

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

HERDABILIDADE E CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS DE MANDIOCA VIA REML/BLUP

**Luina Ribeiro Noia¹, Natália Zardo Barbiero¹, Gabriel Lenen Javarini Moro¹,
José Spadeto², Iasmine Ramos Zaidan¹, Marcia Flores da Silva Ferreira¹,
Adésio Ferreira¹.**

¹Universidade Federal do Espírito Santo - Centro de Ciências Agrárias e Engenharias/ Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Alto Universitário, s/nº - CX Postal 16, CEP: 29.500.000 - Alegre-ES, Brasil, noia.luina@gmail.com, natalia.zardo@hotmail.com, gabrielljmor@gmail.com, iasmineros@yaho.com.br, mfloress@gmail.com, adesioferreira@gmail.com

²Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural/ Fazenda Experimental de Venda Nova do Imigrante, BR 262, km110, s/nº - CX Postal 40, CEP: 29378-990 - Venda Nova do Imigrante-ES, Brasil, jose.spadeto@incaper.es.gov.br

Resumo

A mandioca é uma cultura de segurança alimentar cuja demanda tem aumentado significativamente. Entretanto, sua produtividade ainda está abaixo do potencial e pode ser elevada com o melhoramento da cultura. No melhoramento, a estimativa de parâmetros genéticos dos caracteres quantitativos é essencial, dentre os quais pode-se destacar a herdabilidade e a correlação entre caracteres. O objetivo deste trabalho foi estimar a herdabilidade e a correlação entre caracteres quantitativos de produção da mandioca. Os parâmetros foram estimados em 87 genótipos de mandioca para quatro caracteres: altura da parte aérea (HPA), número total de raízes tuberosas (NRT), peso de raízes comerciais (PESORC) e peso total de raízes (PESORT). Os valores de herdabilidade foram de 0,55; 0,62; 0,63; e 0,79 para os caracteres NRT, PESORT, PESORC e HPA, respectivamente. A correlação foi significativa e positiva entre todos os pares de caracteres, com exceção de HPA versus NRT. As estimativas de herdabilidade e correlação calculadas serão de grande importância para planejar e executar as etapas posteriores do programa de melhoramento da mandioca.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*, melhoramento de plantas, caracteres quantitativos, modelos mistos.

Área do Conhecimento: Engenharia Agrônoma

Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é um alimento básico na dieta de mais de um bilhão de pessoas no mundo, principalmente em países tropicais em desenvolvimento (LEBOT, 2020; SCOTT, 2020). Sua importância na segurança alimentar deve-se às suas características benéficas, como as raízes nutritivas, capacidade de se adaptar a quase todos os tipos de clima, tolerância à seca e a solos inférteis, capacidade de se recuperar de doenças e ataques de pragas, além de não requerer cuidados exigentes (MORANTE *et al.*, 2010; BYJU; SUJA, 2020; DE OLIVEIRA *et al.*, 2022).

A produção de mandioca e a demanda pela raiz tem aumentado significativamente (FAOSTAT, 2022) devido ao seu potencial de adaptação às mudanças climáticas e a variedade de alimentos que são feitos a partir das raízes e das folhas nutritivas (LEBOT, 2020; MORE *et al.*, 2023). A produtividade da mandioca, entretanto, ainda está abaixo do seu potencial em alguns países como o Brasil, em que são produzidas cerca de 15 t ha⁻¹, embora a cultura possa produzir até 60 t ha⁻¹ (BESTER *et al.*, 2021), podendo ser elevada com o melhoramento da cultura (MORE *et al.*, 2023).

No melhoramento de plantas visando o aumento produtivo, a estimativa de parâmetros genéticos dos caracteres quantitativos é essencial, dentre os quais pode-se destacar a herdabilidade e a correlação entre caracteres. A herdabilidade é definida como a proporção da variação total de uma característica fenotípica dentro de uma população que é atribuível à variação genética e é calculada como uma medida de precisão dos ensaios e/ou para computar a resposta à seleção (SCHMIDT *et al.*, 2019). A correlação indica o grau de associação entre dois caracteres. Quando existente, a

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

seleção de indivíduos por um caractere gera respostas à seleção não somente naquele caractere, mas também no caractere correlacionado, o que é denominado resposta correlacionada. A direção e a magnitude desta resposta depende do coeficiente de correlação (HILL, 2013; NEYHART; LORENZ; SMITH, 2019). Correlações negativas, por exemplo, podem fazer com que a seleção visando o aumento do valor de um caractere cause a redução no valor do caractere negativamente correlacionado. Assim, a estimativa do coeficiente de correlação pode permitir a seleção indireta e é importante para decidir quais caracteres que se incluem e o peso relativo de cada um na seleção por vários caracteres simultaneamente, em especial para construir índices de seleção (HILL, 2013; NEYHART; LORENZ; SMITH, 2019).

O uso da máxima verossimilhança restrita (REML) para obtenção dos componentes de variância seguido da melhor predição linear imparcial (BLUP) é o método mais eficiente para estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos, principalmente em dados desbalanceados, gerando resultados com acurácia e não viesados (PIEPHO; RICHTER; WILLIAMS, 2008; RESENDE *et al.*, 2012).

O objetivo deste trabalho foi estimar a herdabilidade e a correlação entre caracteres quantitativos relacionados à produção da mandioca via metodologia REML/BLUP.

Metodologia

Foram avaliados quatro caracteres quantitativos, a saber: a) Altura da parte aérea (HPA) – determinada pela medição do material vegetal imediatamente após o corte a 20 cm do solo; b) Número total de raízes tuberosas (NRT); c) Peso de raízes comerciais (PESORC) – determinado pela pesagem de todas as raízes comerciais colhidas na parcela (foram consideradas raízes comerciais aquelas com comprimento e diâmetro maior ou igual a 0,20 m e 0,03 m, respectivamente); d) Peso total de raízes (PESORT) – determinado pela pesagem de todas as raízes, sem descarte. As análises foram realizadas em 87 genótipos de mandioca pertencentes à população de trabalho do Programa de Melhoramento da Mandioca do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCAUE/UFES).

Os caracteres foram avaliados em seis experimentos implantados nos anos de 2018 e 2019 nos municípios de Mimoso do Sul, Venda Nova do Imigrante e Linhares no Estado do Espírito Santo. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados (DBA), sendo 84 genótipos (tratamentos não comuns) e três tratamentos comuns, distribuídos em três blocos com cinco plantas por parcela. Manivas de 15 a 20 cm foram plantadas em linhas durante a estação chuvosa nas regiões. Os espaçamentos entre linhas e plantas foram de 1,0 e 0,7 m, respectivamente. As plantas foram colhidas após 12 meses após o plantio.

Os dados fenotípicos foram analisados usando a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), conforme descrito por Barbiero (2022), para obtenção dos componentes de variância via REML e dos valores genéticos preditos via BLUP. Os modelos estatísticos foram baseados na estratégia de dois estágios para a análise de dados MET (Multi-Environment Trial). No primeiro estágio, os ensaios individuais foram analisados com modelos incluindo termos para efeitos de delineamento e ambientes. A partir dessas análises de ensaios individuais, as médias e pesos ajustados foram inseridos no segundo estágio, onde um modelo ajusta o efeito dos genótipos por meios ambientais, usando os pesos estimados na primeira etapa.

Os coeficientes de herdabilidade individual de sentido amplo (h^2) foram estimados de acordo com Cullis *et al.*, (2006), utilizando a equação: $h^2 = 1 - \left[\frac{PEV}{2 \times \hat{\sigma}_g^2} \right]$; em que PEV é a variância média do erro predito e $\hat{\sigma}_g^2$ é a estimativa do valor genético. Os valores genéticos preditos foram usados para o cálculo da correlação entre os caracteres calculada pelo coeficiente de correlação de Pearson

Resultados

Os valores de herdabilidade foram de 0,55; 0,62; 0,63; e 0,79 para os caracteres NRT, PESORT, PESORC e HPA, respectivamente.

A correlação foi significativa e positiva entre todos os pares de caracteres, com exceção de HPA versus NRT (Figura 6).

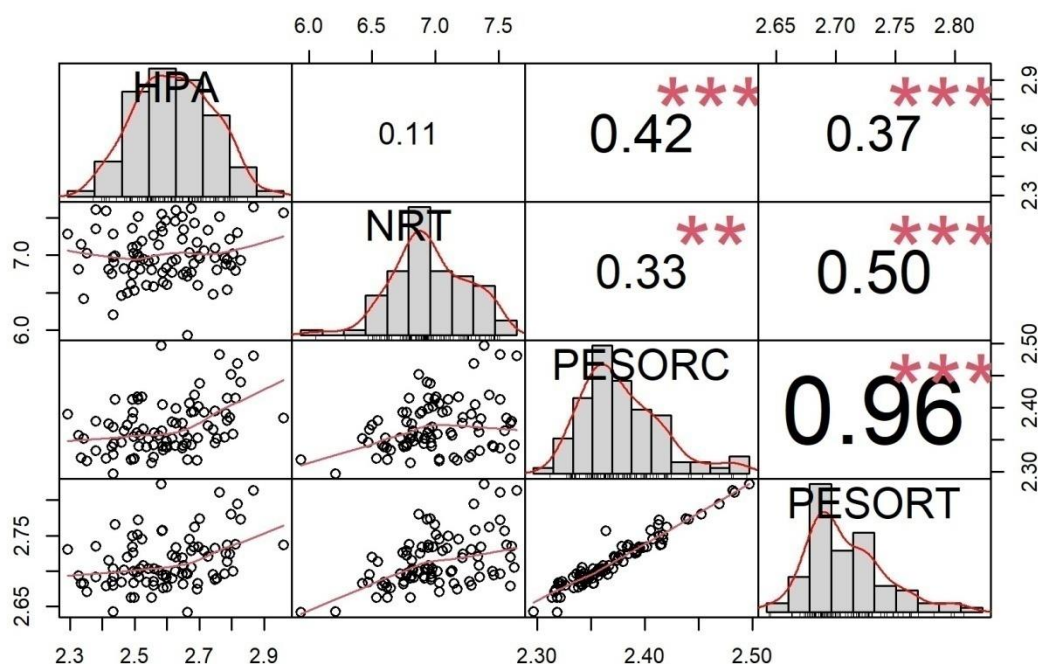
A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

O maior valor de correlação foi entre PESORC e PESORT. Ambos os caracteres se referem aos pesos das raízes, porém, para a obtenção de PESORT foram consideradas todas as raízes e, para a obtenção de PESORC, foram avaliadas apenas as raízes adequadas para o comércio.

O valor de correlação de 0,50 entre NRT e PESORT sugere que, em aproximadamente metade dos casos, quanto maior o número de raízes, maior o peso total destas. O gráfico de dispersão mostrou que os dois genótipos que apresentaram os menores valores de NRT também apresentaram os menores valores de PESORC (T2 e G104) e que os genótipos com os maiores valores de PESORT também tinham altos valores de NRT (G2, T3 e G82). Porém também é possível perceber genótipos com altos valores de NRT e com valores de PESORT baixos a médios, enquanto genótipos com NRT baixo não apresentaram alto PESORT. Assim, as análises sugerem que os genótipos com muitas raízes (acima de sete, aproximadamente) podem ser altamente produtivos ou não, mas os genótipos com poucas raízes (abaixo de sete) dificilmente atingirão altas produções, com pesos acima de 2,8 kg por planta. A correlação entre NRT e PESORC (0,33) foi menor que a observada entre NRT e PESORT, provavelmente porque as raízes não comerciais foram descartadas na avaliação de PESORC. Invariavelmente, também não foram observados altos valores de PESORC em genótipos com baixo NRT.

A HPA apresentou correlação de 0,37 com o PESORT e de 0,42 com o PESORC. Observando o gráfico de dispersão, é possível perceber que as plantas mais baixas tendem a produzir raízes com peso entre baixo e médio, enquanto nas plantas mais altas, a variação do peso das raízes tende a ser entre médio e alto. Essa correlação provavelmente está relacionada ao vigor das plantas, que permite um maior acúmulo de energia nas raízes e um maior engrossamento destas, já que a HPA não apresentou correlação com o número de raízes. Isto também explica o fato de a correlação com PESORC ser maior que aquela com PESORT, já que as raízes com baixo comprimento e diâmetro não foram consideradas como comerciais.

Figura 1- Correlação e Dispersão entre os caracteres quantitativos Altura de Plantas (HPA), Número de Raízes Totais (NRT), Peso de Raízes Comerciais (PESORC), e Peso de Raízes Totais (PESORT) medidos em 87 genótipos de mandioca.



Fonte: o autor.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Discussão

A herdabilidade dos caracteres variou de moderada a alta. Os valores são considerados altos quando são maiores que 0,7 e moderados quando se situam entre 0,2 e 0,7 (RAFFA; THOMPSON, 2017). O NRT apresentou herdabilidade de 0,55. Para esta característica tem sido relatadas herdabilidades de 0,91 (AVIJALA *et al.*, 2015) 0,65 (SILVA *et al.*, 2016); 0,41 (PEPRAH *et al.*, 2020); 0,38 (YONIS *et al.*, 2020); e 0,32 (DE CARVALHO *et al.*, 2022). A herdabilidade para o peso de raízes (PESORT e PESORC) foi de 0,62 e 0,64. Outros autores têm relatado herdabilidade variando de 0,33 a 0,78 para o peso de raízes totais (PEPRAH *et al.*, 2020; YONIS *et al.*, 2020). As características NRT e PESORT estão muito ligadas à produtividade da mandioca. Para a produtividade de raízes, herdabilidades de 0,21; 0,35; 0,54; 0,87 têm sido relatadas (DE CARVALHO *et al.*, 2022; ANDRADE *et al.*, 2019; NTAWURUHUNGA; DIXON, 2010; AVIJALA *et al.*, 2015, respectivamente). A altura da parte aérea foi o caractere com maior herdabilidade (0,79), o que sugere que a altura das plantas está mais relacionada com a tendência genética dos genótipos em serem mais altos ou mais baixos.

Os valores moderados de herdabilidade apresentados pelas características NRT, PESORT e PESORC são desejáveis para o melhoramento da mandioca, pois indicam que os acessos que forem selecionados têm a tendência de transferir seus níveis de produtividade para as próximas gerações, mantendo, pelo menos, os mesmos patamares de produtividade (YOKOMIZO; FARIAS NETO, 2003).

Dentre os caracteres quantitativos avaliados, o PESORT e o PESORC são os de maior importância para o melhoramento visando alta produtividade de raízes, mas também são os de mais difícil avaliação, pois exigem o arranquio, limpeza e pesagem das raízes. A correlação ou associação destas características com outros caracteres pode facilitar e reduzir os custos dos programas de melhoramento ao permitir a realização de seleção indireta.

Os caracteres PESORT e PESORC apresentaram correlação significativa e positiva com o NRT, a qual também tem sido relatada por outros autores (KARIM *et al.*, 2020; PAZ *et al.*, 2020; DIAGUNA *et al.*, 2022). O NRT é uma característica um pouco mais fácil de avaliar que o peso das raízes, pois exige apenas a contagem, não sendo necessária a limpeza e a pesagem, mas também necessita do arranquio. Porém, o NRT apresentou herdabilidade menor que PESORT e PESORC, o que torna a seleção indireta inviável.

A correlação de HPA com PESORT e PESORC, mesmo não sendo uma correlação alta, de 0,37 e 0,42, permitiu perceber que os genótipos com maiores pesos têm HPA entre médio e alto. Como HPA apresentou uma herdabilidade alta, maior que os demais caracteres e é uma variável mais fácil de avaliar, por estar acima do solo, pode ser uma alternativa para seleção indireta dos genótipos mais produtivos, eliminando-se os genótipos com HPA baixa. Entretanto, a correlação entre altura de plantas e peso de raízes caracterizada nesta população não tem sido observada em outras populações de mandioca, como as avaliadas por Vieira, Fialho e Carvalho, 2014, Karim *et al.*, 2020, Paz *et al.*, 2020 e Diaguna *et al.*, 2022. Os valores dos coeficientes de correlação não são constantes, dependem da composição genética da população e da média ambiental (SGRÔ; HOFFMANN, 2004; HILL, 2019).

A não correlação entre HPA e NRT e os valores baixos e médios de correlação com PESORT e PESORC podem indicar o potencial de aumentar ainda mais a produção através de cruzamentos, pois genótipos que tendem a apresentar valores altos de uma determinada característica podem ser cruzados com aqueles que apresentam apenas uma ou outra característica de valor elevado, visando a seleção de genótipos ainda mais produtivos. Por exemplo, genótipos com altos valores de NRT, mas com pesos de raízes médio-baixos têm grande potencial de armazenamento, mas a produção de amido é baixa. O cruzamento deste genótipo com genótipos que apresentam alto peso de raízes pode elevar ainda mais a produção. A manutenção da alta produtividade dos genótipos tem as vantagens de a cultura ser reproduzida vegetativamente e de as características apresentarem herdabilidade entre moderada e alta.

Conclusão

Os valores de herdabilidade variaram de moderados a altos, sendo favoráveis à seleção dos caracteres visando o aumento produtivo de mandioca.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Os valores de correlação foram positivos e significativos e deverão ser considerados para a seleção simultânea de caracteres.

Referências

ANDRADE, L. R. B. D. *et al.* Cassava yield traits predicted by genomic selection methods. **PLoS One**, v. 14, n. 11, 2018.

AVIJALA, M. F. *et al.* Evaluation of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes reveals great genetic variability and potential selection gain. **Australian J Crop Sci**, v. 9, n. 10, p. 940–947, 2015.

BARBIERO, Natália Zardo. **Estudos genéticos em germoplasma de mandioca no estado do Espírito Santo, Brasil**. 2022. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, ES, 2022.

BESTER, A. U. *et al.* Three decades of cassava cultivation in Brazil: Potentialities and perspectives. **Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas**, v. 15, n. 2, 2021.

BYJU, G.; SUJA, G. Mineral nutrition of cassava. **Advances in Agronomy**, 159, 169-235, 2020.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of agricultural, biological, and environmental statistics**, v. 11, n. 4, p. 381-393, 2006.

DE CARVALHO, R. R. B. *et al.* Phenotypic diversity and selection in biofortified cassava germplasm for yield and quality root traits. **Euphytica**, v. 218, n. 12, 2022.

DE OLIVEIRA, G. M. *et al.* Rise in temperature increases growth and yield of *Manihot* sp. plants. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 9, 2022.

DIAGUNA, R. *et al.* Morphological and Physiological Characterization of Cassava Genotypes on Dry Land of Ultisol Soil in Indonesia. **International Journal of Agronomy**, v. 2022, p. 1-11, 2022.

HILL, W.G. Genetic Correlation. In: Maloy, S.; Hughes, K. **Brenner's Encyclopedia of Genetics**, Cambridge: Academic Press, 2013. p. 237-239.

KARIM, K. Y. *et al.* Genetic characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes using agro-morphological and single nucleotide polymorphism markers. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, v. 26, p. 317-330, 2020.

LEBOT, V. **Tropical Root and Tuber Crops: Cassava, Sweet Potato, Yams and Aroids**. Wallingford, CT: CABI, 2020.

MORANTE, N. *et al.* Tolerance to postharvest physiological deterioration in cassava roots. **Crop Science**, v. 50, n. 4, p. 1333-1338, 2010.

MORE, S.J.; *et al.* Respostas morfofisiológicas e mecanismos de tolerância em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) sob estresse hídrico. **J. Soil Sci. Plant Nutr.**, v. 23, p. 71–91, 2023.

NEYHART, J.L.; LORENZ, A. J.; SMITH, K.P. Multi-trait Improvement by Predicting Genetic Correlations in Breeding Crosses. **G3 (Bethesda)**, v. 9, n. 10, p. 3153-3165, 2019.

NTAWURUHUNGA, P.; DIXON, A. G. Quantitative variation and interrelationship between factors influencing cassava yield. **Journal of Applied Biosciences**, v. 26, p. 1594-1602, 2010.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

PAZ, R. B. O. *et al.* Desempenho agrônomo de cultivares de mandioca de mesa em ambiente do cerrado. **In Colloquium Agrariae**, v. 16, n. 3, p. 37-47, 2020.

PEPRAH, B. B. *et al.* Proximate composition, cyanide content, and carotenoid retention after boiling of provitamin A-rich cassava grown in Ghana. **Foods**, v. 9, n. 12, 2020.

PIEPHO, H. P.; RICHTER, C.; WILLIAMS, E. Nearest neighbour adjustment and linear variance models in plant breeding trials. **Biometrical Journal**, v. 50, n. 2, p. 164-189, 2008.

RAFFA, J. D.; THOMPSON, E. A. Power and Effective Study Size in Heritability Studies. **Stat Biosci**, v. 8, n. 2, p. 264-283, 2016.

RESENDE, M. D. V. *et al.* Seleção Genômica Ampla (GWS) via Modelos Mistos (REML/BLUP), Inferência Bayesiana (MCMC), Regressão Aleatória Multivariada (RRM) e Estatística Espacial. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa/Departamento de Estatística. 2012. 291 p.

SGRÒ, C., HOFFMANN, A. Correlações genéticas, compensações e variação ambiental. **Hereditariade**, v. 93, p. 241-248, 2004.

SCHMIDT, P. *et al.* Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. **Genetics**, v. 212, n. 4, p. 991-1008, 2019.

SCOTT, G. J. A review of root, tuber and banana crops in developing countries: Past, present and future. **International Journal of Food Science and Technology**, v. 56, p. 1093–1114, 2021.

SILVA, R. D. S. *et al.* Genetic parameters and agronomic evaluation of cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, p. 834-841, 2016.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. D. F.; CARVALHO, L. J. C. B. Correlação fenotípica entre caracteres agrônômicos em população segregante de mandioca de mesa. **Revista Ceres**, v. 61, p. 523-529, 2014.

YOKOMIZO, G. K. I.; FARIAS NETO, J. T. D. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 67-72, 2003.

YONIS, B. O. *et al.* Improving root characterisation for genomic prediction in cassava. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, 2020.

Agradecimentos

À Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) e ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER) pelo suporte e estrutura e aos órgãos de fomento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES).