos, por meio do uso da metodologia de análise de geração, visando definir estratégias de melhoramento para aumentar o teor de óleo nas sementes de algodão.

4. Material e Métodos

4.1. Escolha dos genitores

Foram selecionados dois progenitores contrastantes quanto ao teor de óleo de algodão do Banco Ativo de Germoplasma de algodão da Embrapa Algodão. A escolha dos progenitores baseou-se em análise prévia do teor de óleo decorrente de experimentos anteriores. Os dois progenitores são: CNPAC 300/91, que possui baixo teor de óleo e V3 com alto teor de óleo. O conjunto de materiais utilizados para condução do estudo de herança do caráter teor de óleo no algodoeiro está relacionado na Tabela 1.

Tabela 1- Conjunto de materiais utilizados, incluindo os genitores e as gerações derivadas (F₁, F₃ e os retrocruzamentos), no experimento para avaliação do teor de óleo do algodão. Embrapa Algodão, Campina Grande – PB.

Gerações	Genitores e cruzamentos	Caracterização
P ₁	CNPAC 300/91	cultivar com baixo teor de óleo
P ₂	V3	cultivar com alto teor de óleo
F ₁	CNPAC 300/91 (♀) x V3 (♂)	geração híbrida
F ₃	CNPAC 300/91 (♀) x V3 (♂)	população segregante
RC _{1 a}	CNPAC 300/91 (♀) x F ₁ (♂)	população segregante
RC _{2 a}	V3 (♀) x F ₁ (♂)	população segregante

4.2. Obtenção das gerações

Os experimentos foram conduzidos na estação experimental da Embrapa Algodão em Campina Grande, Paraíba, altitude 551 m, com temperatura média 25 °C e umidade 72% - 91%.

Os cruzamentos foram feitos, utilizando-se as plantas femininas da cultivar CNPAC 300/91 e as plantas masculinas da cultivar V3, e foi realizado também o cruzamento inverso, obtendo-se as sementes da geração F₁.

O plantio foi feito no dia 16 de junho de 2010 com 25 sementes de cada progenitor no campo, disposta em fileiras de cinco metros, espaçadas de 1,0 m entre linhas e 0,20 m entre plantas dentro da linha. Durante o florescimento dos progenitores

foram realizados os cruzamentos entre eles, desta maneira, obtendo-se as sementes da geração F₁.

O plantio das 25 sementes foi realizado em área experimental onde normalmente se alternam o plantio de algodão, amendoim e outras culturas possuindo já uma fertilidade devido à adição de esterco e outros fertilizantes. Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura.

Posteriormente, colheram as sementes cruzadas de cada planta, que foram misturadas e novamente semeadas em fileiras de 5,0 metros, para proceder a autofecundação e gerar indivíduos F₂. Nesta mesma ocasião, realizaram-se também os retrocruzamentos, RC₁(P₁) e RC₂(P₂). Na obtenção das gerações de retrocruzamentos RC₁(P₁) e RC₂(P₂), o pólen proveniente de plantas da geração F₁ foi utilizado para fecundar flores femininas dos respectivos parentais.

As sementes da geração F₂, os retrocruzamentos e os parentais foram semeadas em uma casa de vegetação, em um solo enriquecido com esterco animal, para então assim ser obtida a população segregante F₃, RC₁ e RC₂ autofecundadas. A casa de vegetação é totalmente telada, impedindo a entrada de insetos polinizadores, certificando assim que as sementes serão todas autofecundadas, exceto aquelas obtidas dos cruzamentos manuais realizadas para se obter uma nova população F₁ de sementes com a mesma idade das F₂, RC₁ e RC₂ autofecundados.

Na colheita cada planta das gerações P₁, P₂, F₁, F₃ autofecundada, RC₁ autofecundado e RC₂ autofecundado foram colhidas individualmente. As sementes de cada planta foram então divididas em dois lotes para análises do teor de óleo, constituindo assim, duas repetições.

4.3. Análise de teor de óleo

As avaliações do teor de óleo foram obtidas de 24 plantas do progenitor feminino, cultivar CNPAC 300/91 (P₁), 34 plantas do progenitor masculino V3 (P₂), 32 plantas da geração híbrida (F₁), 94 plantas da geração segregante (F₃), 72 plantas da geração de retrocruzamento 1 (RC_{1a}) e 70 plantas da geração de retrocruzamento 2 (RC_{2a}). As análises do teor de óleo das gerações P₁, P₂, F₃, RC₁ e RC₂ autofecundado foram feitas utilizando o aparelho de ressonância magnética nuclear (RMN), no laboratório da Embrapa Instrumentação, em São Carlos-SP.

A espectroscopia de ressonância magnética nuclear (RMN) em baixa resolução representa um método alternativo, com baixo custo de implantação e manutenção, para a avaliação das oleaginosas (Marconcini, 2010).

A determinação da amplitude do sinal de RMN é diretamente proporcional à massa de óleo contida na semente. Assim, pode-se determinar o teor de óleo de uma amostra desconhecida utilizando-se uma curva de calibração, baseada na correlação entre a amplitude do sinal de RMN com a respectiva massa de óleo. Desta forma, a construção apropriada de curvas de calibração representa uma questão determinante na quantificação por RMN em baixa resolução. Usualmente as curvas de calibração são construídas com óleos comerciais ou extraídas das amostras a serem analisadas (Marconcini, 2010).

Para a determinação do teor de óleo no aparelho de ressonância magnética nuclear (RMN), foi utilizado um modelo SLK 100 (Spinlock Magnetic Resonance Solution, Córdoba, Argentina), equipado com um ímã permanente de 0,23 T (9 MHz para ^1H) e uma sonda de 13 mm x 30 mm de área útil. Para o cálculo do teor de óleo foi utilizado o programa Condor IDE (Spinlock Magnetic Resonance Solution) para aquisição dos dados. Foi usada uma sequência de pulso CPMG com pulsos qdamper, com P90 e P180 de 12,2 e 23,4 μs , respectivamente, AT=10,6 μs , DW=0,2 μs , de 10 ecos, D1=1,5 s e 10 varreduras. As amostras das sementes foram secas a 60 °C por 24 h, permanecendo na temperatura a 25 °C antes das medidas.

A porcentagem de óleo das oleaginosas foi determinada utilizando-se a curva de calibração construída com óleo de algodão (Figura 1), onde incrementos de massa de óleo foram analisados por RMN. A correlação entre a massa de óleo e o respectivo sinal de RMN permitiu um ajuste linear com um coeficiente de correlação de 0,999 e forneceu os coeficientes angulares e lineares da reta. As amostras foram então analisadas nas mesmas condições que esta curva de calibração. As intensidades do sinal de RMN, juntamente com os coeficientes obtidos na curva de calibração, possibilitaram a obtenção do valor da massa de óleo nas amostras de algodão. Os teores de óleo foram então obtidos em relação à massa total das amostras.

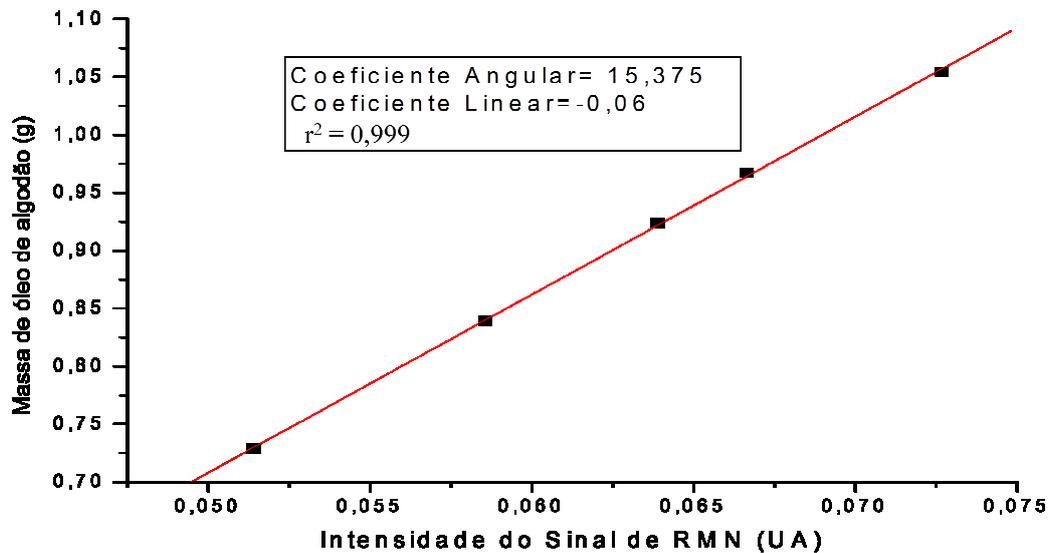


Figura 1: Curva de calibração para a determinação do teor de óleo do algodão

4.4. Análises de gerações

Os estudos genéticos foram baseados em análise de médias e variâncias, estimadas em indivíduos das populações P_1 , P_2 , F_1 , F_3 , RC_{1a} e RC_{2a} , conforme Mather & Jinks (1984) e Cruz et al. (2004), para o caráter teor de óleo. Com base em um modelo estatístico completo, ou totalmente parametrizado, é possível estimar os efeitos da média (μ), gênicos aditivos (a) e de dominância (d). Inclui-se também os efeitos de epistasia (aa , ad , dd). O modelo com informações das seis gerações em função dos seis parâmetros genéticos é ajustado para o delineamento genético por meio do método de quadrados mínimos ponderados (Rowe e Alexander 1980; Oliveira et al., 2009).

Os dados estimados do teor de óleo das gerações em estudos possibilitaram estimar as variâncias fenotípicas, genotípicas, ambiental, aditiva e de dominância, a herdabilidade, no sentido restrito, o grau médio de dominância e o número de genes conforme Cruz e Regazzi (1997).

4.4.1. Análise baseada nos componentes de variância

Quando se considera uma população em equilíbrio de Hardy-Weinberg, a variância genotípica é obtida pela seguinte expressão:

$$\sigma_g^2 = 2pq\alpha^2 + (2pqd)^2$$

A variância genotípica em uma população qualquer é dada pelas seguintes equações:

$$\sigma_g^2 = D(u + a)^2 + H(u + d)^2 + R(u - a)^2 - (\mu_g)^2$$

$$\sigma_g^2 = a^2[(D + R) - (D - R)^2] + d^2H(1 - H) - 2adH(D - R)$$

Assim, quando se dispõe de duas linhagens progenitoras (CNPAC 300/91 e V3), contrastantes em relação a determinado caráter, de tal forma que se possa admitir que tenham, respectivamente, genótipos AA e aa, suas variâncias e as das gerações derivadas serão obtidas a partir das informações da Tabela 2.

Tabela 2- Frequência genotípica e coeficientes associados a a^2 , d^2 , e ad , obtidos em gerações derivadas dos progenitores P_1 (AA) e P_2 (aa).

Geração	Frequência genotípica			Coeficientes associados a:		
	D	H	R	a^2	d^2	ad
P_1	1	0	0	0	0	0
P_2	0	0	1	0	0	0
F_1	0	1	0	0	0	0
F_2	1/4	1/2	1/4	1/2	1/4	0
RC_1	1/2	1/2	0	1/4	1/4	-1/2
RC_2	0	1/2	1/2	1/4	1/4	1/2
F_3	3/8	1/4	3/8	6/8	3/16	0
$RC_1^0(*)$	5/8	1/4	1/8	1/2	3/16	-1/4
$RC_2^0(*)$	1/8	1/4	5/8	1/2	3/16	1/4

(*) Corresponde às gerações de autofecundação dos retrocruzados

Assim, decompondo a variância fenotípica (σ_f^2) em variância genotípica (σ_g^2) e em variância atribuída ao meio (σ_m^2), tem-se:

$$\sigma_{f(p1)}^2 = \sigma_{m(p1)}^2 = \sigma_{p1}^2$$

$$\sigma_{f(p2)}^2 = \sigma_{m(p2)}^2 = \sigma_{p2}^2$$

$$\sigma_{f(f_1)}^2 = \sigma_{m(f_1)}^2 = \sigma_{f_1}^2$$

$$\sigma_{f(f_3)}^2 = \sigma_{g(f_3)}^2 + \sigma_{m(f_3)}^2 = \frac{6}{8}a^2 + \frac{3}{16}d^2 + \sigma_{m(f_3)}^2 = \frac{3}{2}\sigma_a^2 + \frac{3}{4}\sigma_d^2 + \sigma_{m(f_3)}^2$$

$$\sigma_{f(rc_1^0)}^2 = \sigma_{g(rc_1^0)}^2 + \sigma_{m(rc_1^0)}^2 = \frac{1}{2}a^2 + \frac{3}{16}ad - \frac{1}{4}ad + \sigma_{m(rc_1^0)}^2$$

$$\sigma_{f(rc_2^0)}^2 = \sigma_{g(rc_2^0)}^2 + \sigma_{m(rc_2^0)}^2 = \frac{1}{2}a^2 + \frac{3}{16}d^2 + \frac{1}{4}ad + \sigma_{m(rc_2^0)}^2$$

$$\sigma_{f(rc_1^0)}^2 + \sigma_{f(rc_2^0)}^2 = a^2 + \frac{3}{8}d^2 + \sigma_{m(rc_1^0)}^2 + \sigma_{m(rc_2^0)}^2$$

Normalmente parâmetros genéticos são obtidos a partir dos componentes de variância das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂. Porém, em certos casos que ocorrem principalmente em autógamias, o número de sementes das gerações híbridas é limitado, em razão das dificuldades de polinização e das baixas porcentagens de desenvolvimento das sementes. Dessa forma, o pesquisador não avalia as gerações RC₁ e RC₂ e sim as gerações avançadas por autopolinização. Como neste caso utiliza-se uma geração adicional de autofecundação, é também comum avaliar a população segregante F₃ em vez de F₂ (Cruz et al., 2004).

Os estimadores dos componentes genéticos e ambientais da população segregante F₃ foram determinados pela seguinte expressão:

$$\hat{\sigma}_{m(f_3)}^2 = \frac{1}{4}[\hat{\sigma}_{(p_1)}^2 + 2\hat{\sigma}_{(f_1)}^2 + \hat{\sigma}_{(p_2)}^2]$$

Algumas vezes outras expressões para o cálculo da variância ambiental podem ser adotadas, tendo em vista o comportamento das gerações progenitoras ou da F₁. Pela mesma razão, há expectativa de que esta variância atribuída ao meio seja equivalente à média das variâncias de ambiente estimada nas gerações de retrocruzamentos, ou seja:

$$\hat{\sigma}_{m(f_3)}^2 = \frac{1}{2}[\hat{\sigma}_{m(rc_1^0)}^2 + \hat{\sigma}_{m(rc_2^0)}^2]$$

A variância genotípica é estimada por diferença, entre a variância fenotípica e a variância ambiental na geração segregante F₃.

$$\hat{\sigma}_{g(f_3)}^2 = \hat{\sigma}_{f(f_3)}^2 - \hat{\sigma}_{m(f_3)}^2$$

Os estimadores dos componentes de variância aditiva ($\hat{\sigma}_{a(f_3)}^2$) e dos desvios da dominância ($\hat{\sigma}_{d(f_3)}^2$) são obtidos com informações adicionais das variâncias das gerações dos retrocruzamentos para a geração segregante F₃ e são apresentados pelas seguintes expressões:

$$\hat{\sigma}_{a(f_3)}^2 = \frac{3}{2} \hat{\sigma}_a^2 = 2 \hat{\sigma}_{f(f_3)}^2 - [\hat{\sigma}_{f(rc_1)}^2 + \hat{\sigma}_{f(rc_2)}^2]$$

$$\hat{\sigma}_{d(f_3)}^2 = \frac{3}{4} \hat{\sigma}_d^2 = \hat{\sigma}_{g(f_3)}^2 - \hat{\sigma}_a^2$$

O grau médio de dominância expressa à relação entre o valor genotípico codificado do heterozigoto (d) e o valor genotípico codificado do homozigoto (a), podendo-se obter as seguintes relações na Tabela 3.

Tabela 3- Grau médio de dominância com suas respectivas interações intra-alélica.

Grau médio da dominância	Tipo de interação intra-alélica
1 (d = a)	Dominância completa
0 (d = 0)	Ausência de dominância
> 1 (d > a)	Sobredominância
< 1 (d < a)	Dominância parcial

O grau médio da dominância ($g\hat{m}d$) foi estimado de acordo com a seguinte expressão:

$$(g\hat{m}d) = \frac{d}{a}$$

Conforme é citado por Cruz et al., (2004) a distribuição de freqüências na geração F₃ também fornece subsídios para avaliação do grau médio da dominância. Normalmente se verifica uma distribuição simétrica, tipo normal, quando os genes que controlam o caráter manifestam ausência de dominância. Ao contrário, têm-se distribuições assimétricas nos casos em que estão envolvidos poucos genes e estes manifestam qualquer grau de dominância unidirecional. Deve-se, entretanto, ser ressaltado que esta assimetria será dificilmente detectada quando o caráter estiver sob o controle de vários genes e fortemente influenciado por fatores ambientais.

O número mínimo de genes envolvidos na determinação do caráter pode ser estimado associando a freqüência da classe extrema da população F₃, com a expectativa de ocorrência do genótipo homozigoto a partir de um híbrido para η locos, de acordo com a equação.

$$\left[\frac{3}{8}\right]^{\eta} = \text{frequência da classe extrema observada em F}_3$$

A herdabilidade é a proporção da variância fenotípica atribuída à causa genética. Quando se dispõe apenas dos dados das gerações P₁, P₂, F₁, e F₃, é possível estimar a herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), porém, tendo-se conhecimento das variâncias das populações RC_{1a} e RC_{2a}, avançadas por autofecundação, pode-se estimar o componente de variância aditiva e, conseqüentemente obter-se também a herdabilidade no sentido restrito (h^2_r). A herdabilidade no sentido amplo e restrito é determinada pelas seguintes equações:

$$h^2_a = \frac{\hat{\sigma}_{g(f_3)}^2}{\hat{\sigma}_{f(f_3)}^2} = \frac{\hat{\sigma}_{g(f_3)}^2}{\hat{\sigma}_{g(f_3)}^2 + \hat{\sigma}_{m(f_3)}^2}$$

$$h^2_r = \frac{\hat{\sigma}_{a(f_3)}^2}{\hat{\sigma}_{f(f_3)}^2} = \frac{\hat{\sigma}_{a(f_3)}^2}{\hat{\sigma}_{a(f_3)}^2 + \hat{\sigma}_{d(f_3)}^2 + \hat{\sigma}_{m(f_3)}^2}$$

O ganho de seleção pode ser estimado a partir do diferencial de seleção praticado e da herdabilidade do caráter, considerando que a recombinação gênica, para a formação da população melhorada, envolverá apenas gametas dos indivíduos selecionados.

O ganho esperado, considerando-se a seleção e recombinação dos indivíduos superiores na população F_3 , é estimado pela expressão:

$$GS = h_r^2 DS \quad \text{ou} \quad GS (\%) = GS \times 100 / \text{média de } F_3$$

DS (diferencial de seleção) = média dos indivíduos selecionados em F_3 – média da população F_3 ;

$$\text{Definindo } i = DS / \hat{\sigma}_{f(f_3)}$$

$GS = ih_r \hat{\sigma}_a^2$, sendo i o diferencial de seleção em unidade de desvio-padrão fenotípico da geração F_3 .

4.4.2. Análise baseada nos componentes de média

Considerando os dois progenitores CNPAC300/91 (P_1) e V3 (P_2), de genótipos AABB e aabb, respectivamente, e suas gerações derivadas (F_1 , F_3 , RC_{1a} e RC_{2a}), podem-se expressar suas médias, excluindo-se os erros experimentais, por meio dos seguintes componentes genéticos (Mather e Jinks, 1974):

Admitindo que o CNPAC300/91 (P_1) acumula maiores quantidades de genes favoráveis, têm-se, em relação aos dois genes A/a e B/b, o valor esperado:

$$\bar{P} = m + a_A + a_B + a_A a_B$$

$$\bar{P} = m + a + aa$$

Admitindo que o V3 (P_2) é o mais contrastante em relação a CNPAC300/91 (P_1), e que, conseqüentemente, concentra menor quantidade de genes favoráveis, espera-se que seu valor médio seja expresso, em relação a A/a e B/b, por:

$$\bar{P} = m - a_A - a_B + a_A a_B$$

$$\bar{P} = m - a + aa$$

A geração F_1 , obtida do cruzamento entre os progenitores CNPAC300/91 (P_1) e V3 (P_2), homozigotos e contrastantes, apresenta-se em heterozigose e, portanto, sua média genotípica esperada, em relação a A/a e B/b, obtida por:

$$\overline{F_1} = m + d_A - d_B + d_A d_B$$

$$\overline{F_1} = m + d + dd$$

A geração F_3 , obtida da autofecundação do cruzamento entre os progenitores CNPAC300/91 (P_1) e V3 (P_2), ou seja, do híbrido F_1 . A média genotípica, obtida em relação aos dois genes é definida como:

$$\overline{F_3} = m + 16d_A + 16d_B + 4d_A d_B$$

$$\overline{F_3} = \frac{1}{4}d + \frac{1}{16}dd$$

A geração RC_{1a} é resultante do cruzamento entre o progenitor CNPAC300/91 (P_1), de genótipo AABB, e o híbrido F_1 , de genótipo AaBb. A média genotípica de RC_{1a} tem o seguinte valor genotípico:

$$\overline{RC_{1a}} = m + 32a_A + 32a_B + 16d_A + 16d_B + 16a_A a_B + 8d_A a_B + 8a_A d_B + 4d_A d_B$$

$$\overline{RC_{1a}} = m + \frac{1}{2}a + \frac{1}{4}d + \frac{1}{4}aa + \frac{1}{4}ad + \frac{1}{16}dd$$

A geração RC_2 é resultante do cruzamento entre o progenitor V3 (P_2), de genótipo aabb, e o híbrido F_1 . A média genotípica de RC_2 tem o seguinte valor genotípico:

$$\overline{RC_2a} = m + 32a_A - 32a_B + 16d_A + 16d_B + 16a_A a_B - 20d_A d_B + 4a_A d_B + 4d_A d_B$$

$$\overline{RC_2a} = m - \frac{1}{2}a + \frac{1}{4}d + \frac{1}{4}aa - \frac{1}{4}ad + \frac{1}{16}dd$$

No sistema de análises de gerações, serão estimados seis parâmetros genéticos, que tem as seguintes definições:

m: é o parâmetro que expressa a média dos homozigotos que se encontram entre os vários genótipos de uma população;

a: expressa os efeitos aditivos;

d: expressa os efeitos de desvios de dominância;

aa: expressa a medida de todas as interações aditiva x aditiva entre dois genes;

ad: é a medida de todas as interações aditiva x dominante entre dois genes;

dd: é medida de todas as interações dominantes x dominantes entre dois genes, considerando-se todos os genes que controlam o caráter;

A estimação de parâmetros genéticos com base nas médias das gerações pode ser obtida através do modelo completo, no qual, é importante para o conhecimento mais abrangente das causas e magnitudes dos componentes genéticos que controlam o caráter. O sistema de equações foi estabelecido pelas médias de cada geração, sendo representado na forma matricial $Y = X\beta + \varepsilon$ e a solução de mínimos quadrados ordinários coincide com a solução matemática, $\hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'Y = X^{-1}Y$.

A significância da hipótese de que cada parâmetro é nulo, foi avaliada pelo teste t, dado por:

$$t = \frac{\hat{\beta}_i - \beta_i}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_i)}}, \text{ se } H_0 : \beta_i = 0, \text{ então } t = \frac{\hat{\beta}_i}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_i)}}$$

A variância de cada efeito foi obtida aplicando-se as propriedades de variância em cada expressão do estimador do respectivo parâmetro genético, admitindo-se que as médias das famílias são independentes.

Mather e Jinks (1974) ressaltam que as seis médias das gerações avaliadas podem não ter sido obtidas com igual precisão, e assim a solução de mínimos quadrados ordinários, normalmente utilizada em modelos menos parametrizados, pode não prover as melhores estimativas dos parâmetros genéticos. Neste caso, recomenda-se a estimação dos parâmetros por meio do método dos mínimos quadrados ponderados, em que se admite que o vetor de erros associados às médias tem média nula e matriz de variâncias e covariâncias D, sendo D uma matriz diagonal.

Após a avaliação da significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos, foram eliminados do modelo aqueles efeitos que não são significativamente diferente de zero, adotando-se comumente o nível de 5% de probabilidade.

Quando se descarta um ou mais parâmetros genéticos, passa a se dispor de um número de equações superior ao número de parâmetros a serem novamente estimados, tendo-se então um modelo genético mais simplificado. Novamente utiliza-se o método dos mínimos quadrados ponderados no processo de estimação.

A adequação do modelo simplificado, com as estimativas ajustadas dos parâmetros, pode ser avaliada por meio da quantificação do coeficiente de determinação R^2 , que expressa o grau de similaridade entre os valores estimados e os observados.

A soma de quadrados de parâmetros associada ao modelo completo ou simplificado pode ser decomposta em somas de quadrados atribuídas a cada efeito individual, ajustadas para os demais efeitos. As estimativas desta soma de quadrados podem ser obtidas pelo Método de Eliminação de Gauss.

As análises de gerações foram efetuadas utilizando-se os recursos computacionais do programa GENES (Cruz, 2006).

5. Resultados e Discussão

As estimativas das médias observadas para cada uma das gerações utilizadas, para o caráter teor de óleo, e as variâncias fenotípicas obtidas do cruzamento entre as cultivares de algodão CNPAC 300/91 (P_1) e V3 (P_2), são apresentadas na Tabela 4.

De acordo com Falconer (1981), para os caracteres métricos, as questões primárias da genética são formuladas em termos de médias e de variâncias, sendo à base do estudo da variação, a sua partição em componentes de diferentes causas. Ramalho et al. (1993) salientam que a variância, uma estatística de segunda ordem, é preferida em relação à média, estatística de primeira ordem. Outra vantagem que o estudo da variância pode proporcionar é a obtenção de estimativas de herdabilidade e predições de ganhos esperados com a seleção, o que não é possível apenas dispondo de valores médios.

Nas médias do teor de óleo, estimadas nas cultivares de algodão CNPAC 300/91 (P_1) e V3 (P_2) (Tabela 4), foi aplicada um teste t para verificar se existia diferença significativa entre os progenitores. O teste t demonstrou que os progenitores não foram tão contrastantes quanto se supunha no momento do estabelecimento do delineamento experimental. Verifica-se que, em termos percentuais, a diferença entre as médias foi

próximo a 1% de teor de óleo. Este fato compromete as interpretações biométricas, uma vez que pouca variabilidade genética passa a ser esperada nas gerações segregantes e o efeito ambiental, no caso de se manifestar em grande magnitude, poderá proporcionar grande viés nas estimativas dos parâmetros genéticos indispensáveis na indicação das melhores estratégias de um programa de melhoramento. Segundo Cruz et al., (2004) e Borém (2009), nos estudos de herança genética, a ocorrência de contraste entre os parentais é necessária para estimação mais precisa dos parâmetros

Tabela 4- Número de plantas (NP), médias (\hat{m}), variâncias das gerações ($\hat{\sigma}^2$), variâncias das médias $\hat{v}(\hat{m})$, valor máximo (V. Máx.) e mínimo (V. Mín.), do caráter teor de óleo do algodoeiro, avaliados nas seis gerações obtidas do cruzamento CNPAC 300/91 x V3. Embrapa Algodão, Campina Grande-PB.

População ¹	NP	(\hat{m})	($\hat{\sigma}^2$)	$\hat{v}(\hat{m})$	V. Mín.	V. Máx.
P ₁	24	19,15	3,8836	0,1618	15,40	23,21
P ₂	34	20,22	3,4042	0,1001	16,25	23,35
F ₁	32	21,47	1,5906	0,0497	18,00	23,43
F ₃	94	19,83	1,8885	0,0201	14,09	23,25
RC ₁ a	72	19,66	0,7801	0,0108	18,08	21,57
RC ₂ a	70	20,26	1,9032	0,0272	17,03	23,12

¹P₁: CNPAC 300/91; P₂: V3; RC₁a: F₁ x CNPAC 300/91; RC₂a: F₁ x V3

Carvalho et al. (2010) avaliaram acessos do banco de germoplasma da Embrapa algodão, com a finalidade de obter genitores com alta capacidade de combinação para o caráter teor de óleo, tendo como resultado, a determinação de três genitores com boa capacidade combinatória para serem usados em um programa de melhoramento para aumento de teor de óleo, os quais são V3, STO-B-59 e T-16, os quais proporcionam grande variabilidade e maior facilidade no processo de seleção. Assim, o uso de genitor V3 é potencialmente indicado, porém a sua combinação com o genitor CNPAC 300/91 parece não proporcionar grande complementariedade gênica para a característica teor de óleo.

A média da geração F₁ é superior à média dos genitores ($\hat{\mu}=19,69$) e a média do genitor superior (V3) que foi ($\hat{\mu}=20,22$), indicando que os genitores, apesar de baixa diferenciação, possibilitaram a ocorrência de heterose ou vigor na geração híbrida (Tabela 4). Esta ligeira superioridade também se manifestou na geração segregante, de forma que a média da geração F₃ ($\hat{\mu}=19,78$) foi superior à média dos parentais (CNPAC 300/91 (P₁) e V3 (P₂) = 19,69). Santos e Vencosvsky (1986), ao avaliar o comprimento do ramo principal em uma planta de feijão-caupi, concluíram que a

diferença entre a média dos parentais e a média da geração segregante F_2 constitui outra fonte de expressão dominância.

As médias das gerações F_3 e RC_{1a} ficaram um pouco mais distante das médias do genitor V3, como era de se esperar, pois em F_3 ocorre a segregação dos genes e em RC_{1a} , existem poucos alelos favoráveis ao aumento do teor do óleo, pelo fato do genitor recorrente ter com característica baixa porcentagem de óleo de algodão (Tabela 4). Observou-se, ainda, que existia segregação transgressiva na geração F_3 , em que foi detectado para algumas plantas o valor mínimo de 14,09 de teor de óleo, fora do limite inferior dos genitores. Tal fato é evidência de que mais de um gene pode estar envolvido na determinação do caráter e sua interação possa proporcionar valores além dos limites estabelecidos por seus genitores. Novamente, deve-se considerar a possibilidade da influência do ambiente como fator determinante da variabilidade fenotípica.

Quanto à variabilidade observada dentro da geração F_1 , verifica-se que esta foi relativamente baixa (1,5906), indicando proximidade genética relativamente elevada entre os genótipos avaliados. Entretanto, uma maior variação, também de natureza ambiental, foi observada entre os indivíduos das gerações genitoras. A variância da F_1 , uma vez que destoam bastante dos genitores CNPAC 300/91 (P_1) e V3 (P_2), quando neste caso, deve-se representar, nas três populações, apenas a variância ambiental. A variância obtida no RC_{2a} (1,9032), esta foi maior que na geração F_3 (1,8885), no qual possui menor segregação dos seus genes, diferente da F_3 , isto pode ser explicado pela variância ambiental ter sido alta nas duas gerações F_3 e RC_{2a} . A análise genética das variâncias (Tabela 4), embora tenha confirmado em partes os resultados obtidos pelas médias, não apresentaram a mesma coerência.

Com o objetivo estudar a variabilidade para o teor de óleo nas sementes em uma população F_2 derivada do cruzamento de linhagens superiores para fibra e produtividade dos programas de melhoramento da Embrapa Algodão com materiais de alto teor de óleo selecionados em banco ativo de germoplasma, Carvalho et al. (2010) obtiveram, em diversos cruzamentos para teor de óleo, grande variabilidade na geração F_2 , concluindo que existia possibilidades de ganhos genéticos com a seleção para o aumento do teor de óleo nas gerações F_2 dos cruzamentos realizados.

Com base nestes resultados, optou-se por obter estimativas de parâmetros genéticos a partir de duas situações. Assim, numa primeira análise a variância ambiental foi estimada a partir das informações de todas as gerações não-segregantes (P_1 , P_2 e F_1) e os valores obtidos denotados por “estimativa 1”. Em uma segunda análise, foi

considerada apenas a variância da geração F_1 para expressar a variabilidade ambiental, e os valores obtidos denotados de “estimativa 2”.

A estimativa (1) dos componentes de variância da geração F_3 , obtidas do cruzamento CNPAC 300/91 x V3, e estimativa (2) considerando apenas a F_1 como medidora do efeito ambiental estão apresentadas na Tabela 5. Verificou-se, por meio da estimativa da variância ambiental, que o ambiente exerceu considerável influência na expressão do caráter em estudo, prejudicando a análise e interpretação da natureza e magnitude dos componentes genéticos da variância que atuam no controle gênico do caráter, na estimativa 1 obtida. Entretanto, os valores negativos para as estimativas da variância de dominância sugerem que esta variância possa ser parametricamente nula ($\sigma_D^2 = 0$). Assim, os genitores estudados devem apresentar, em seus genótipos, poucos genes complementares e esta pouca variação genotípica, em comparação com os efeitos ambientais, não pode ser medida acuradamente pela técnica biométrica adotada ao se considerar o cruzamento, CNPAC 300/91 x V3. Quando se considera apenas a F_1 como medidora do efeito ambiental, a variância atribuída ao desvio de dominância, correspondeu à menor parte da variância genética, e a variância aditiva foi maior, resultando numa variância genética maior que na estimativa 1, para o teor de óleo.

Tabela 5- Estimativas (1) dos componentes de variância na geração F_3 , obtidas do cruzamento CNPAC 300/91 x V3, e estimativas (2) considerando apenas a F_1 como medidora do efeito ambiental. Embrapa Algodão, Campina Grande-PB.

Parâmetros Genéticos ¹	Estimativa 1	Estimativa 2
σ_F^2	1,89	1,89
σ_G^2	-0,73	0,30
σ_A^2	1,64	1,64
σ_D^2	-2,37	-1,34
σ_E^2	2,62	1,59
h_a^2	-38,58	15,77
h_r^2	86,87	86,87
g \hat{m} d (média)	3,32	3,32
Número de genes	8,41	8,41

¹ σ_F^2 : variância fenotípica; σ_G^2 : variância genotípica; σ_A^2 : variância aditiva; σ_D^2 : variância devido à dominância; σ_E^2 : variância de ambiente $(VP1 + VP2 + 2VF1)/4$ para (1) e $VF1$ para (2); h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo; h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito g \hat{m} d: grau médio de dominância;

A herdabilidade no sentido amplo expressa o quanto da variação total é devido aos efeitos dos genes. De acordo com a Tabela 5 o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, na estimativa 1, foi de baixa magnitude e com valor negativo, consequência da variância genética ter sido baixa e com sinal negativo. Já na estimativa 2, a herdabilidade foi baixa mas com sinal positivo, indicando que houve pequeno efeito dos genes influenciando na variação total. Enquanto a herdabilidade no sentido restrito expressa o quanto da variação total é devido aos genes com efeitos aditivos. É a mais importante para o melhorista. A herdabilidade no sentido restrito teve alta magnitude com média de 86,87%, indicando que os efeitos aditivos tiveram grande importância na determinação da herdabilidade, e que expressa que da variância fenotípica total mais de 80,00% é devido a variância genética, portanto, demonstra que processo de seleção nas gerações iniciais de autofecundação será eficaz, na determinação do caráter.

Segundo Falconer (1981), o valor da herdabilidade poderá ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes da variância fenotípica. Quanto mais o caráter for influenciado pelo meio ambiente menor será a sua herdabilidade. Quando a herdabilidade é alta, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Por outro lado, sendo o seu valor baixo, a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose, consequência da autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (Robison, 1963; Falconer & Mackay, 1996; Fehr, 1987)

Pela sua importância, a herdabilidade deve ser conhecida para a condução de um programa de melhoramento, e muitas decisões práticas são tomadas em função de sua magnitude. A predição do ganho com seleção antes da sua realização, servindo de subsídio para a definição da estratégia de seleção, é uma utilidade direta do valor da herdabilidade no sentido restrito (Fehr, 1987; Ramalho et al., 1993).

Quanto ao grau de dominância $g\hat{m}d$ (baseado na média) para o teor de óleo, no cruzamento CNPAC 300/91 x V3, o valor obtido sugere a existência de sobredominância (3,32), e indica que a dominância ocorre predominantemente em direção à maior grandeza do caráter, ou seja, no sentido de maiores valores de teor de óleo, conseqüentemente, na direção dos genótipos com maior teor de óleo (Tabela 5).

A estimativa de parâmetros genéticos, a partir das variâncias das gerações, indica que a herança do teor de óleo seja poligênica, o número de genes envolvido no controle do caráter foi oito. Pode-se observar, por meio da Figura 2, que as 94 plantas da geração F_3 apresentaram distribuição contínua, tendo uma maior concentração em torno do valor médio do caráter. Assim, a conformação e simetria da curva são

indicativos de que o caráter estudado apresenta herança poligênica, com ação gênica predominantemente aditiva estabelecida por muitos genes e, certamente, com influência do ambiente bem significativa. Entretanto, a análise com informação de média e variância das demais gerações demonstrou que a ação não aditiva assume considerável importância no controle gênico do caráter.

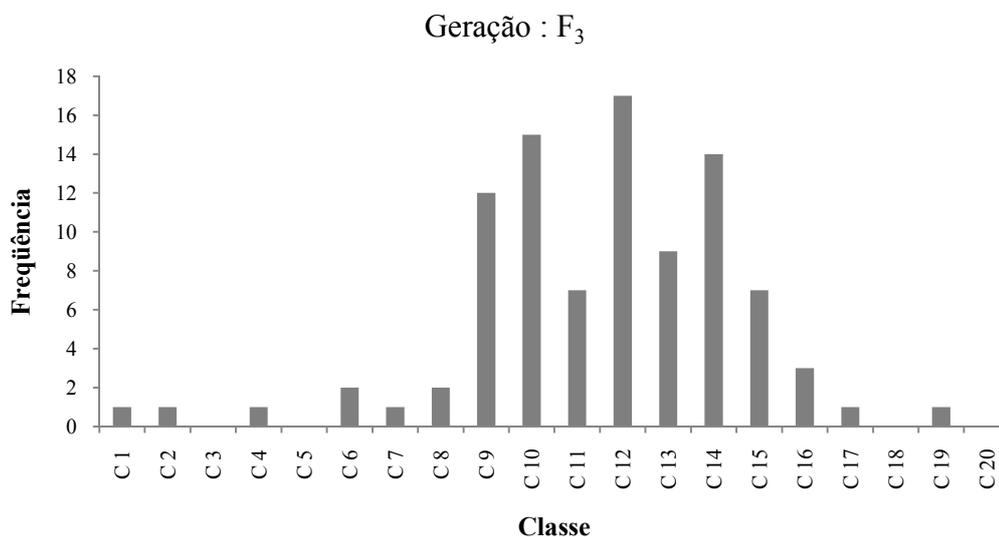


Figura 2: Distribuição contínua dos indivíduos da geração F₃ em 20 classes.

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa ao melhoramento é a possibilidade de prever o avanço genético, conseguido pelo uso de técnicas seletivas. Informações sobre o ganho permitem avaliar a eficiência dos métodos de melhoramento, bem como o êxito do material melhorado. Para estabelecer as populações de melhoramento é preciso que sejam determinadas com base na variabilidade genética. A população de melhoramento, ou populações selecionadas, constitui o conjunto de plantas selecionadas, que o melhorista manipula para promover o melhoramento genético conforme é citado por Berti, 2010.

O melhoramento de uma população para uma dada característica é resultado do ganho de seleção, que depende do diferencial de seleção. Para Berti (2010), em processo de seleção, quanto maior for a pressão de seleção, maior será esse diferencial e, conseqüentemente, o progresso genético. Martins (1999) argumenta que a possibilidade de predição de ganhos a serem obtidos por certa estratégia de melhoramento constitui uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa ao cultivo de plantas.

Tabela 6- Predição de ganhos por seleção do caráter teor de óleo, avaliado nas seis gerações (P₁, P₂, F₁, F₃, RC_{1a}, RC_{2a}) resultante do cruzamento CNPAC 300/91 x V3. Embrapa Algodão, Campina Grande-PB.

Parâmetro	Estimativa
Número de indivíduos selecionados	18
Média original da F3	19,83
Média dos indivíduos selecionados	21,56
Diferencial de seleção	1,73
Ganho por seleção	1,50
Ganho por seleção (%)	7,57
Média predita para o 1 ^o ciclo após seleção	21,33

Segundo Cruz (2012), para se obter o ganho por seleção é necessária existência de variabilidade genética. Na análise da predição do ganho por seleção, na população F₃, em que foi considerada a seleção de 20% das melhores plantas com teor de óleo, foi predito ganho esperado por seleção de 7,57%, isto devido à herdabilidade no sentido restrito ter sido alta (Tabela 6).

Além do estudo das variâncias das gerações segregantes é possível realizar estudo sobre os componentes das médias que, neste caso, poderá ser de grande valia tendo em vista que a influência ambiental é reduzida quando a informação genética é obtida a partir da média de um número apropriado de indivíduos. Os resultados apresentados pela análise dos componentes das médias (Tabela 7) permitem constatar que os efeitos atribuídos às interações não-alélicas não diferiram significativamente de zero, em relação ao caráter teor de óleo, a 1% e 5% de probabilidade, pelo teste t. O efeito gênico aditivo e devido aos desvios da dominância foram importantes no controle do caráter teor de óleo. Quando os caracteres são governados por ação gênica resultante da dominância, há dificuldade de se fixar, em populações homozigotas, genótipos superiores (Martins Filho et al., 2002) e, segundo Gamble, (1962), deve-se optar por estratégias de melhoramento em que o objetivo é explorar a heterozigose nas gerações híbridas. Neste trabalho, o efeito gênico atribuído ao desvio de dominância obteve a maior estimativa e a maior variância, portanto, apresentou-se como o efeito gênico de maior importância, sendo significativo a 1% de probabilidade, pelo teste t.

Tabela 7- Significância dos parâmetros genéticos do modelo completo, ajustado com base nas médias do caráter avaliado, decorrente de seis gerações do algodoeiro (P₁, P₂, F₁, F₃, RC_{1a}, RC_{2a}). Embrapa Algodão, Campina Grande-PB.

Parâmetro ¹	Teor de óleo		
	Estimativas(x)	$\hat{\sigma}(x)$	T
m	19,1611	0,08387	66,16**
a	-0,5351	0,0654	-2,09*
d	2,79	0,5458	3,79**
aa	0,5274	9,7670	0,1687 ^{ns}
ad	-0,1321	0,4140	-0,21 ^{ns}
dd	-0,4942	5,8556	-0,20 ^{ns}

¹m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F₃; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditivo x aditivo; ad: medida das interações aditivo x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante. ns: Não-significativo. * e ** Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

De acordo com o método de Gauss, descrito em Cruz e Regazzi (1997), foi realizada uma decomposição não-ortogonal, para avaliar a contribuição de cada efeito genético (m, a, d, aa, ad, dd). O coeficiente de determinação (R²) propicia informação importante de um efeito genético particular sobre a variabilidade disponível no caráter estudado, mesmo a decomposição não sendo ortogonal, como pode ser observada através da Tabela 8. Assim, não se considerando o efeito da média, o efeito genético aditivo (0,63%) foi o mais importante na determinação do caráter teor de óleo, enquanto o efeito de dominância foi o de menor importância (0,11%). Portanto, esse fato possibilita a obtenção de genótipos homozigóticos superiores, por meio da seleção, a partir da geração F₃, e que os ganhos nos ciclos de seleção a partir deste cruzamento serão satisfatórios, devidos o efeito aditivo ter uma elevada magnitude. Logo, os resultados sugerem que o modelo aditivo-dominante pode explicar a maior parte das variações neste caráter, isto em razão da baixa contribuição dos efeitos das interações epistáticas.

Tabela 8- Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m,a,d,aa,ad,dd), pelo método de eliminação de Gauss, para o caráter teor de óleo em algodão, com respectiva soma de quadrado dos desvios e o coeficiente de determinação (R^2 %). Embrapa Algodão, Campina Grande-PB.

Parâmetro ¹	CNPAC 300/91 x V3	
	SQdesvio	R^2 (%)
m/a,d,aa,ad,dd	681,111	99,15
a/m,d,aa,ad,dd	4,372	0,63
d/m,a,aa,ad,dd	0,802	0,11
aa/m,a,d,ad,dd	0,587	0,09
ad/m,a,d,aa,dd	0,042	0,01
dd/m,a,d,aa,ad	0,041	0,01
Total	686,956	100,00

¹m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F_3 ; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditivo x aditivo; ad: medida das interações aditivo x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante

Apesar de o uso do modelo genético completo para descrever as médias das gerações ser de grande importância para o conhecimento mais abrangente das causas genéticas e magnitudes dos componentes genéticos que controlam o caráter, deve-se também ser avaliado o modelo reduzido aditivo-dominante que, além de mais simples, tem sido rotineiramente utilizado no melhoramento, para prover as informações indispensáveis na avaliação da eficiência de métodos empregados e do êxito dos mesmos, como é proposto por Cruz et al., (2004).

A partir da análise da média de gerações (Tabela 9), verificou-se que o modelo aditivo-dominante, apenas com os parâmetros (m, a, d) foi adequado para explicar os efeitos gênicos envolvidos na herança do teor de óleo no algodoeiro, o que indica que efeitos epistáticos não foram importantes no controle genético das características avaliadas, uma vez que o coeficiente de determinação para o ajuste a este modelo foi de 97,34%. A média foi o parâmetro em que se obteve a maior estimativa; o efeito gênico decorrente da dominância, a maior variância, e todos os parâmetros estimados diferiram significativamente de zero, a 1% de probabilidade, pelo teste t. Portanto, o modelo aditivo-dominante foi satisfatório para explicar o comportamento da média das gerações, no caráter em estudo. A variabilidade atribuída ao desvio de dominância, presente na F_3 , é relativamente superior à aditiva (Tabela 10).

Tabela 9- Teste de significância de nulidade pelo modelo aditivo-dominante dos parâmetros genéticos, obtidos das de seis gerações (P1, P2, F1, F3, RC1a, RC2a) do algodoeiro. Embrapa Algodão, Campina Grande-PB.

Parâmetro ¹	Teor de óleo		
	Estimativa	Variância	T
m	19,463	0,0127	172,86**
a	-0,589	0,0218	-3,39**
d	1,945	0,0851	6,73**
R ² (%) = 97,34			

¹ m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F₃; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância.**Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 10- Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m,a,d), pelo método de eliminação de Gauss, do caráter teor de óleo em algodão, de acordo com o modelo aditivo-dominante. Embrapa Algodão, Campina Grande-PB.

Parâmetro ¹	CNPAC 300/91 x V3	
	SQdesvio	CR (%)
m	29879,6147	99,79
a	15,91	0,06
d	44,49	0,15
Total	29940,02	100,00

¹m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F₃; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância; SQdesvio: soma de quadrado dos desvios; CR (%): contribuição relativa de cada parâmetro.

6. Conclusões

- Os progenitores CNPAC 300/91 x V3 não foram tão contrastantes para o teor de óleo, este fato comprometeu as interpretações biométricas, uma vez que pouca variabilidade genética foi expressa.

- No cruzamento, CNPAC 300/91 x V3 a variância atribuída ao desvio de dominância, correspondeu à maior parte da variância genética.

- O efeito gênico e a variância atribuída aos desvios de dominância obtiveram maiores estimativas e, portanto, de maior importância.

- O modelo aditivo-dominante foi satisfatório para explicar o comportamento da média das gerações, no caráter em estudo.

- A metodologia de análise de gerações mostrou-se de grande valia para o estudo dos principais parâmetros genéticos da cultura do algodoeiro.

7. Referências bibliográficas

BELTRÃO, N. E. M. Agronegócio das oleaginosas no Brasil. Informe agropecuário 26 (229): 14-17, 2005.

BERTI, C. L. F. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma, em teste de progênes de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*, aos 24 anos de idade em Luiz Antônio-SP. 2010. 69 p. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção. Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho”. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, SP.

BORÉM, A. Melhoramento de plantas. 5ª Ed. Viçosa: UFV, 529p. 2009.

CARVALHO, L. P. Controle genético da percentagem de fibra e peso de capulho em algodoeiro herbáceo. Revista Ceres. v. 42, n. 244, p. 626 - 636. 1995.

CARVALHO, L. P.; FREIRE, R. M. M.; MEDEIROS, E. P.; LIMA, M. M. A. Seleção em algodoeiro visando ao aumento do teor de óleo na semente. IV Congresso Brasileiro de Mamona e I Simpósio Internacional de Oleaginosas Energéticas, João Pessoa- PB, 2010.

CARVALHO, L. P.; SILVA, G. E. L.; ANDRADE, C. C.; LIMA, M. M. A.; FREIRE, R. M. M.; BRITO, G. G.; LIMA, L. H. G. M.. Capacidade geral e específica de combinação para teor de óleo em sementes de cultivares de algodão. VII Congresso Brasileiro do Algodão, Foz do Iguaçu, Paraná, 2009.

CARVALHO, L. P.; SILVA, G. E. L.; LIMA, M. M. A; MEDEIROS, E. P.; BRITO, G. G.; FREIRE, R. M. M. Variabilidade e capacidades geral e específica de combinação para teor de óleo em algodoeiro. Revista brasileira de oleaginosas, fibrosas, Campina Grande, v. 14, n.1, p. 19-27, jan/abr. 2010.

CASTRO, L. P. Herança da produção de grãos e dos componentes de produção de soja. 2008. 44 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Planta). Escola Superior Luiz de Queiroz (Esalq/USP), SP.

CRUZ, C. D. Princípios de Genética Quantitativa. Editora UFV. Viçosa (MG). 2º reimpressão. 394p. 2012.

CRUZ, C. D.; Programa Genes – Biometria. Viçosa: UFV. 2006. p.382

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genéticos. Viçosa. UFV, 1997, 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético (volume 1). 3ª Ed. Viçosa: UFV. 2004. p.171-193.

FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Trad. SILVA, M. A.; SILVA, J. C., Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ. 1981, 279p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. New York: Longman, 1996. 464p.

FEHR, W.R. Principles of cultivar development. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

GAMBLE, E. E. Gene effects in corn (*Zea mays* L.) - I: separation and relative importance of gene effects for yield. Canadian Journal of Plant Science, Ottawa, v. 42, p. 339-348, 1962.

MANFIO, C. E. Análise genética no melhoramento da macaúba. 2010. 52 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Planta). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

MARCONCINI, L. V.; COLNAGO, L. A.; JUNQUEIRA, M.; Método universal para a determinação do teor de óleo em sementes e frutos por RMN em baixa resolução. 4º Congresso da Rede Brasileira de Tecnologia de Biodiesel e 7º Congresso Brasileiro de Plantas Oleaginosas, Óleo, Gorduras e Biodiesel, 2010.

MARTINS FILHO, S.; GRAVINA, G. A.; SEDIYAMA, C. S. Controle genético da resistência da soja à raça 4 de *Cercospora sojina*. Pesquisa Agropecuária Brasileira. Brasília, v. 37, n. 12, p. 1727-1733, dez. 2002

MARTINS, I. S. Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis*. 1999. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1999.

Mather, K. and Jinks, J.L. (1974). Biometrical Genetics. 2nd edn. Cornell University Press, Ithaca, New York.

MATHER, K.; JINKS, J. L. Introdução à genética biométrica. Trad. DUARTE, F. A. M. et al., Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 1984, 242p.

NOVAES, T. G.; ALMEIDA, W. P.; SCHUSTER, I.; AGUIAR, P.; MEHTA, Y. R.. Inheritance of cotton resistance to *Ramularia areola*. Summa Phytopathologica, Botucatu v.37, n.2, p.150-152, 2011.

OLIVEIRA, M. A. C.; DUARTE, J. B.; MORELLO, C. L.; SUASSUNA, N. D.; Componentes de médias de gerações no estudo do controle genético da resistência ao agente casual da ramulose do algodoeiro. Congresso Brasileiro de Algodão, VII, Foz do Iguaçu. Sustentabilidade da cotonicultura brasileira e expansão dos mercados: anais. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2009. p. 1667-1674.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Editora UFG, Goiânia, 1993. 271p.

ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. Statistical genetics and plant breeding. Washington: NAS-NCR, 1963, p.609-614.

ROWE, K. E.; ALEXANDER, W. L. Computations for estimating the genetic parameters in joint-scaling test. Crop Science, Madison, v. 20, n.1, p. 109-110, Jan./Feb. 1980.

SANTOS, J. B.; VESCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 21: 957-963, 1986.

TANG, J. N. B. JENKINS, C.E. WATSON, J.C. McCARTY, and CREECH, R.G. Evaluation of genetic variances, heritabilities, and correlations for yield and fiber traits among cotton F2 hybrid populations. *Euphytica*, v.91, n. 3, 315-322, 1996.

WAN-CHAO, N.; YU-WEN, Y.; BAO-LONG, Z.; XINLIAN, S. Cottonseed oil as promising biodiesel in future. *Cotton Science*, v. 20, p. 62, 2008.

CAPÍTULO 2

GANHOS COM A SELEÇÃO PARA TEOR DE ÓLEO NO ALGODOEIRO

GANHOS COM A SELEÇÃO PARA TEOR DE ÓLEO NO ALGODOEIRO

1. Resumo

O presente trabalho teve o objetivo de selecionar genótipos segregantes do algodoeiro na geração F_5 através da estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos como herdabilidade, ganhos com a seleção direta e indireta. Para tal, foram selecionadas no banco de germoplasma da Embrapa algodão com cerca de 300 acessos, três acessos com alto teor de óleo, que são, BRS Aroeira com 25,31%, Acala 1.13-3-1 com 26,71% e 149 FURRS com 26,01%, os quais foram cruzadas com linhagens elite do programa de melhoramento da Embrapa Algodão, realizando no total nove tipos de cruzamentos. As análises foram determinadas desde as sementes F_3 , as quais foram conduzidas até chegar a geração F_5 com 22 linhagens; estas foram avaliadas juntamente com duas testemunhas, a linhagem CNPAC 300/91 e o acesso V_3 que possuem o mais baixo e o mais alto teor de óleo, respectivamente, na avaliação feita por Carvalho et al. (2010). As 22 linhagens foram avaliadas em um ensaio inteiramente ao acaso com 4 repetições, em cada repetição foram feitas três análises do teor de óleo, sendo que para a análise de variância usou-se a média destas três avaliações. Os dados estimados do teor de óleo das gerações em estudos possibilitaram estimar as variâncias fenotípicas, genotípicas, ambiental, herdabilidade pela regressão pai-filho, sendo F_3 (pai) e F_5 (filho), e obtenção do ganho genético. Foi determinado que existia variação genética entre as progênes, portanto, a possibilidade de obter-se ganhos pela seleção entre e dentro de progênes. A geração F_5 é a mais indicada para maximizar o ganho genético por seleção para o caráter teor de óleo em algodão. O ganho genético estimado na geração F_5 correspondeu a 4,98%, superior a geração F_3 denotando que a seleção para o caráter será bem mais eficiente, ao realizar a seleção direta na F_5 . A linhagem CNPA 2011/12 apresenta potencial para ser utilizada como genitor em programas de melhoramento visando melhoria do teor de óleo do algodoeiro.

2. Introdução

Nos últimos anos, com a valorização do preço internacional e com a demanda crescente por biodiesel, está havendo maior interesse no aumento do teor de óleo das cultivares de algodão. No Brasil, o interesse é cada vez maior pelo uso do óleo de algodão na produção de biodiesel, principalmente pelo fato de não estar ligado à

produção de alimentos, tem proporcionado grande incentivo, inclusive, por políticas governamentais, para o desenvolvimento de programas de melhoramento direcionados para o desenvolvimento de cultivares com alto teor de óleo nas sementes do algodoeiro.

Segundo Silveira (2007), um ponto de grande importância para o desenvolvimento de novas cultivares é a presença de variabilidade genética para a realização de um processo seletivo que efetivamente resulte em ganhos genéticos significativos quanto ao caráter em estudo. Khan et al., (1999) e Khan (2003) estudaram genótipos de algodoeiro herbáceo e encontraram alta variabilidade genética quanto as características de produtividade e características de algodão.

Em um trabalho conduzido por Khan et al. (2010) ao estudar a variabilidade genética em oito genótipos (CIM-466, CIM-473, CIM-496, CIM-499, CIM-506, CIM-538, CIM-707 e SLH-279) quanto ao teor de óleo em algodão, determinou que, a porcentagem de óleo nas sementes de algodão variou de 27,52% para 30,15% entre os oito genótipos, sendo o genótipo SLH-279 (30,15%) o que obteve a maior porcentagem de óleo. Dani (1989) e Dani (1991) estudaram o desempenho médio de várias cultivares de *Gossypium hirsutum* quanto ao teor de óleo em algodão, observaram variações significativas entre genótipos quanto ao caráter em estudo. Khan et al. (2009) determinou que o teor de óleo nas cultivares de algodão estudadas, variaram de 27,55% (BH-36) para 29,32% (CIM-240).

O desempenho geral de um genótipo pode variar devido a mudanças no ambiente e quanto maior for a herdabilidade, mais simples é o processo de seleção e maior é a resposta à seleção (Larik et al, 1997 e 2000; Soomro et al, 2008). Para Bárbaro (2006), a obtenção da estimativa de parâmetros genéticos assume importante papel preditivo para o direcionamento de programas de melhoramento em relação ao processo seletivo dos genótipos mais promissores e é uma das estratégias para se manter ou obter melhores ganhos na seleção, do caráter em estudo.

Para ter êxito em um programa de melhoramento envolvendo qualquer caráter requer-se, obrigatoriamente, que ele seja herdável e que exista variação na população onde se pratica a seleção de acordo com Cruz e Carneiro, (2003). Portanto, o coeficiente da herdabilidade é um dos parâmetros de maior utilidade para os melhoristas, este, permite prever a possibilidade de sucesso com a seleção, pois reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada. Além disto, de acordo com Cruz et al., (2004), a determinação das diferenças genéticas e não-genéticas entre os indivíduos é de fundamental importância para se estimar os ganhos genéticos e escolher os métodos de seleção a serem aplicados.

As estimativas de herdabilidade para caracteres economicamente importantes são necessárias para a escolha de uma estratégia eficaz de melhoramento genético, permitindo definir o momento em que a seleção será mais eficiente e qual a intensidade a ser aplicada (Muniz et al., 2002). Existem diversos métodos para se estimar o coeficiente de herdabilidade em plantas autógamas, uma delas é por meio da medida de semelhança entre pai e filho; através da porção genética da variação no sentido amplo ou como a porção genética da variação no sentido restrito (Jacquard, 1983).

Diversos trabalhos têm sido realizados com objetivo de obter estimativas de herdabilidade, tanto no sentido amplo quanto restrito, para vários caracteres em algodão (Bertini et al., 2001; Yeshwanty e Arias, 2001; Fuzatto et al., 2005; Carvalho et al., 2006; Machado et al., 2009; Benites et al., 2009; Khan, et al., 2010). Trabalhos relatando a obtenção da estimativa da herdabilidade, utilizando-se a regressão pai-filho, são encontrados podendo-se citar alguns estudos com aveia (Cabral et al., 2001 e Cabral et al., 2002) e outros com soja (Muniz et al., 2002; Costa et al., 2004).

De maneira geral, o método de regressão pai-filho é amplamente utilizado e consiste em avaliar as características em um grupo de plantas de uma geração e, na seqüência, avaliar as mesmas características nos descendentes da geração seguinte (Borém et al., 2005). Neste método, o coeficiente de regressão corresponde ao grau de associação entre as características avaliadas nos pais e nas respectivas progênies.

Para Passo et al., (2011), no melhoramento de plantas, a seleção tem papel fundamental para a predição de ganhos por seleção. O ganho, ou progresso de seleção, é definido como a diferença entre a média fenotípica de um caráter em uma população melhorada e a média fenotípica da população de origem, anterior a seleção. Esse ganho vai depender da pressão de seleção seguindo um determinado grau de exigência do melhorista. Fortes pressões de seleção conduzem a ganhos elevados, todavia pouco duradouros. No entanto, seleção branda tende a ser mais duradoura e com menor progresso (Pinto, 1995). Segundo Reis et al., (2004), com a seleção o objetivo é acumular alelos favoráveis à característica de interesse em uma determinada população e é um processo vinculado a uma constante e permanente renovação.

A seleção de progênies superiores é relativamente difícil, uma vez que os caracteres de importância, em sua maioria quantitativo, apresentam comportamento complexo, por serem muito influenciados pelo ambiente e estarem inter-relacionados, de tal forma que a seleção em um, pode provocar mudanças em outros (Cruz e Regazzi, 2001). Portanto, cabe ao melhorista identificar o critério de seleção a ser adotado, para maximizar os ganhos genéticos no sentido desejado nos caracteres de interesse.

Ao realizar estudos utilizando diferentes métodos para estimar o ganho genético, Fonseca Júnior (1997), no período de 1977 a 1995, em feijão, concluiu que o desafio dos métodos de estimação de ganho genético é obter médias de genótipos com menor influência possível do ambiente.

Uma das contribuições da genética quantitativa para o melhoramento genético vegetal foi a de estimar os ganhos genéticos advindos de diferentes métodos de seleção. Assim, os processos de seleções direta e indireta surgem como as primeiras alternativas para obtenção de ganhos genéticos compensadores (Martins, et al, 2003). É um método de seleção usado em programas de melhoramento genético quando se tem um único caráter sobre o qual se deseja praticar a seleção, é simples de ser aplicado.

3. Objetivo

Verificar a existência de variabilidade genética, determinar os parâmetros genéticos, utilizando regressão pai-filho para determinar a herdabilidade, conseqüentemente, obter o máximo de ganho genético na geração F_5 e fazer a seleção dos genótipos de algodão mais promissores na geração segregante F_5 , utilizando a metodologia da seleção direta ou indireta.

4. Material e Métodos

4.1. Obtenção das gerações segregantes

Baseando-se na avaliação feita por Carvalho et al. (2010) em que foram selecionados genótipos do banco ativo de germoplasma com alto teor de óleo e posterior avaliação da capacidade geral de combinação entre eles em um dialelo, foram selecionados aqueles materiais com maior capacidade geral de combinação para cruzamentos com linhagens elites e cultivares do programa de melhoramento da Embrapa, no Cerrado, com objetivo de gerar populações de melhoramento para aumento do teor de óleo.

No banco de germoplasma da Embrapa algodão, com cerca de 300 acessos, foram selecionadas três acessos com alto teor de óleo, que são, BRS Aroeira com 25.31%, Acala 1.13-3-1 com 26.71% e 149 FURRS com 26.01%, os quais foram cruzadas com linhagens elite do programa de melhoramento da Embrapa Algodão, realizando no total nove tipos de cruzamentos (Tabela 1).

Tabela 1: Cruzamentos realizados para a produção da população segregante, utilizando linhagens elites promissoras no Cerrado e acessos do banco de germoplasma (BG) com alto teor de óleo. Embrapa Algodão, Campina Grande- PB.

Cruzamento	Linhagens elites	Acesso do BG
1	CNPA BA 2005 8909	Acala 1.13-3-1
2	CNPA BA 2005 3008	149 FURRS
3	CNPA GO 2002 2043	BRS Aroeira
4	CNPA BA 2002 2043	Acala 1.13-3-1
5	CNPA BA 2005 3008	Acala 1.13-3-1
6	CNPA BA 2003 2059	Acala 1.13-3-1
7	CNPA BA 2003 2059	149 FURRS
8	BRS Buriti	Acala 1.13-3-1
9	CNPA BA 2005 8909	BRS Aroeira

Os experimentos foram conduzidos no campo experimental da Embrapa Algodão em Campina Grande, estado da Paraíba, localizado a uma altitude 551 m, com temperatura média 25 °C e umidade 72% - 91%.

As gerações segregantes foram conduzidas pelo método genealógico, sempre selecionando entre e dentro de progênies para maior teor de óleo. A população F₁ obtida de cada cruzamento foi autofecundada no campo, em fileiras de 5,0 metros de comprimento, para cada cruzamento. Em seguida foram obtidas as sementes F₂ que foram autofecundadas novamente em fileiras com 5,0 metros de comprimento, para cada cruzamento. Posteriormente, foram colhidas 332 plantas F₂, sementes F₃, e avaliadas individualmente, realizando assim as análises do teor de óleo das sementes F₃.

O teor de óleo entre as 332 sementes F₃ variaram de 19,4% a 29,4%. Destas análises de sementes F₃, foram selecionados os 70 indivíduos com teor de óleo maior que 27,0% em uma primeira avaliação. Os 70 indivíduos foram re-avaliados aproximadamente 30 dias após a primeira avaliação, para avaliar a repetibilidade do teor de óleo nas sementes, estas tendo sido armazenadas em condições ambientais.

Destas 70 linhagens foram descartadas 23 com teor de óleo mais baixo, restando 49 linhagens que foram avaliadas em látice 7 x 7 com duas repetições. Como as sementes em uma repetição não germinaram bem, fez-se a leitura do teor de óleo apenas em uma repetição de cada progênie F₄ autofecundada. Posteriormente, foram selecionadas 22 linhagens F₅, que juntamente com duas testemunhas, a linhagem CNPAC 300/91 e o acesso V₃ que possuem o mais baixo e o mais alto teor de óleo, respectivamente, na avaliação feita por Carvalho et al. (2010), foram avaliadas em um

ensaio inteiramente ao acaso com 4 repetições; em cada repetição foram feitas três análises do teor de óleo, sendo que para a análise de variância usou-se a média destas três avaliações.

O teor de óleo foi medido em aparelho de Ressonância Magnética Nuclear-RMN (Oxford, 2007), localizado no laboratório de análises de sementes da Embrapa Algodão.

4.2. Análise Estatística

Os dados estimados do teor de óleo das gerações em estudos possibilitaram estimar as variâncias fenotípicas, genotípicas, ambiental, herdabilidade pela regressão pai-filho, sendo F_3 (pai) e F_5 (filho), e obtenção do ganho genético, conforme Cruz e Regazzi (1997).

Para a obtenção da herdabilidade, para a população F_3 , baseada na regressão pai-filho, estimada com avanço desta para a geração F_5 , segundo Smith e Kinman (1965), é obtido pela expressão a seguir:

$$h_{\text{reg}}^2 = \frac{b}{2r_{F_t, F_{t+1}}} = \frac{b}{1 + F_t} = \frac{b}{1 + F_3}$$

em que,

$$b = \frac{\text{COV}(F_3, F_5)}{V(F_3)} = \text{coeficiente de regressão}$$

F_t = coeficiente de endogamia da geração F_3

onde,

$\text{COV}(F_3, F_5)$ refere-se à covariância entre os valores dos indivíduos F_3 e a média das linhas F_5 ;

$\sigma_{F_t}^2 = V(F_3) = \text{variância da população } F_3$.

Foram estimados os ganhos por seleção direta e indireta entre as famílias da geração F₃ e geração F₅ de algodão para o caráter teor de óleo, considerando-se a seleção de 20% melhores famílias.

Os ganhos esperados pela seleção direta para o caráter teor de óleo das linhagens selecionadas na geração F₅, foram estimados pela expressão:

$$GS_i = h_i^2 DS_i$$

em que:

GS_i refere-se ao ganho com a seleção direta praticada na geração i;

h_i² = herdabilidade da geração i

DS_i refere-se ao diferencial de seleção com base nos genótipos de melhor desempenho para a geração i.

Os ganhos obtidos com a resposta indireta à seleção foram calculados por meio da expressão:

$$GS_{i(j)} = h_i^2 DS_{i(j)}$$

em que:

GS_{i(j)} refere-se ao ganho na geração i, com a seleção baseada na geração j;

DS_{i(j)} refere-se ao diferencial de seleção da geração i, no qual os genótipos selecionados são os de melhor desempenho para a geração j.

Nestas expressões a variância genética manifestada na geração F₃ foi calculada indiretamente a partir da variância genética da F₅, obtida por meio da análise de variância, considerando que:

$$\sigma_{g(F_n)}^2 = 2F\sigma_A^2 + F(1 - F)\sigma_D^2$$

σ_A^2 = Variância aditiva

σ_D^2 = Variância atribuída aos desvios de dominância

F = Coeficiente de endogamia admitindo que é igual a $\frac{1}{2}$ e $\frac{7}{8}$ nas gerações F₃ e F₅, respectivamente.

Assim, desconsiderando a parte não aditiva, tem-se:

$$\sigma_{g(F_5)}^2 = \frac{7}{4} \sigma_A^2$$

$$\sigma_{g(F_3)}^2 = \sigma_A^2 = \frac{4}{7} \sigma_{g(F_5)}^2$$

Com base na seleção direta e indireta foram identificadas as melhores linhagens e calculados os ganhos de seleção conforme descrito por Cruz (2006).

Para todas as análises estatísticas foram utilizados os recursos computacionais do programa GENES (Cruz, 2006).

5. Resultados e Discussão

Com a aplicação da seleção genealógica a partir da geração F₂ foi possível obter as 22 linhagens com alto teor de óleo na geração F₅ e a partir destas realizar a identificação das linhagens mais promissoras por meio do método de seleção direta e indireta (Tabela 2). As linhagens destacadas foram as mais promissoras selecionadas após o processo de avaliação, quanto ao caráter em estudo.

Freire et al., (2009) ao realizar estudos para avaliar novas linhagens de algodão colorido quanto ao teor de óleo, determinou das 12 linhagens avaliadas mais duas testemunhas com alto teor de óleo, a cultivar Aroeira e o acesso V3 do BAG (Embrapa Algodão) que a linhagem CNPA 2009/50 foi a que apresentou maior teor de óleo na semente, inclusive da testemunha para alto teor de óleo, a cultivar Aroeira, a qual utilizada neste trabalho. Portanto, uma excelente linhagem a ser usada nos programas de melhoramento para obtenção de novas cultivares com alto teor de óleo em algodão.

Tabela 2: As 22 linhagens mais promissoras avaliadas na geração F₅, com suas respectivas origem do cruzamento e os nomes determinado a cada uma delas. Embrapa Algodão, Campina Grande- PB.

F3:F5	Origem	Nome
T4-30	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/1
T4-16	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/2
T4-17	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/3
T4-32	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/4
T4-15	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/5
T4-26	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/6
T4-41	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/7
T4-10	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/8
T4-13	CNPA GO 2002-2043 x AC-13-3-1	CNPA 2001/9
T5-25	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/10
T5-24	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/11
T5-28	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/12
T5-41	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/13
T5-15	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/14
T5-9	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/15
T5-12	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/16
T5-14	CNPA BA 3008x AC-13-3-1	CNPA 2001/17
T3-6	CNPA GO 2002-2043 x Aroeira	CNPA 2001/18
T3-10	CNPA GO 2002-2043 x Aroeira	CNPA 2001/19
T3-5	CNPA GO 2002-2043 x Aroeira	CNPA 2001/20
T6-6	CNPA BA 2059 x AC 13-3-1	CNPA 2001/21
T2-26	CNPA BA 3008 x 149 FURSS	CNPA 2001/22

Na Tabela 3 está apresentado o resumo da análise de variância na geração F₅ para o caráter teor de óleo, as médias e o coeficiente de variação. O experimento apresentou boa precisão, com coeficiente de variação abaixo de 1% para teor de óleo, evidenciando que, no experimento, houve baixa variação ambiental. Nota-se que a média dos genótipos na geração F₃: F₅ foi superior a média das duas testemunhas, em valor correspondente a 1%. Pode-se observar que houve diferença significativa entre os tratamentos, os genótipos avaliados, assim como entre as testemunhas, em nível de 5% de probabilidade, quanto ao teor de óleo nas sementes de algodão. Desta maneira, pode-

se inferir que existe variabilidade genética entre os genótipos, para o caráter, o que demonstra a possibilidades de obtenção de ganhos genéticos pela aplicação da seleção nesta população.

A presença de variabilidade genética também foi relatada por Pope e Ware (1945) quanto ao teor de óleo presentes nas sementes de algodão, encontraram valores variando de 16,1% a 26, 7% nos materiais avaliados. Lawhon et al. (1997) encontraram valores de 17,4% a 23,2 % em cultivares americanas de algodão. Enquanto Gondim-Tomaz et al. (1998) encontraram valores de 23,2% a 24,2%, nas cultivares de algodão avaliadas.

Carvalho et al. (2010) com base nos resultados de Andrade et al. (2008) em que avaliou 360 acessos do banco de germoplasma de algodão da Embrapa Algodão quanto ao teor de óleo nas sementes, selecionou três acessos com alto teor de óleo nas sementes e realizou vários cruzamentos com linhagens elite para o caráter em estudo, desta maneira, observaram que havia variabilidade na geração F₂ dos diversos cruzamentos e que existia possibilidades de ganhos genéticos com a seleção para o aumento do teor nas gerações F₂. Indicando grandes avanços no desenvolvimento de novas cultivares.

Tabela 3: Resumo da análise de variância do caráter teor de óleo na geração F₅. Embrapa Algodão, Campina Grande- PB.

Fonte de Variação	Grau de liberdade	QM	F
Tratamentos	23	4, 094448	133, 0753*
Genótipos (G)	21	2, 898743	94, 2132*
Testemunhas	1	25, 932001	842, 8265*
G vs Test	1	7, 366705	239, 4282*
Resíduo	72	0, 030768	
Média geral	23,84		
Média dos genótipos	23,92		
Média das testemunhas	22,92		
CV(%)	0,74		

* significativos a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Com os resultados da análise de variância na geração F₅ foram estimados os parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais, obtendo também os coeficientes de variação genético e a relação entre o coeficiente genotípico e ambiental (Tabela 4). Pode-se observar que a variância genética explica quase que toda a variância fenotípica encontrada, sem quase nenhuma influência da variação ambiental. Portanto, um programa de melhoramento depende, basicamente, da quantidade de variação genética

e, sobretudo, do valor relativo desta em relação ao valor fenotípico total (Berti, 2010). Já os ganhos na seleção são função da variação genética herdável existente nas populações (variação genética aditiva), do controle genético (herdabilidade) dos caracteres que se pretende melhorar e da intensidade de seleção aplicada (Berti, 2010). Portanto, é fundamental estimar parâmetros genéticos para predizer os ganhos genéticos com a seleção.

Segundo Falconer (1978), a principal função da herdabilidade é seu papel preditivo, que expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico, de tal forma que quanto maior a herdabilidade maior o ganho genético por seleção. Na Tabela 4 é observado que o valor da herdabilidade baseada nas médias dos genótipos foi de 98,94%, ou seja, evidência a possibilidade de ganhos genéticos significativos no caráter com a adoção de critérios de seleção mais simples, como a seleção direta e indireta. Quanto à acurácia, medida pelo coeficiente de herdabilidade, foi bastante alta. O coeficiente de variação genética (CV_g) com valor mediano de 3,54%, também indicando possibilidades de maiores ganhos genéticos na população. A relação do coeficiente de variação genético com o coeficiente de variação ambiental, igual a 4,83, demonstrou que é a situação, experimental e populacional, bastante favorável para a obtenção de ganho genético usando métodos de seleção simples, como observado por Cruz e Regazzi, (1997).

Tabela 4: Resumo dos parâmetros fenotípicos, genéticos e ambientais obtidos dos genótipos da geração F_5 avaliados quanto ao teor de óleo do algodoeiro. Embrapa Algodão, Campina Grande- PB.

Parâmetro ¹	Estimativa
σ_F^2	0,73
σ_G^2	0,72
σ_E^2	0,0077
h^2	98,94
Correlação intraclasse	95,88
CV_g (%)	3,54
CV_g / CV_e	4,83

¹ σ_F^2 : variância fenotípica; σ_G^2 : variância genotípica; σ_E^2 : variância de ambiente; h^2 : herdabilidade; CV_g : coeficiente de variação genético; CV_e : coeficiente de variação ambiental;

Na Tabela 5 são apresentadas as médias e as variâncias das 22 linhagens selecionadas para alto teor de óleo nas populações F_3 , a média e variâncias das mesmas linhagens selecionadas na população F_5 , os valores estimados de herdabilidade segundo

as metodologias de Smith e Kinman (1965) e Frey e Horner (1957), por meio da regressão de F_3 sobre F_5 , para o caráter estudado.

As linhagens selecionadas na geração F_3 promoveram médias superiores às da geração F_5 . Isso ocorreu provavelmente, devido a erros na precisão do experimento, a idade das sementes, ou devido à grande influência ambiental. Pela estimativa das variâncias, pode-se observar que a variância fenotípica em F_5 foi superior a geração F_3 . Como se trata de indivíduos aparentados, a covariância entre os valores fenotípicos é função apenas da variância genética não envolve o componente ambiental. Portanto, a variância fenotípica é quase totalmente explicada pela variância genética. Quanto as estimativas de herdabilidade, segundo as duas metodologias de regressão pai-filho foram, em geral, baixas. Tal fato ocorreu provavelmente, devido à geração F_5 ter sido oriunda apenas de indivíduos selecionados em F_3 . Além da alta porcentagem de seleção aplicada em F_3 , tornando baixa a variância genética presente (Tabela 5).

Tabela 5: Médias e variâncias fenotípicas das linhagens selecionadas na geração Estimativa da herdabilidade pelo método de regressão pai-filho, estes F_3 e F_5 , para o caráter teor de óleo. Embrapa Algodão, Campina Grande- PB.

Descrição	Estimativa
Genótipos	22
Média da F_3 (P)	28, 17
Média da F_5 (F)	23, 93
σ_F^2 (P)	0, 32
σ_F^2 (F)	0, 73
Cov (P, F)	0, 10
Correlação	0, 22
h^2 (SK) %	21,09
h^2 (FH) %	14,31

H^2 (SK): estimativa da herdabilidade segundo Smith e Kinman(1965)

H^2 (FH): estimativa da herdabilidade segundo Frey e Horner (1957)

σ_F^2 (P): variância fenotípica do pai;

σ_F^2 (F): variância fenotípica do filho;

Na Figura 1 estão dispersos os valores médios das 22 linhagens avaliadas na geração F_5 com as suas respectivas médias na geração F_3 , quanto ao teor de óleo em algodão, permitindo avaliar as conseqüências da seleção praticada, em especial destacando os pontos observados em cada um dos quadrantes da referida figura. Verifica-se que há tanto no quadrante esquerdo superior (B) quanto no quadrante direito inferior (D), vários pontos observados indicando que, apesar da correlação das médias

das gerações ter sido positiva, para algumas linhagens, os resultados a serem obtidos pela seleção indireta, ou precoce, não são aqueles de maior interesse do melhorista.

A correlação positiva, principalmente com a magnitude relativamente baixa, não garante que, ao selecionar as melhores linhagens no quadrante D, ou as melhores do quadrante B, haverá ganhos simultâneos nas duas gerações consideradas. Assim, analisando a Figura 1, verifica-se que a seleção das linhagens em D, com desempenho superior na geração F_3 , não será tão eficaz para se ter bom desempenho em F_5 , uma vez que incluirá as linhagens 6, 7, 12, 13, 15 e 20, acima da média em F_3 , mas desfavorável quanto às sua descendência em F_5 . Pode-se observar que a seleção praticada com as escolhas dos indivíduos do quadrante A é que revela a eficácia do processo seletivo precoce, uma vez que neste quadrante encontram-se os indivíduos que proporciona um aumento das médias na geração F_3 que também seria refletido na geração F_5 .

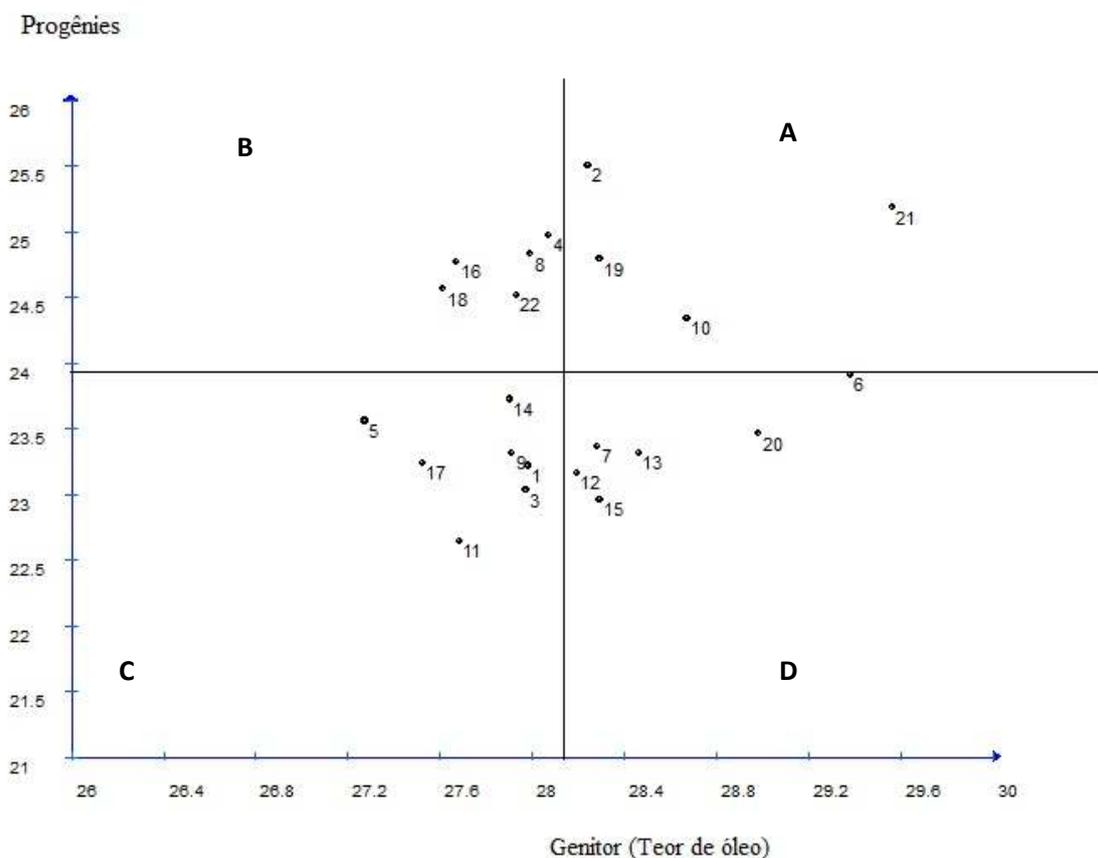


Figura 1: Dispersão gráfica das médias das 22 linhagens, preditos para a avaliação da seleção na geração F_3 e F_5 . Embrapa Algodão, Campina Grande- PB.

A linhagem que proporcionou maior média geral nas duas gerações foi a 21(CNPA 2011/12), sendo de origem do cruzamento, CNPA BA 3008x AC-13-3-1, que obteve o maior teor de óleo, portanto é uma excelente linhagem a ser utilizada em programas de melhoramento para a produção de cultivares com alto teor de óleo.

Também é interessante observar o quadrante C com maior quantidade de indivíduos que, num processo seletivo, seriam descartados precocemente de forma efetiva. Estes indivíduos (1, 3, 5, 9, 11, 14 e 17) apresentaram teor de óleo abaixo da média geral em ambas às gerações avaliadas.

Na Tabela 6 são apresentados os dados referentes a herdabilidade nas duas gerações, médias dos indivíduos selecionados em F₃ e F₅ diretamente e selecionados na F₃ na geração F₅ e os ganhos de seleção preditos diretos e indiretos para o caráter teor de óleo. Neste estudo a variância genética da geração F₃ foi estimada indiretamente, a partir da variância genética observada na geração F₅, tendo em vista o avanço da endogamia, porém deve-se ter em mente que esta estimativa pode ser afetada pela variação ambiental e, principalmente, pelo processo seletivo aplicado nas gerações avançadas após F₃.

Tabela 6: Parâmetros genéticos e ganho por seleção direta e indireta sobre o teor de óleo de 22 linhagens de algodão, em duas gerações F₃ e F₅.

Ganho	\bar{X}_O	\bar{X}_S	h ² %	GS	GS %
F ₃	28, 17	29, 14	58, 34	0,57	2,01
F ₅ (Indireto)	23, 92	24, 23	98, 94	0,30	1,26
F ₅ (Direto)	23, 92	25, 13	98, 94	1,19	4,98
Linhagens Selecionadas F ₃	Média (F ₃)	Média (F ₅)			
CNPA 2011/12		29, 56	25, 51		
CNPA 2011/8		29, 38	23, 92		
CNPA 2011/10		28, 98	23, 47		
CNPA 2011/3		28, 67	24, 34		
Linhagens Selecionadas F ₅					
CNPA 2011/20			25, 51		
CNPA 2011/12			25, 19		
CNPA 2011/19			24, 98		
CNPA 2011/5			24, 84		

Xs: média melhorada; Xo: média geral do experimento; DS: diferencial de seleção; h²: herdabilidade; GS: ganho por seleção; GS: percentual do ganho por seleção.

Segundo Cruz e Regazzi, (1997) a vantagem de se ter a resposta direta à seleção é que além de promover informações sobre a viabilidade da seleção, é identificar as linhagens mais promissoras a serem recombinadas para a formação de um novo ciclo de seleção. Desta maneira, pode-se observar que nenhum ganho indireto superou os ganhos diretos, pela própria natureza da expressão de ganho utilizada. A seleção de indivíduos na geração F₅ proporcionou ganho de seleção maior que na geração F₃, pelo fato do ganho ser diretamente proporcional a herdabilidade, esta sendo maior na geração F₅, o

que facilitará a determinação das linhagens mais promissoras. A seleção na geração F₃ e avaliação na geração F₅ proporcionou resposta não satisfatória comparada aos ganhos diretos nas duas gerações. A linhagem CNPA 2011/12 foi superior tanto avaliando direta quanto indiretamente na geração F₅; esta é resultante do cruzamento CNPA BA 3008x AC-13-3-1, sendo, portanto, evidente que esta linhagem tem excelente potencial para ser utilizada em programas de melhoramento para a produção de cultivares com alto teor de óleo.

6. Conclusões

- Existe variação genética entre as progênies (F₅) e, portanto, a possibilidade de obter-se ganhos pela seleção entre e dentro de progênies;

- A geração F₅ o mais indicado para maximizar o ganho genético por seleção para o caráter teor de óleo em algodão;

- O ganho genético estimado na geração F₅ correspondeu a 4,98%, superior a geração F₃ denotando que a seleção para o caráter será bem mais eficiente, ao realizar a seleção direta na F₅;

- A seleção praticada com as escolhas dos indivíduos do quadrante A é que revela a eficácia do processo seletivo precoce, uma vez que os indivíduos deste quadrante proporcionam um aumento das médias na geração F₃ que também seria refletido na geração F₅.

- A linhagem CNPA 2011/12 apresenta potencial para ser utilizada como genitor em programas de melhoramento visando melhoria do teor de óleo do algodoeiro.

7. Referências Bibliográficas

ANDRADE, C.C.; SILVA, G. H. E. L.; ALENCAR, C. E R. D.; LIMA, L. H. G. M.; MEDEIROS, E. P.; FRIRE, R, M. M.; BRITO, G. G.; LIMA, M. M. A.; CARVALHO, L. P. Variação do teor de óleo em germoplasma de algodão. In: Simpósio Brasileiro de Recursos Genéticos, 2, 2008, Brasília, DF.

BENITES, F. R. G.; PEDROSA, M. B.; MORELLO, C. L. Seleção para múltiplas características no algodoeiro. In: Congresso Brasileiro do Algodão, 7, 2009, Foz do Iguaçu- PR.

BERTI, C. L. F. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma, em teste de progênes de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*, aos 24 anos de idade em Luiz Antônio-SP. 2010. 69 p. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção. Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho”. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, SP.

BERTINI, C. H. C. M.; SILVA, F. P.; NUNES, R. P.; SANTOS, J. H. R. Ação gênica, heterose e depressão endogâmica de caracteres de produção em linhagens mutantes de algodoeiro herbáceo. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v. 36, n. 7, p. 941-948, jul. 2001.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoria de plantas. 4 ed. Viçosa: Editora UFV, 2005. 525p.

CABRAL, C. B.; MILACH, S. C. K.; CRANCIO, L. A.; PACHECO, M. T. Herança do peso de grãos primários e secundários em aveia. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.37, n.1, p.73-80, 2002.

CABRAL, C. B.; MILACH, S. C. K.; PACHECO, M. T.; CRANCIO, L. A. Herança de caracteres morfológicos de grãos primários em aveia. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.36, n.9, p.1133-1143, 2001.

CARVALHO, L. P.; FREIRE, R. M. M.; MEDEIROS, E. P.; LIMA, M. M. A. Seleção em algodoeiro visando ao aumento do teor de óleo na semente. IV Congresso Brasileiro de Mamona e I Simpósio Internacional de Oleaginosas Energéticas, João Pessoa- PB, 2010.

CARVALHO, L. P.; SANTOS, J. A. T.; HAMILTON SANTOS ALVES, H. S. Índice de seleção baseada em ganhos desejados e seleção baseada em níveis independentes de eliminação em algodoeiro. In: Congresso Brasileiro de Algodão, 6, 2005, Uberlândia-MG.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.39. p.1095-1102, 2004.

CRUZ, C. D.; Programa Genes – Biometria. Viçosa: UFV. 2006. p.382

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético (volume 2). Viçosa: UFV. 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético (volume 1). 3ª Ed. Viçosa: UFV. 2004. p.171-193.

DANI, R.G. 1989. Heterosis and combining ability for oil content and other economic traits in upland cotton (*G. hirsutum*). Indian J. Genet., 209: 209-212.

DANI, R.G. 1991. Analysis of combining ability for seed oil content in cotton (*G. hirsutum*). Acta Agron. Hungarica, 40: 123-127.

FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa: UFV, 1987. 219p.

FONSECA JÚNIOR, N. S. Progresso genético na cultura do feijão no Estado do Paraná para o período de 1977 a 1995. 1997. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba- SP.

FREIRE, R. M. M.; CARVALHO, L. P.; SILVA, C. M.; LIMA, M. M. A.; SANTOS, J. W.; FIRMINO, P. T. Avaliação de novos genótipos de algodão colorido quanto ao teor de óleo na semente. In: Congresso Brasileiro de Algodão, 7, 2009, p. 1472-1476. Foz do Iguaçu-PR.

FUZATTO, M. G.; CIA, E.; LUDERS, R. R. Potencial de seleção para resistência à murcha de *Fusarium* em cultivares e linhagens de algodoeiro disponíveis no Brasil. In: Congresso Brasileiro de Algodão, 5, 2004, Salvador-BA.

GONDIM-TOMAZ, R. M. A. G.; SOAVA, D. ; ERISMANN, N. M.; SABINO, N. P.; CIA, E.; AZZINI, A. Preparo de sementes para determinação do teor de óleo pelo método de RMN em seis variedades de algodoeiro. *Bragantia*, v. 57, n. 2, 1998.

JACQUARD, A. Heritability: one word, three concepts. *Biometrics*, Arlington, v.39, n.2, p.465-477, 1983.

KHAN, N. U. 2003. Genetic analysis, combining ability and heterotic studies for yield, its components, fibre and oil quality traits in upland cotton (*G. hirsutum*). Ph.D. Dissertation, Sindh Agric. Univ. Tandojam, Pakistan.

KHAN, N. U.; G. HASSAN, K. B.; MARWAT, M. B.; KUMBHAR, I.; KHAN, Z. A.; SOOMRO, M. J.; BALOCH; KAHAN, M. Z. 2009. Legacy study of cottonseed traits in upland cotton using Griffing's combining ability model. *Pak. J. Bot.*, 41(1): 131-142.

KHAN, N. U.; ABRO, H. K.; KUMBHAR, M. B.; HASSAN, G.; KAHAN, M. 1999. Exploitation of heterosis can combat cotton leaf curl virus (CLCuV) incidence in cotton (*G. hirsutum*). *The Pak. Cottons*, 43: 21-33.

KHAN, N.U.; MARWAT, K. B.; HASSAN, G.; FARHATULLAH; SUNDAS BATOOL, S.; MAKHDOOM, K.; AHMAD, W.; HABIB ULLAH KHAN, H. U. Genetic variation and heritability for cotton seed, fiber and oil traits in *Gossypium Hirsutum L.* *Pak. J. Bot.*, 42(1): 615-625, 2010.

LARIK, A. S.; MALIK, S. I.; MALIK, A. A.; KAKAR; NAZ, M. A. 2000. Assessment of heritability and genetic advance for yield components in *G. hirsutum*. *Scient. Khyber*. 13: 39-44.

LARIK, A. S.; ANSARI, S. R.; KUMBHAR M. B. 1997. Heritability analysis of yield and quality components in *G. hirsutum*. *Pak. J. Bot.* 29: 97-101.

LAWHON, J. J.; CATER, M. M.; MATTIL, K. F. Evaluation of the food use potential of sixteen varieties of cottonseed. *Journal of the American Oil Chemists Society*, v. 54, p. 75-80, 1977.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. Revista Árvore. 2003, vol.27, n.3, pp. 327-333.

MEHTA, Y. R.; ARIAS, C. A. A. Herança da resistência a *Stemphylium solani* e insensibilidade a sua fitotoxina em cultivares de algodoeiro. Fitopatol. bras. vol.26 no.4 Brasília Dec. 2001.

MUNIZ, F. R. S.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; OLIVEIRA, J. A.; BÁRBARO, I. M.; ARRIEL, N. H. C.; COSTA, M. M. Parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de soja. Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas, Campina Grande, v.6, n.3, p.615-622, 2002.

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; PEIXOTO, C. P.; ROCHA, M. A. C.; CRUZ, E. M. O. Ganho por seleção direta e indireta em caupi considerando a interação G x E. Revista da FZVA. Uruguaiana, v.18, n. 1, p. 18-33. 2011.

PINTO, R. J. B. Introdução ao melhoramento de plantas. Paraná: Editora da Universidade Estadual de Maringá, 1995, 275 p.

POPE, O. A.; WARE, J. O. Effect of variety, location and season on oil, protein, and fuzz of cottonseed and on fiber problems of lint. Washington: USDA, 1945. 41 p. (Technical Bulletin United States Department of Agriculture, 903).

REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. Ciência Rural, Santa Maria, v.34, n.3, p.685-692, 2004

SILVEIRA, G. D. Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja. 2007. 45 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Câmpus de Jaboticabal, SP.

Soomro, Z.A., A.S. Larik, M.B. Kumbhar, N.U. Khan and N.A. Panhwar. 2008. Correlation and path analysis in hybrid cotton. *Sabrao J. Breed. & Genet.* 40: 49-56.

4. CONCLUSÕES GERAIS

- O modelo aditivo-dominante pode explicar a maior parte das variações do teor de óleo, isto em razão da baixa contribuição dos efeitos das interações epistáticas nas gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_3 , RC_{1a} , RC_{2a}) resultante do cruzamento CNPAC 300/91 x V3. E a metodologia de análise de gerações mostrou-se de grande valia para o estudo dos principais parâmetros genéticos da cultura do algodoeiro.

- A geração F_5 foi a mais indicada para maximizar o ganho genético por seleção para o caráter teor de óleo em algodão e o ganho genético estimado nesta geração correspondeu a 4,98%, superior a geração F_3 denotando que a seleção para o caráter será bem mais eficiente, ao realizar a seleção direta na F_5 ;