



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA**

**TOMIL RICARDO MAIA DE SOUSA**

**PREDIÇÕES DE VALORES GENÉTICOS E GANHOS COM A SELEÇÃO ENTRE E  
DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS E IRMÃOS COMPLETOS DE  
CAJUEIRO-ANÃO**

**FORTALEZA**

**2018**

TOMIL RICARDO MAIA DE SOUSA

PREDIÇÕES DE VALORES GENÉTICOS E GANHOS COM A SELEÇÃO ENTRE E  
DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS E IRMÃOS COMPLETOS DE  
CAJUEIRO-ANÃO

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Agronomia/Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para a obtenção do título de Doutor em Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. D.Sc. Júlio César do Vale Silva.

Coorientador: Pesq. D.Sc. Dheyne Silva Melo.

FORTALEZA

2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal do Ceará  
Biblioteca Universitária  
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

S698p Sousa, Tomil Ricardo Maia de.  
Predições de valores genéticos e ganhos com a seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos e irmãos completos de cajueiro-anão / Tomil Ricardo Maia de Sousa. – 2018.  
62 f. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitotecnia), Fortaleza, 2018.

Orientação: Prof. Dr. Júlio César DoVale Silva.

Coorientação: Prof. Dr. Dheyne Silva Melo.

1. Anacardium occidentale L.. 2. Índice de seleção genético. 3. Testes de progênies. 4. REML/BLUP. I.  
Título.

CDD 630

---

TOMIL RICARDO MAIA DE SOUSA

PREDIÇÕES DE VALORES GENÉTICOS E GANHOS COM A SELEÇÃO ENTRE E  
DENTRO DE PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS E IRMÃOS COMPLETOS DE  
CAJUEIRO-ANÃO

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Agronomia/Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para a obtenção do título de Doutor em Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

APROVADA em \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_

BANCA EXAMINADORA

---

Prof. D. Sc. Júlio César DoVale Silva (Orientador)  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

---

Pesq. D. Sc. Dheyne Silva Melo (Coorientador)  
Embrapa Agroindústria Tropical

---

Prof. D. Sc. Lucas Nunes da Luz (Conselheiro)  
Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (UNILAB)

---

Pesq. D. Sc. Francisco das Chagas Vidal Neto (Conselheiro)  
Embrapa Agroindústria Tropical

---

Pesq. D. Sc. Levi de Moura Barros (Conselheiro)  
Embrapa Agroindústria Tropical

À minha família, Cleide Maria da Silva Bravo (esposa), Maria Helena Bravo de Sousa e Bruno Ricardo Bravo de Sousa (filhos) pelo apoio, compreensão em todos os momentos difíceis e ao amor a mim dedicado.

## AGRADECIMENTOS

Ao apoio recebido pela CAPES, pois o presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

À Deus por me conceder o Dom da vida e me capacitar para vencer todos os desafios enfrentados.

Aos meus pais, Edilson Cândido de Sousa e Francisca Nunes Maia de Sousa (*in memoriam*) e às minhas irmãs, Flávia Érica Maia de Sousa e Sávnia Erma Maia de Sousa.

À Universidade Federal do Ceará por disponibilizar o curso de pós-graduação em Agronomia/Fitotecnia.

À Embrapa Agroindústria Tropical por ceder todo o material, instalações e equipamentos necessários à realização deste trabalho.

Ao professor Júlio César DoVale, pela orientação e exemplo de compromisso com a docência, mesmo diante das dificuldades impostas.

À professora Cândida Hermínia Campos de Magalhães, que me orientou no começo da empreitada no Doutorado, e por quem eu tenho grande admiração.

Ao coorientador Dheyne Silva Melo, pela paciência e humildade em repassar seus conhecimentos. Aos membros da banca avaliadora, pesquisadores da Embrapa Francisco das Chagas Vidal Neto, Levi de Moura Barros e ao professor Lucas Nunes da Luz, da Unilab, por aceitarem participar e contribuir neste trabalho.

A todos os professores do curso de pós-graduação em Agronomia/Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, que trabalham e se empenham para a formação de bons profissionais.

A todos os colegas da Agronomia e do curso de pós-graduação por todas as experiências vividas, a união, a solidariedade e a ajuda mútua, em especial aos meus amigos Francisco Tiago Cunha Dias, Felipe de Sousa Barbosa, Haynna Abud Fernandes, Marcelo, Tamiris Pereira da Silva, Ingrid e Jéssica por fazerem parte dos momentos alegres e difíceis vividos durante o curso.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram para o sucesso não só deste trabalho, mas que de alguma forma influenciaram e fizeram parte de minha vida.

Quem semeia pouco  
Colherá pouco  
Quem semeia com largueza  
Colherá com largueza.

**São Paulo**

## RESUMO

O programa de melhoramento genético do cajueiro-anão tem como meta fornecer ao mercado cultivares de elevado potencial agrônômico. Para isso, na fase inicial, são realizados testes de progênies envolvendo meio-irmãos e irmãos completos. Contudo, na maioria das vezes, esse processo é dificultado pela perda de informações durante a condução dos experimentos e pelo fato de ser necessário considerar, simultaneamente, a avaliação de vários caracteres. Assim, objetivou-se com este estudo identificar progênies de meio-irmãos (PMI) e de irmãos completos (PIC) de cajueiro-anão com potencial agrônômico e indivíduos superiores geneticamente dentro destas progênies para subsidiar a etapa final do programa de melhoramento, comparando os ganhos genéticos gerados com a seleção em PMI e PIC. Sete PIC e 23 PMI de cajueiro-anão foram avaliadas, em três anos, quanto aos caracteres altura de planta (AP) e diâmetro da copa (DC), e em quatro safras avaliaram-se a produtividade de castanha (PROD), massa média da castanha (MMC), percentual de castanhas furadas (PCF) e reação da castanha ao oídio (RCO), no delineamento de blocos ao acaso, com informações de indivíduos retiradas de dentro das parcelas. Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos usou-se o método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP). As predições dos valores genéticos revelaram que a seleção realizada entre e dentro de PMI e PIC consistiram numa excelente estratégia para a identificação de indivíduos geneticamente superiores. Nas progênies de meio-irmãos MI 07-16, MI 07-3 e MI 07-8 e de irmãos completos IC 07-4 e IC 07-6, foram identificados indivíduos com alto potencial genético, a partir da aplicação do índice de seleção genético adotado para a realização de seleção simultânea. Os ganhos com a seleção praticada em PMI de cajueiro-anão foram maiores que aqueles obtidos com a seleção em PIC. Indivíduos como o 386, 112, 183, 1164 e 3144, observados no experimento de PMI, e 343, 342, 461, 344 e 262, no de PIC, serão indicados para compor os ensaios de competição de clones do programa de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Anacardium occidentale* L.. Índice de seleção genético. Testes de progênies. REML/BLUP.

## ABSTRACT

The genetic improvement program of the dwarf cashew tree aims to provide the market with cultivars of high agronomic potential. For this, in the initial phase, progeny tests involving half-siblings and complete siblings are carried out. However, most of the time, this process is hampered by the loss of information during the conduct of the experiments and by the fact that it is necessary to simultaneously consider the evaluation of several characters. Thus, the objective of this study was to identify half-sibs progenies (HSP) and full sibs progenies (FSP) of dwarf cashews with agronomic potential and genetically superior individuals within these progenies to subsidize the final stage of the breeding program, comparing the genetic gains generated by selection in HSP and FSP. Seven potatoes and 23 HSP of dwarf cashews were evaluated in three years for plant height (PH) and crown diameter (CD), and in four harvests, the productivity of chestnut (PROD), mean chestnut mass (MCM), percentage of bored nuts (PBN) and chestnut reaction to powdery mildew (CRM), in the randomized block design, with information from individuals collected from within the plots. In order to obtain the variance components and genetic parameter estimates, the Restricted Maximum Likelihood/Best Nonlinear Predictor (REML / BLUP) method was used. Predictions of genetic values revealed that the selection performed between and within HSP and FSP consisted of an excellent strategy for the identification of genetically superior individuals. In the progenies of midwives MI 07-16, MI 07-3 and MI 07-8 and complete sibs IC 07-4 and IC 07-6, individuals with high genetic potential were identified from the application of the selection index genetic algorithm adopted for simultaneous selection. The gains with the practiced selection in HSP of dwarf cashew were higher than those obtained with the selection in FSP. Individuals such as 386, 112, 183, 1164 and 3144, observed in the HSP experiment, and 343, 342, 461, 344 and 262, in PIC, will be indicated to compose the competition assays of clones of the breeding program.

**Keywords:** *Anacardium occidentale* L.. Genetic selection index. REML/BLUP.

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>11</b>
<b>2</b>	<b>PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO GENÉTICO NA IDENTIFICAÇÃO DE POTENCIAIS PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS DE CAJUEIRO-ANÃO.....</b>	<b>16</b>
<b>3</b>	<b>ÍNDICE DE SELEÇÃO GENÉTICO NA IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE CAJUEIRO-ANÃO.....</b>	<b>32</b>
<b>4</b>	<b>COMPARAÇÃO ENTRE GANHOS GENÉTICOS PROPORCIONADOS COM A SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS E IRMÃOS COMPLETOS DE CAJUEIRO-ANÃO.....</b>	<b>47</b>
<b>5</b>	<b>CONCLUSÃO GERAL.....</b>	<b>61</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>62</b>

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

O cajueiro (*Anacardium occidentale L.*) é uma frutífera de elevada importância para o Brasil devido ao seu papel socioeconômico, principalmente para o semiárido nordestino, uma vez que se ajusta plenamente ao modelo de exploração conjunta com culturas anuais, como o feijão de corda e a mandioca. Além de oferecer fonte de renda, gera postos de trabalho na época mais seca do ano (CARDOSO *et al.*, 2009).

A cajucultura responde por um elevado percentual do valor de produção da fruticultura no Ceará e Piauí, 24,3% e 11,1% respectivamente, evidenciando a importância econômica da cultura para estes estados (BNB, 2017). O cultivo tem como principal objetivo a obtenção de amêndoas comestíveis (BARROS, 2002), que são extraídas das castanhas.

sendo realizado em países tropicais como Brasil, Índia, Vietnã, Nigéria, Costa do Marfim e Tanzânia.

A produção de castanha de caju, no Brasil, é produzida em quase em sua totalidade na região Nordeste, que concentra mais de 99% da área nacional ocupada por cajueiro, destacando-se os estados do Ceará, Rio Grande do Norte e Piauí, que juntos colhem cerca de 80% da produção brasileira (IBGE, 2017). No mundo, os 32 países produtores de castanha de caju obtiveram produção e produtividade de 4.898.360 toneladas e 805,0 kg ha<sup>-1</sup> na safra 2016, respectivamente (FAOSTAT, 2018). Já o Brasil, que sempre se destacou como grande produtor, vem sofrendo reduções nas suas safras e alcançou, no mesmo ano, 79.765 t de produção e 142,0 kg ha<sup>-1</sup> de produtividade (IBGE, 2017).

Essa queda no desempenho deve-se ao fato de a cajucultura brasileira ter como causa geral a utilização precária de tecnologias de produção, como a utilização de material genético de qualidade inferior e, muitas vezes, o manejo inadequado de plantas. (VALE *et al.*, 2014).

O programa de melhoramento genético do cajueiro-anão da Embrapa Agroindústria Tropical tem como meta fornecer ao mercado cultivares com elevado potencial agrônomo. Para isso, a existência de variabilidade genética e a eficiência do método de seleção para a fixação das combinações genéticas são indispensáveis. Logo o melhoramento populacional do cajueiro, tem papel muito importante, pois tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações, sendo o teste de progênies de meio-irmãos o mais empregado (CAVALCANTI; RESENDE, 2010). Neste sentido, o teste de progênies envolvendo meio-irmãos é um procedimento rotineiro no programa, pela maior facilidade na execução, pois as progênies correspondem à descendência de uma planta submetida a polinização livre

(PATERNIANI; CAMPOS, 2005), e por proporcionar maior representatividade alélica na descendência resultante. Apesar disto, nem sempre os ganhos são satisfatórios, pois como só há controle parental materno, muitos indivíduos medíocres acabam contribuindo gameticamente para a formação de descendentes.

Uma opção para aumentar a eficiência do controle parental é o uso de progênies de irmãos completos nos testes. Assim, para a obtenção deste tipo de progênie, os cruzamentos devem ser direcionados, com controle parental tanto materno quanto paterno. Dessa forma, geralmente são usados como genitores, materiais genéticos de comportamento agrônômico conhecido e bem aceitos, como cultivares já lançados. Apesar de ser mais laboriosa, essa alternativa vem sendo adotada paulatinamente pelo programa de melhoramento de cajueiro da Embrapa, com o intuito de maximizar a heterose nos cruzamentos realizados (CAVALCANTI; BARROS, 2009).

Entretanto, esse processo de seleção de progênies com elevado potencial genético e identificação de indivíduos agronomicamente superiores raramente é facilitado. Isto porque a experimentação a campo com culturas perenes está quase sempre associada ao desbalanceamento de dados por diversos motivos (STURION; RESENDE, 2010). No caso de dados desbalanceados, a análise de variância (ANOVA) conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância e, conseqüentemente, a predições pouco precisas de valores genéticos (STURION; RESENDE, 2010). Assim, o método dos quadrados mínimos para obtenção de estimativas dos componentes de variância não é o que melhor se enquadra, justificando o uso de métodos mais robustos para predizer valores genéticos e, por conseqüência, estimar os parâmetros genéticos (SILVA *et al.*, 2011).

O procedimento analítico padrão recomendado atualmente para os estudos em genética quantitativa voltados à prática da seleção em plantas perenes é a estimação dos componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genéticos pela melhor predição linear não viciada (BLUP), também denominada de metodologia de modelos mistos (STURION; RESENDE, 2010). Na REML/BLUP, a estimação dos componentes de variância e a predição dos valores genéticos pelo BLUP pode ser feita por efeitos aleatórios em concordância aos efeitos fixos, assim como com desajuste de informações nas parcelas. Isso porque são embasadas em modelos lineares compostos por matrizes de incidência tanto de efeitos fixos como de aleatórios. Assim, inviabilizam que a inversão da matriz de estimativas forneça infinitas soluções. Além disso, este procedimento minimiza os efeitos de dados desbalanceados, ponderando-os pela quantidade disponível para cada genótipo,

fazendo o BLUP mais eficiente que as estimativas obtidas via método dos mínimos quadrados (SILVA; VIDAL; DOVALE, 2017).

Nesta abordagem, os efeitos do modelo não são testados via teste  $F$ , assim como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que um quadro similar ao da análise de variância é elaborado e denominado por Análise de Deviance (ANADEV).

A aplicação de modelos mistos no melhoramento de plantas perenes vem apresentando bons resultados em diferentes culturas, como eucalipto (COSTA *et al.*, 2015) e cafeeiro (PEREIRA *et al.*, 2013a,b), em que foram obtidas boas estimativas de parâmetros genéticos, possibilitando maiores precisões nas seleções entre e dentro de progênes. Maia *et al.* (2009) e Cavalcanti e Resende (2010) são exemplos da aplicação dos modelos mistos na cultura do cajueiro. Devido ao sucesso alcançado por esses autores, a metodologia REML/BLUP está sendo cada vez mais utilizada na rotina do programa de melhoramento do cajueiro, principalmente devido a maior complexidade dos dados obtidos nos estudos dessa cultura.

Complementarmente, uma metodologia que deve ser empregada com o intuito de deixar o processo seletivo mais eficiente é o índice de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004), constituído por combinações lineares das medidas de diversos caracteres de forma a permitir a avaliação de todas as informações disponíveis simultaneamente. Ademais, possibilitam atribuir pesos diferentes aos caracteres estudados e valorizam atributos considerados de maior importância pelo melhorista (FALCONER, 1987). Assim, minimizam problemas na seleção de genótipos com desempenho satisfatório apenas para um ou outro caráter.

Diante do exposto, objetivou-se, com esse estudo identificar progênes de meio-irmãos (PMI) e de irmãos completos (PIC) de cajueiro-anão com potencial agrônômico, e indivíduos superiores geneticamente dentro destas progênes para subsidiar a etapa final do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical; e comparar os ganhos genéticos gerados com a seleção em PMI e PIC para caracteres de importância da cultura.

## REFERÊNCIAS

- BARROS, L. M. **Caju. Produção: aspectos técnicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 148 p.
- CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. de. Avanços, desafios e novas estratégias do melhoramento genético do Cajueiro no Brasil. In: VIDAL, F.C. das; BERTINI, C. H. C. M. de; ARAGÃO, F. A. S.; CAVALCANTI, J. J. V. **I simpósio Nordeste de Genética e Melhoramento de Plantas: O melhoramento Genético no Contexto Atual**. Fortaleza 2009. p. 83-101.
- CAVALCANTI, J.J.V.; RESENDE, M.D.V. Seleção precoce intensiva: uma nova estratégia para o programa de melhoramento genético do cajueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.32, n.4, p.1279-1284, 2010.
- CARDOSO, J.E. *et al.* Ocorrência endofítica de *Lasiodiplodia theobromae* em tecidos de cajueiro e sua transmissão por propágulos. **Summa Phytopathologica**, [s.l.] v.35, n.4, p.262-266, 2009
- COSTA, R.B. *et al.* Variabilidade e ganhos genéticos com diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 58, n. 1, p. 69-74, jan./mar. 2015.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução: Silva, M.A, Silva,J.C. Viçosa, MG: Impr. Univ., 279p., 1987.
- FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of The United National. **Production**. Disponível em: <http://http//faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. Acesso em: 12 maio 2018.
- IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola (LSPA)**, v. 30, n. 1, p. 1–81, 2017.
- MAIA, M.C.C. *et al.* Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiania, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar. 2009.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.
- PEREIRA, T.B. *et al.* Seleção de progênies F4 de cafeeiros obtidas de cultivares do grupo Icatu. **Coffee Science**, Lavras, v. 8, n. 3, p. 337-346, jul./set. 2013a.
- PEREIRA, T.B. *et al.* Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p.230-236, 2013b

STURION J.A.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, [s.l.], v. 30, n. 157-160, mai.-jul. 2010.

SILVA, J.M. *et al.* Variação Genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n. 90, p. 241-252, jun. 2011

SILVA, T.P.; VIDAL NETO, F. C.; DO VALE, J.C. Prediction of genetic gains with selection between and within S2 progenies of papaya using the REML/Blup analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], Vol. 52, n. 12, 1167–1177, 2017.

VALE, E.H. *et al.* Desempenho de híbridos de cajueiro-anão-precoce no litoral do estado do ceará. **Revista Brasileira de Fruticultura**, [s.l.], v. 36, n. 4, p. 940–949, 2014.

## 2 PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO GENÉTICO NA IDENTIFICAÇÃO DE POTENCIAIS PROGÊNIES DE MEIO - IRMÃOS DE CAJUEIRO-ANÃO

### RESUMO

O objetivo deste estudo foi identificar progênies de meio-irmãos de cajueiro-anão com potencial agrônomico e indivíduos superiores geneticamente, dentro destas progênies, para subsidiar a etapa final do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical. Para isso, 23 progênies de cajueiro foram avaliadas para os caracteres altura da planta, diâmetro de copa, produtividade de castanha, massa média de castanha, percentual de castanhas furadas e reação da castanha ao oídio. Foi usado delineamento de blocos ao acaso, com informações de indivíduo retiradas de dentro das parcelas. Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas de parâmetros genéticos, os dados foram analisados por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP). Observou-se a existência de variabilidade genética entre e dentro de progênies para quase todos os caracteres avaliados, com exceção apenas do caráter reação da castanha ao oídio. Os coeficientes das herdabilidades entre progênies foram superiores aos encontrados para herdabilidades dentro das progênies para todos os caracteres e sempre com estimativas de alta magnitude, assim como as acurácias seletivas, com exceção do caráter reação da castanha ao oídio. Por meio do índice de seleção genético foi possível promover a seleção simultânea para os caracteres avaliados e identificar sete progênies superiores (MI 07-3, MI 07-4, MI 07-6, MI 07-8, MI 07-14, MI 07-16 e MI 07-17). Além disso, também foram identificados, dentro destas progênies, indivíduos com alto potencial genético.

**Palavras-chave:** *Anacardium occidentale* L.. REML/BLUP. Seleção entre e dentro. Acurácia seletiva.

## ABSTRACT

The objective of this study was to identify half-sibs progenies of dwarf cashew with agronomic potential and genetically superior individuals within these progenies to subsidize the final stage of the Embrapa Tropical Agroindustry breeding program. For this, 23 cashew progenies were evaluated for plant height, canopy diameter, chestnut productivity, average chestnut mass, percentage of bored chestnuts, and brownish to powdery mildew reaction. A randomized block design was used, with individual information collected from within the plots. To obtain the components of variance and genetic parameter estimates, the data were analyzed using the Restricted Maximum Likelihood / Best Nonlinear Predictor (REML / BLUP) method. The existence of genetic variability among and within progenies was observed for almost all evaluated characters, except for the character of the chestnut reaction to powdery mildew. The coefficients of heritabilities among progenies were higher than those found for heritabilities within the progenies for all the characters and always with estimates of high magnitude, as well as the selective accuracies, except for the character of the reaction of the chestnut to the powdery mildew. Through the genetic selection index it was possible to promote the simultaneous selection for the evaluated traits and to identify seven superior progenies (MI 07-3, MI 07-4, MI 07-6, MI 07-8, MI 07-14, MI 07 -16 and MI 07-17). In addition, within these progenies, individuals with high genetic potential were also identified.

**Keywords:** *Anacardium occidentale* L.. REML/BLUP. Selection among and within. Accuracy selective.

## Introdução

O sucesso do melhoramento de plantas depende da existência de um significativo nível de variabilidade genética na população e da eficiência do método de seleção para a fixação das combinações genéticas desejáveis (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). O melhoramento populacional do cajueiro vem sendo praticado com o objetivo de aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações, sendo o método de seleção recorrente, com progênies de meio-irmãos é o mais empregado (CAVALCANTI; RESENDE, 2010).

O teste de progênies envolvendo meio - irmãos é um procedimento rotineiro no melhoramento de alógamas pela maior facilidade na execução, pois as progênies correspondem à descendência de polinização livre de uma planta (PATERNIANI; CAMPOS, 2005) e por

proporcionar maior representatividade alélica na descendência resultante. Apesar disto, nem sempre os ganhos são satisfatórios, pois como só há controle parental materno, muitos indivíduos medíocres podem acabar contribuindo gameticamente para a formação dos descendentes.

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância e a predição de valores genotípicos. Por meio destas estimativas é possível avaliar as estratégias de melhoramento adotadas (PEREIRA *et al.*, 2013). Neste sentido, uma eficiente estimativa dos parâmetros genéticos constitui base fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento (CAVALCANTI; RESENDE, 2010).

A cajueiro, por ser uma espécie perene, apresenta aspectos que, frequentemente, impossibilitam a obtenção das condições exigidas pelo método dos quadrados mínimos (ANOVA), como a expressão dos caracteres ao longo do tempo, o desbalanceamento provocado por morte de plantas, a necessidade de medições repetidas em um mesmo indivíduo durante vários anos ou épocas, entre outros (VIANA; RESENDE, 2014). Assim, o método dos quadrados mínimos para a obtenção de estimativas dos componentes de variância não é o que melhor se enquadra, sendo então necessário o uso de métodos especiais para estimar os parâmetros genéticos e prever valores genéticos (SILVA *et al.*, 2011). Em função disso, o procedimento analítico padrão recomendado para os estudos em genética quantitativa e para a prática da seleção em plantas perenes é a estimação dos componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genéticos pela melhor predição linear não viciada (BLUP), também denominada de metodologia de modelos mistos (STURION; RESENDE, 2010).

A estimação dos componentes de variância por REML e a predição dos valores genéticos pelo BLUP podem ser feitas por efeitos aleatórios em concordância aos efeitos fixos, assim como com um desajuste de informações nas parcelas. Isso porque são embasadas em modelos lineares compostos por matrizes de incidência tanto de efeitos fixos como de aleatórios. Assim, inviabilizam que a inversão da matriz de estimativas forneça infinitas soluções. Além disso, este procedimento minimiza os efeitos de dados desbalanceados, ponderando-os pela quantidade disponível para cada genótipo, fazendo o BLUP mais eficiente que as estimativas obtidas via método dos mínimos quadrados (SILVA; VIDAL NETO; DOVALE, 2017).

Dessa forma, na análise de modelos mistos, os efeitos do modelo não são testados via teste  $F$ , como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios,

o recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que um quadro similar ao da análise de variância é elaborado e denominado por Análise de Deviance (ANADEV).

Adicionalmente, deve ser considerada a utilização de metodologias que permitam selecionar plantas considerando vários caracteres simultaneamente, como ferramenta para auxiliar no melhoramento do cajueiro (PAIVA *et al.*, 2007). Assim, o índice de seleção pode ser adotado para deixar o processo seletivo mais eficiente (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004), possibilitando atribuir pesos diferentes aos caracteres estudados e valorizar atributos considerados de maior importância pelo melhorista (FALCONER, 1987), minimizando problemas na seleção de genótipos com desempenho satisfatório apenas para um ou outro caráter.

Dessa forma, objetivou-se, com esse estudo, identificar progênies de meios irmãos de cajueiro-anão com potencial agrônômico e indivíduos superiores geneticamente dentro destas progênies, para subsidiar a etapa final do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical.

## Material e Métodos

### *Área experimental e material genético*

O experimento foi conduzido no Campo Experimental de Pacajus (CEP), pertencente à Embrapa, localizado no município de Pacajus (CE), nas coordenadas geográficas 4°10'22" de latitude e 38°27'39" de longitude, a altitude de 60m acima do nível do mar. O solo da área experimental é um Podzólico Vermelho Amarelo Tb Eutrófico A fraco, com textura arenosa média. O clima é do tipo seco/subúmido, segundo a classificação climática de Thornthwaite (1955). Tem uma precipitação pluvial média de 1.100mm/ano e temperatura média anual de 26,5 °C. Na Tabela 1 encontram-se os dados de precipitação dos anos de 2008 a 2015, intervalo de tempo em que foram feitas coletas de dados no experimento, e a média histórica pluviométrica do local.

Tabela 1 – Dados de precipitação em milímetros (mm) no município de Pacajus, Ceará.

Meses	Anos								
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	Média histórica
Janeiro	48,8	126,1	49,2	286,9	44,6	36,0	66,5	62,4	85,1

Fevereiro	3,2	219,9	24,8	187,5	196,2	96,1	109,8	93,6	128,1
Março	247,5	447,7	78,8	184,3	144,0	57,2	162,2	268,7	221,9
Abril	402,0	484,6	149,2	349,0	38,2	194,1	90,1	248,1	223,3
Maio	143,2	340,5	40,5	203,6	5,2	79,0	133,8	19,7	122,6
Junho	60,6	137,0	26,4	25,2	75,8	122,2	8,7	22,4	74,1
Julho	3,0	121,1	0,0	58,0	0,0	34,1	6,0	102,0	18,6
Agosto	7,4	38,9	0,0	21,6	0,0	0,0	0,0	0,0	7,5
Setembro	0,0	5,8	0,0	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0	7,3
Outubro	0,0	0,0	6,0	61,4	0,0	0,0	0,0	0,0	2,5
Novembro	0,0	0,0	0,0	10,0	0,0	27,1	0,0	0,0	3,7
Dezembro	6,2	3,6	81,2	0,0	0,0	6,6	*	30,0	23,8
<b>TOTAL</b>	<b>921,9</b>	<b>1925,2</b>	<b>456,1</b>	<b>1388,7</b>	<b>504,0</b>	<b>652,4</b>	<b>577,1</b>	<b>846,9</b>	<b>918,5</b>

Fonte: Fundação cearense de meteorologia (FUNCEME)

\* Dado não disponível

O material genético utilizado no estudo foi constituído por 23 progênies de meio-irmãos provenientes da semeadura de sementes de polinização livre oriundas de genótipos integrantes do programa de melhoramento genético do cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical. (Tabela 2).

Tabela 2 – Identificação das progênies utilizadas no estudo. Fortaleza-CE, 2018.

Tratamento	Progênie	Origem	Tratamento	Progênie	Origem
1	MI 07-1	AC 222-4	13	MI 07-13	EMB 51
2	MI 07-2	AC 276-1	14	MI 07-14	BRS 265
3	MI 07-3	AC 237-5	15	MI 07-15	BRS 226
4	MI 07-4	AC 214-4	16	MI 07-16	FAGA 11
5	MI 07-5	AC 227-3	17	MI 07-17	CAP 12
6	MI 07-6	AC 262-3	18	MI 07-18	END 189
7	MI 07-7	AC 229-2	19	MI 07-19	PRO 555
8	MI 07-8	C 98-131	20	MI 07-20	B 30
9	MI 07-9	C 98-126	21	MI 07-21	HBO 33
10	MI 07-10	C 98-127	22	MI 07-22	HBO 58
11	MI 07-11	C 98-134	23	MI 07-23	HBO 69

---

Fonte: elaborado pelo autor.

### ***Delineamento e condução do experimento***

O experimento foi instalado em março de 2007, em regime de sequeiro. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, com oito plantas compondo cada parcela. Na área foi realizada gradagem, com posterior abertura das covas com dimensões de 40 x 40 x 40 cm, em espaçamento de oito metros entre linhas e seis metros entre plantas. Os tratos culturais aplicados no experimento ao longo dos anos de desenvolvimento das plantas obedeceram às recomendações técnicas para a cultura do cajueiro (OLIVEIRA; COSTA, 2005).

### ***Caracteres avaliados***

As plantas que constituíram cada uma das 23 progênies de meio-irmãos tiveram os seguintes caracteres agronômicos avaliados.

Entre 2008 e 2010:

- Altura de planta (AP em metros) – medição, com régua graduada, da base da planta até o seu ápice;
- Diâmetro de copa (DC em metros) – medida, com fita métrica, da projeção da copa.

De 2012 a 2015:

- Produtividade de castanhas (PROD em kg ha<sup>-1</sup>) - soma da massa de castanhas colhidas em cada planta no decorrer de todo o ciclo produtivo de cada safra, com extrapolação dos valores obtidos para produção por hectare;
- Massa média de castanha (MMC em gramas) – verificação da massa de uma amostra composta por 100 castanhas, com posterior obtenção da média aritmética;
- Porcentagem de castanha furadas (PCF em %) – retirada de uma amostra de 100 castanhas e contagem de quantas destas estavam furadas em consequência do ataque da traça das castanhas.

- Reação da castanha ao oídio (RCO em escala de notas) – avaliada por uma escala subjetiva de notas de severidade da doença, variando de 0 à 4, de acordo com o aumento da severidade do oídio.

### *Análises estatístico-genéticas*

#### *Análises de deviance e componentes de variância*

Para elaboração da ANADEV, seguiu-se os passos descritos por Fritsche-Neto (2012): i) obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance  $D = -2 \text{ Log L}$  para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) obtenção da diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, resultando na razão de verossimilhança (LR); iv) teste, via LRT, da significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Os componentes de variância e estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidos por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP), conforme descrito por Resende (2002). Para isso, procederam-se as análises conjuntas, considerando o seguinte modelo:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$$

em que:  $y$  é o vetor das médias fenotípicas dos genótipos;  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição dentro de cada safra (assumido como fixo) somados à média geral;  $g$  é o vetor do efeito progênie (assumido como aleatório), em que,  $g \sim N(0, G)$ , sendo  $G = I\sigma_g^2$ ;  $p$  é o vetor do efeito de parcela;  $i$  é o vetor da interação progênie x safra (assumido como aleatório), em que,  $i \sim N(0, I_{ge})$ , sendo  $I_{ge} = I\sigma_{ge}^2$ ;  $e$  é o vetor de erros, sendo que  $e \sim N(0, R)$  e  $R = I\sigma_e^2$ .  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $T$  são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de  $r$ ,  $g$ ,  $p$  e  $i$  ao vetor  $y$ .

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos. Estes foram estimados pelo método REML, utilizando o pacote estatístico computacional SELEGEM-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Utilizou-se a classificação proposta por Resende (2002) para classificar as estimativas das acurácias seletivas: baixa de 0,10 a 0,40; moderada de 0,40 a 0,70; alta acima de 0,70 e herdabilidades individuais: baixa de 0,01 a 0,15; moderada de 0,15 a 0,50; alta acima de 0,50.

### *Correlações entre safras*

Visando conhecer a correlação entre o desempenho das progênes ao longo das safras avaliadas, foram estimados os coeficientes de correlação ( $r_{\text{saf}}$ ) entre ranqueamentos das progênes para um mesmo caráter nos cinco anos. Para isso, utilizou-se o coeficiente de correlação de postos de *Spearman* ( $\rho$ ), obtido pela seguinte expressão  $\rho = \frac{1 - 6 \sum d_i^2}{n(n^2 - 1)}$ , em que  $d_i^2$  é a diferença entre o posto de cada valor correspondente em cada safra e  $n$  o número de pares de valores.

### *Índice de seleção genético*

Para ordenar e selecionar as melhores progênes, como também os melhores indivíduos dentro das progênes com base nos caracteres avaliados simultaneamente, foi utilizado um índice de seleção genético (ISG) estabelecido pelo corpo de pesquisadores da Embrapa para o programa de melhoramento do cajueiro. Esse índice leva em consideração peso econômico para alguns dos caracteres avaliados, considerando na importância, e os Blup's médios.

$$ISG = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum b_i x_i$$

em que, *ISG*: índice calculado para cada progênie,  $b_i$ : peso do caráter  $i$ ;  $x_i$ : valor do Blup para o caráter  $i$ . Os valores de  $b$  foram estabelecidos de acordo com os objetivos da seleção para o programa de melhoramento do cajueiro, sendo para Prod = 0,6; MMC = 0,2; PCF = 0,1 e DC = 0,1, gerando a seguinte expressão:

$$I = 0,6x_1 + 0,2x_2 - 0,1x_3 + 0,1x_4 = \sum b_i x_i$$

## Resultados e Discussão

Variação significativa entre as progênes foi detectada para a maioria dos caracteres em estudo, exceto para o caráter RCO (Tabela 3). Constatou-se também diferenças dentro de cada progênie para os caracteres AP, DC, PROD, MMC e PCF, evidenciando a existência de variabilidade genética a ser explorada pelo melhoramento tanto entre quanto dentro de progênes.

Tabela 3 – Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) e estimativas dos parâmetros genético-estatísticos, obtidos em 23 progênes de meio-irmãos de cajueiro. Avaliadas em três e quatro safras para os caracteres altura de planta (AP – em m), diâmetro da copa (DC – em m), produtividade de castanha (PROD – em kg ha<sup>-1</sup>), massa média da castanha (MMC – em g), percentual de castanhas furadas (PCF – em %) e reação da castanha ao oídio (RCO – notas de 0 a 4). Fortaleza-CE, 2018.

Efeitos	AP <sup>(2)</sup>	DC <sup>(2)</sup>	PROD <sup>(3)</sup>	MMC <sup>(3)</sup>	PCF <sup>(3)</sup>	RCO <sup>(3)</sup>
Progênie <sup>(1)</sup>						
Entre	305,43**	158,62**	194,54**	268,31**	183,69**	0
Dentro	122,48**	98,13**	4,14*	3,92*	19,37**	0,01
Interação PxS <sup>(1)</sup>	12,52**	10,71**	0,23	0	4,64*	0
$r_{saf}$	0,69	0,56	0,98	1,00	0,80	0,85
$h^2_{ep}$	0,79	0,67	0,92	0,94	0,85	0,02
$h^2_{dp}$	0,70	0,37	0,47	0,63	0,42	0,00
Média	1,51	2,10	647,0	10,03	3,32	2,00
Acurácia	0,89	0,82	0,96	0,97	0,92	0,14

Fonte: elaborado pelo autor.

<sup>(1)</sup>Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). \*\* significativo a  $p < 0,01$  e \* significativo a  $p < 0,05$  pelo teste de  $\chi^2$  com 1 grau de liberdade. Estimativas dos parâmetros genético-estatísticos: Correlação do desempenho das progênes entre safras ( $r_{saf}$ ), herdabilidades entre ( $h^2_{ep}$ ) e dentro ( $h^2_{dp}$ ) de progênes, média geral e acurácia em nível de progênie.

A interação progênes x safras foi significativa para os caracteres AP, DC e PCF, no entanto, vale ressaltar que as estimativas das correlações do desempenho das progênes entre safras foram de média a alta magnitude, variando de 0,56 a 0,80. Do exposto, pode-se inferir que não houve alteração expressiva na classificação das progênes entre safras, ou seja, a grande maioria das progênes apresentaram comportamento previsível/estável de uma safra para outra. Para os caracteres supracitados, não foram encontrados trabalhos focando a presença de interação progênes x safras na cultura do cajueiro.

Para os caracteres PROD, MMC E RCO a interação progênes x safras foi não significativa. Assim, pode-se inferir que o comportamento das progênes coincidiu nas diferentes safras. Esses resultados podem ser corroborados pelas altas estimativas das correlações do desempenho das progênes entre safras PROD (0,98), MMC (1,00) e RCO (0,85). Maia *et al.* (2009) realizaram estudo com clones de cajueiro e observaram a presença de interações genótipos x ambientes para o caráter produção e, conseqüentemente, valores de correlações de desempenho entre safras de média magnitude. Existem vários fatores (previsíveis e imprevisíveis) que podem contribuir para a presença da interação genótipos x ambientes. Um dos principais é a precipitação pluviométrica, principalmente tratando-se de um estudo em regime de sequeiro. Ressalta-se que, no período de 2012 a 2015 (Tabela 1), houve ocorrência de chuvas sempre abaixo da média histórica para o local do estudo, que é de 1.100 mm ano<sup>-1</sup>.

As estimativas de herdabilidades entre progênes ( $h^2_{ep}$ ) foram superiores àquelas observadas para herdabilidades dentro de progênes ( $h^2_{dp}$ ) para todos os caracteres em estudo (Tabela 3). Esses resultados de certa forma eram esperados, pelo fato do primeiro parâmetro, mesmo com somente um quarto da variância aditiva, ter em seu estimador a variância fenotípica ponderada pelo número de repetições e indivíduos dentro da parcela, enquanto que o segundo parâmetro, mesmo apresentando três quartos da variância aditiva, não apresenta ponderação para a variância fenotípica em seu estimador. Isso indica que ganhos genéticos são possíveis de serem obtidos com a seleção entre progênes. De acordo com Vencovsky e BARRIGA (1992), as herdabilidades de progênes devem ser superiores às individuais, especialmente quando se aumentam o número de repetições e o de informações dentro das parcelas. Portanto, a seleção pode ser mais eficiente quando baseada nas médias de progênes do que em plantas individuais. Conforme a classificação proposta por Resende (2002), as herdabilidades entre progênes foram de baixa magnitude para o caráter RCO e de alta magnitude para os caracteres AP, DC, PROD, MMC, PCF, tornando possível a seleção de progênes superiores com elevada acurácia seletiva (RESENDE; DUARTE, 2007).

As herdabilidades dentro das progênes, mesmo com estimativas inferiores às herdabilidades entre progênes, foram de magnitude alta para AP e MMC, e média para DC, PROD e PCF. Mesmo assim, essas informações são bastante úteis ao melhorista, já que englobam maior parte da variância genética aditiva, componente muito importante dentre os parâmetros genéticos. Neste sentido, os resultados revelam a possibilidade de uma seleção precisa tanto entre quanto dentro de progênes para a grande maioria dos caracteres.

A acurácia seletiva é uma medida que está associada a precisão da seleção, e corresponde a raiz quadrada da herdabilidade, em nível de médias, atestando a boa precisão e controle das causas de variância ambiental de ordem aleatória (MAIA *et al.*, 2009). É um componente importante para a maximização do progresso genético (RESENDE, 2002), conduzindo a maiores possibilidades de ganhos com seleção (RESENDE; DUARTE, 2007). Quanto maior é a acurácia seletiva na avaliação de progênie, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito para as mesmas. Seguindo a classificação proposta por Resende (2002), os valores estimados encontrados nesse estudo foram de altas magnitudes para quase todos os caracteres, com exceção apenas de RCO, que obteve magnitude baixa.

O índice de seleção proposto neste estudo gerou escores de natureza genética para o ranqueamento das progênie (Tabela 4). Ao realizar-se uma seleção com intensidade de 30%, identificou-se, pelos escores, sete progênie superiores (MI 07-3, MI 07-4, MI 07-6, MI 07-8, MI 07-14, MI 07-16 e MI 07-17). Todas apresentaram os maiores valores genéticos para o caráter PROD. Certamente, se deveu ao fato do maior peso (60%) ser dado para este caráter, na confecção do índice de seleção. Vale ressaltar que o objetivo geral do programa de melhoramento é aumentar a expressão fenotípica desse caráter, justificando seu maior peso. Na análise das sete melhores progênie, atenção deve ser dada à progênie MI 07-16, que apresentou o maior escore pelo índice de seleção, sendo com isso a melhor ranqueada, mesmo figurando simultaneamente entre as melhores, apenas para os caracteres DC e PROD. Merecem também destaque as progênie MI 07-3 e MI 07-8, que figuraram ao mesmo tempo, entre as sete selecionadas para os quatro caracteres avaliados. Essas observações evidenciam a possibilidade de identificar, dentro dessas progênie, indivíduos que concentram alelos favoráveis para os quatro caracteres.

Tabela 4 – Valores fenotípicos<sup>(1)</sup>, blup's<sup>(2)</sup> e escores obtidos pelo índice de seleção (ISG)<sup>(3)</sup> preditos em 23 progênie de meio-irmãos de cajueiro, avaliadas em três e quatro safras para os caracteres, diâmetro da copa (DC), produtividade de castanha (PROD), massa média da castanha (MMC) e percentual de castanhas furadas (PCF). Fortaleza-CE, 2018.

Progênie	AP <sup>(1)</sup>	Blup's médios				ISG <sup>(3)</sup>
		DC <sup>(2)</sup>	PROD <sup>(2)</sup>	MMC <sup>(2)</sup>	PCF <sup>(2)</sup>	
MI 07-1	1,57	0,168	24,913	-0,672	0,695	14,761
MI 07-2	1,70	0,198	62,220	-0,404	10,296	36,241
MI 07-3	2,38	0,998	432,553	3,002	5,290	259,703
MI 07-4	1,76	-0,017	195,681	0,268	-1,701	117,630
MI 07-5	1,75	0,298	171,285	0,091	-2,632	103,082

MI 07-6	1,86	0,507	286,817	0,487	-0,065	172,245
MI 07-7	1,28	-0,137	-136,144	-1,501	-1,644	-81,836
MI 07-8	1,80	0,350	602,532	2,998	3,635	361,791
MI 07-9	1,06	-0,370	-164,977	-1,163	-0,519	-99,204
MI 07-10	1,06	-0,466	-166,784	0,363	-1,082	-99,936
MI 07-11	1,56	-0,382	25,211	4,865	-4,129	16,474
MI 07-12	1,42	0,082	119,421	1,338	0,462	71,882
MI 07-13	1,38	-0,053	-396,246	-1,657	-4,015	-237,683
MI 07-14	1,79	0,093	333,713	-0,811	2,896	199,785
MI 07-15	1,20	-0,281	-342,054	-2,598	-0,777	-205,702
MI 07-16	1,44	0,322	796,178	-0,511	-2,784	477,916
MI 07-17	1,62	-0,076	404,336	0,741	2,712	242,471
MI 07-18	1,42	-0,041	-190,591	-2,727	0,539	-114,958
MI 07-19	1,61	0,514	179,691	1,493	-2,849	108,449
MI 07-20	0,92	-0,670	-447,858	-1,172	-0,293	-268,987
MI 07-21	1,07	-0,423	-703,482	2,073	-3,184	-421,399
MI 07-22	1,31	-0,475	-1044,859	-1,369	1,160	-627,353
MI 07-23	1,46	-0,139	-41,556	-3,132	-2,011	-25,373

Fonte: elaborado pelo autor.

Partindo para a seleção individual, isto é, dentro de progênies, verificou-se que dos 30 melhores indivíduos ranqueados no estudo (Tabela 5), cerca de 80% foram oriundos das sete progênies que se destacaram na seleção entre, comprovando a elevada frequência de alelos favoráveis dentro destas, e justificando uma estratégia de seleção entre e dentro de progênies. Outras seis diferentes progênies foram representadas na seleção individual. É comum, na seleção individual, desconsiderar aquelas progênies que não se destacaram na seleção entre. Entretanto, indivíduos promissores também podem ser identificados dentro de progênies que apresentaram comportamento inferior. Como o cajueiro pode ser propagado assexuadamente, a seleção individual permite que esses indivíduos possam avançar para as próximas etapas do programa de melhoramento, nos experimentos de competição de clones.

Tabela 5 – Valores fenotípicos<sup>(1)</sup>, Blup's<sup>(2)</sup> médios dos 30 melhores indivíduos ranqueados com base em escores gerados pelo índice de seleção (ISG)<sup>(3)</sup>, considerando o desempenho de 23 progênies de meio-irmãos de cajueiro, avaliadas para os caracteres diâmetro da copa (DC),

produtividade de castanha (PROD), massa média da castanha (MMC) e percentual de castanhas furadas (PCF). Fortaleza-CE, 2018.

Bloco	Progênie	Planta	Indivíduo	AP <sup>(1)</sup>	Blup's médios				ISG <sup>(3)</sup>
					DC <sup>(2)</sup>	PROD <sup>(2)</sup>	MMC <sup>(2)</sup>	PCF <sup>(2)</sup>	
3	8	6	386	2,90	0,371	1131,54	4,973	0,428	679,915
2	2	2	222	1,60	0,556	895,443	-1,261	0,963	536,973
1	8	3	183	1,23	0,127	871,690	1,162	1,878	523,071
1	16	4	1164	1,70	0,250	862,420	-1,419	-0,710	517,264
3	14	4	3144	2,13	0,354	849,434	0,533	0,349	509,767
3	8	1	381	2,33	0,499	849,097	0,834	0,771	509,598
3	16	8	3168	1,33	0,315	843,184	0,463	-1,658	506,200
2	17	6	2176	1,47	0,118	792,094	1,578	0,575	475,526
3	3	6	336	2,07	0,585	789,546	0,952	1,478	473,829
2	16	8	2168	1,63	0,290	770,268	3,095	-1,681	462,977
3	17	7	3177	1,67	0,175	770,378	-0,410	0,346	462,127
2	8	7	287	2,17	0,376	742,061	1,655	0,921	445,513
3	17	4	3174	1,60	-0,223	741,216	-0,355	0,560	444,580
1	16	3	1163	1,50	0,147	673,705	-1,555	-0,755	404,002
1	3	1	131	2,27	0,675	662,019	0,927	3,497	397,114
1	3	7	137	2,23	0,496	657,853	2,467	2,646	394,990
1	7	6	176	1,33	-0,165	634,339	-0,618	-0,737	380,537
3	6	5	365	1,93	0,309	628,510	0,260	-0,069	377,196
2	17	1	2171	1,57	0,015	623,480	-0,728	0,310	373,913
3	16	1	3161	1,13	0,033	607,082	-0,276	-1,658	364,363
1	16	8	1168	1,63	0,288	591,325	0,222	-0,654	354,934
2	4	7	247	1,83	0,043	590,299	0,014	-1,393	354,326
1	9	2	192	1,80	0,406	588,708	-0,004	-1,062	353,371
1	14	5	1145	1,50	-0,025	587,815	-1,873	3,362	351,976
2	14	6	2146	1,63	0,070	571,652	0,746	0,622	343,085
2	3	1	231	2,40	0,542	565,386	-0,074	5,168	338,754
1	11	3	1113	1,90	0,059	558,399	0,929	-2,404	335,471
3	23	6	3236	2,03	0,028	549,794	-0,507	-0,560	329,834
3	16	4	3164	1,10	-0,095	545,219	-1,504	-1,470	326,968
2	5	6	256	2,13	0,580	539,931	-0,875	-0,695	323,911

Médias	0,240	702,796	421,74	0,279	421,736
--------	-------	---------	--------	-------	---------

Fonte: elaborado pelo autor.

Cinco progênies (MI 07-3, MI 07-8, MI 07-14, MI 07-16 e MI 07-17) apresentaram 22 indivíduos entre os 30 melhores, correspondendo a 73% dos genótipos superiores. Essas cinco progênies estão entre as sete melhores ranqueadas (Tabela 4) e têm como matrizes de origem os clones AC 237-5, C 98-131, BRS 265, FAGA 11 e CAP 12, respectivamente. Essas matrizes que originaram as progênies são materiais genéticos que já foram lançados como cultivares comerciais (BRS 265 e FAGA 11), estão em fase final do processo de melhoramento (CAP 12), ou fazem parte de outros estudos do programa de melhoramento do cajueiro (AC 237-5 e C98-131), explicando assim a concentração de alelos favoráveis em suas progênies.

A progênie MI 07-16, que gerou um quarto dos indivíduos listados entre os 30 superiores (Tabela 5), é oriunda do clone comercial FAGA 11. Este, por sua vez, também apresenta razoável conjunto fenotípico, com porte baixo, produtividade de castanha acima de 1100 kg ha<sup>-1</sup> em condição de sequeiro e boas características de castanha (RIBEIRO *et al.*, 2005). É muito provável que os indivíduos desta progênie tenham sido beneficiados por isto.

Os resultados apresentados neste estudo mostram que o índice de seleção levou a escolha das melhores progênies e dos melhores indivíduos, fornecendo assim materiais genéticos que podem ser utilizados no programa de melhoramento do cajueiro, em um novo ciclo de progênies, com o intuito de aumentar a frequência de alelos favoráveis, ou em testes de competição de clones, visando a recomendação de novas cultivares.

As predições dos valores genéticos revelaram que a seleção realizada entre e dentro de progênies de meio-irmãos de cajueiro consiste numa excelente estratégia para a identificação de indivíduos geneticamente superiores.

## Conclusão

As progênies MI 07-16, MI 07-3 e MI 07-8, levando-se em conta os caracteres estudados simultaneamente, são superiores as demais.

Os indivíduos 386, 222, 183, 1164 e 3144 mostraram ter potencial genético e devem ser usados na fase seguinte do programa de melhoramento.

## REFERÊNCIAS

- CAVALCANTI, J.J.V.; RESENDE, M.D.V. Seleção precoce intensiva: uma nova estratégia para o programa de melhoramento genético do cajueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.32, n.4, p.1279-1284, 2010.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução: Silva, M.A, Silva,J.C. Viçosa, MG: Impr. Univ., 279p., 1987.
- FRITSCHÉ-NETO, R.; *et al.* Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, p. 794-802, 2012
- MAIA, M.C.C. *et al.* Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiania, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar. 2009.
- OLIVEIRA, V.H.; COSTA, V.S.O. **Manual de produção integrada de caju**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2005. 355 p.
- PAIVA, J. R. *et al.* Seleção de clones de cajueiro comum pelo método em tandem e índice de classificação. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 3, p. 765-772, 2007.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. *In*: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. *In*: Paterniani E and Viegas GP (eds.) **Melhoramento e produção de milho**. Fundação Cargill. Campinas. vol.1, p. 217-274. 1987.
- PEREIRA, T.B. *et al.* Seleção de progênies F4 de cafeeiros obtidas de cultivares do grupo Icatu. **Coffee Science**, Lavras, v. 8, n. 3, p. 337-346, jul./set. 2013.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica. Brasília. 975p. 2002.
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, [s.l.], v.37, p.182-194, 2007.
- RIBEIRO, J. L. *et al.* **Avaliação de clones de cajueiro-anão precoce no município de Picos, PI, no período de 2000 a 2004**. Teresina: Embrapa Meio - Norte, 2005 (Comunicado técnico, 172).

SILVA, J.M. *et al.* Variação Genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n. 90, p. 241-252, jun. 2011

SILVA, T.P.; VIDAL NETO, F. C.; DO VALE, J.C. Prediction of genetic gains with selection between and within S2 progenies of papaya using the REML/Blup analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], Vol. 52, n. 12, 1167–1177, 2017.

STURION J.A.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, [s.l.], 30:157-160, mai.-jul., 2010.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

VIANA, A.P.; RESENDE, M.D.V. DE. **Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras**. 1.ed. Rio de Janeiro: Interciência, 296p., 2014.

### 3 ÍNDICE DE SELEÇÃO GENÉTICO NA IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE CAJUEIRO-ANÃO

#### RESUMO

O objetivo deste estudo foi identificar progênies de irmãos completos de cajueiro-anão com potencial agrônomico e indivíduos geneticamente superiores dentro destas progênies para subsidiar a etapa final do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical. Para isso, sete progênies de irmãos completos (PIC) de cajueiro foram avaliadas em três safras para os caracteres altura da planta (AP) e diâmetro de copa (DC) e quatro safras para produtividade de castanha (PROD), massa média de castanha (MMC), percentual de castanhas furadas (PCF) e reação da castanha ao oídio (RCO), em delineamento de blocos casualizados, com informações de indivíduo obtidas de dentro das parcelas. Para a predição dos valores genéticos e das estimativas dos parâmetros genéticos, usou-se o método da máxima verossimilhança restrita/ melhor preditor linear não-viesado (REML/BLUP). Observou-se a existência de variabilidade genética entre e dentro de progênies para todos os caracteres avaliados. Os coeficientes das herdabilidades entre progênies foram superiores aos encontrados para herdabilidades dentro de progênies para todos os caracteres em estudo, com estimativas que variaram de média à baixa magnitude. As acurácias seletivas apresentaram estimativas de média à alta magnitude para todos os caracteres. Por meio do índice de seleção genético proposto foi possível promover a seleção simultânea para os caracteres avaliados e identificadas duas progênies superiores (IC 07-4 e IC 07-6), assim como também identificados, dentro destas, indivíduos com elevado potencial genético (343, 342, 461 e 262), que devem ser utilizados na próxima etapa do programa de melhoramento, a competição regional de clones.

**Palavras-chave:** *Anacardium occidentale* L.. Acurácia seletiva. REML/BLUP. Obtenção de clones.

## ABSTRACT

The objective of this study was to identify full sibs progenies of dwarf cashews with agronomic potential and genetically superior individuals within these progenies to subsidize the final stage of the Embrapa Tropical Agroindustry breeding program. In order to do this, seven progenies of full sibs progenies (FSP) were evaluated in three harvests for plant height (PH) and crown diameter (CD) and four crops for chestnut productivity (PROD), mean chestnut mass (MCM), percentage of bored nuts (PBN) and chestnut reaction to powdery mildew (CRM), in a randomized block design, with individual information obtained from within the plots. For the prediction of genetic values and estimates of genetic parameters, the method of maximum likelihood restricted/best non-biased linear predictor (REML/BLUP) was used. The existence of genetic variability among and within progenies was observed for all evaluated traits. The coefficients of heritabilities among progenies were higher than those found for progeny heritabilities for all traits under study, with estimates varying from medium to low magnitude. The selective accuracies presented estimates of mean to high magnitude for all the characters. Through the proposed genetic selection index, it was possible to promote simultaneous selection for the evaluated traits and to identify two higher progenies (IC 07-4 and IC 07-6), as well as identifying individuals with high genetic potential within them (343 , 342, 461 and 262), which are to be used in the next stage of the breeding program, regional clone competition.

**Keywords:** *Anacardium occidentale* L.. Accuracy selective. REML/BLUP. Obtain clones.

## Introdução

Os clones de cajueiro-anão têm proporcionado grande impulso à cultura do caju no Brasil, principalmente por proporcionar maiores produtividades (BARROS *et al.*, 2000). Neste sentido, o teste de progênies envolvendo irmãos completos é uma estratégia de grande potencial no melhoramento do cajueiro por possibilitar a maximização dos ganhos com a seleção, devido ao maior controle parental. Assim, geralmente são utilizados genitores de alto potencial agrônômico, rotineiramente cultivares que apresentam fenótipos desejáveis tanto por produtores como por consumidores (MELO *et al.*, 2013). Nas progênies resultantes destes cruzamentos devem ser identificados indivíduos superiores para participar de experimentos finais de competição.

Entretanto, esse processo de seleção de progênies com elevado potencial genético e identificação de indivíduos agronomicamente superiores raramente é facilitado. Isto porque a experimentação em campo com culturas perenes está quase sempre associada ao desbalanceamento de dados por diversos motivos (STURION; RESENDE, 2010). No caso de dados desbalanceados, a análise de variância (ANOVA) conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância e, conseqüentemente, a predições pouco precisas de valores genéticos (STURION; RESENDE, 2010). Assim, o método dos quadrados mínimos para obtenção de estimativas dos componentes de variância não é o que melhor se enquadra, justificando o uso de métodos mais robustos para prever os valores genéticos e, por conseqüência, estimar os parâmetros genéticos (SILVA *et al.*, 2011).

O procedimento analítico mais recomendado atualmente para os estudos em genética quantitativa voltados à prática da seleção em plantas perenes é a estimação dos componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genéticos pela melhor predição linear não viciada (BLUP), também denominada de metodologia de modelos mistos (STURION; RESENDE, 2010).

Pelo procedimento REML/BLUP a estimação dos componentes de variância e a predição dos valores genéticos pelo BLUP podem ser feitas por efeitos aleatórios em concordância aos efeitos fixos, assim como com desajuste de informações nas parcelas. Isso porque são embasadas em modelos lineares compostos por matrizes de incidência tanto de efeitos fixos como de aleatórios. Assim, inviabilizam que a inversão da matriz de estimativas forneça infinitas soluções. Além disso, este procedimento minimiza os efeitos de dados desbalanceados, ponderando-os pela quantidade disponível para cada genótipo, fazendo o BLUP mais eficiente que as estimativas obtidas via método dos mínimos quadrados (SILVA; VIDAL; DOVALE, 2017).

Nesta abordagem, os efeitos do modelo não são testados via teste  $F$ , assim como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que um quadro similar ao da análise de variância é elaborado e denominado por Análise de Deviance (ANADEV).

Suplementarmente, para a obtenção de materiais superiores é necessário que o genótipo selecionado reúna simultaneamente uma série de atributos favoráveis para os vários caracteres avaliados adequados aos objetivos dos programas de melhoramento do cajueiro. Para isso, podem ser utilizados índices de seleção, deixando o processo seletivo mais eficiente (CRUZ, *et al.* 2004). Ademais, possibilitam atribuir pesos diferentes aos caracteres estudados e valorizam atributos considerados de maior importância pelo melhorista (FALCONER, 1987),

diminuindo as possibilidades de seleção de genótipos com desempenho satisfatório apenas para um ou outro caráter.

Assim o objetivo desse estudo foi identificar progênies de irmãos completos de cajueiro-anão com potencial agrônomico e indivíduos superiores geneticamente dentro destas progênies para subsidiar a etapa posterior do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical.

## Material e Métodos

### *Área experimental e material genético*

O experimento foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa, localizado no município de Pacajus - CE, entre as coordenadas geográficas 4°10'22" de latitude e 38°27'39" de longitude, a uma altura de 60 m do nível do mar. O solo da área experimental é classificado como Podzólico Vermelho Amarelo Tb Eutrófico A fraco, com textura arenosa média. O clima é do tipo seco/subúmido, segundo a classificação climática de Thornthwaite (1955). Tem uma precipitação pluvial média de 1.100mm/ano e temperatura média anual de 26,5 °C. Na Tabela 1 encontra-se os dados de precipitação dos anos de 2008 a 2015.

Tabela 1 – Dados de precipitação no município de Pacajus, Ceará.

Meses	Anos							
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Janeiro	48,8	126,1	49,2	286,9	44,6	36,0	66,5	62,4
Fevereiro	3,2	219,9	24,8	187,5	196,2	96,1	109,8	93,6
Março	247,5	447,7	78,8	184,3	144,0	57,2	162,2	268,7
Abril	402,0	484,6	149,2	349,0	38,2	194,1	90,1	248,1
Maiο	143,2	340,5	40,5	203,6	5,2	79,0	133,8	19,7
Junho	60,6	137,0	26,4	25,2	75,8	122,2	8,7	22,4
Julho	3,0	121,1	0,0	58,0	0,0	34,1	6,0	102,0
Agosto	7,4	38,9	0,0	21,6	0,0	0,0	0,0	0,0
Setembro	0,0	5,8	0,0	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0
Outubro	0,0	0,0	6,0	61,4	0,0	0,0	0,0	0,0
Novembro	0,0	0,0	0,0	10,0	0,0	27,1	0,0	0,0

Dezembro	6,2	3,6	81,2	0,0	0,0	6,6	*	30,0
<b>TOTAL</b>	<b>921,9</b>	<b>1925,2</b>	<b>456,1</b>	<b>1388,7</b>	<b>504,0</b>	<b>652,4</b>	<b>577,1</b>	<b>846,9</b>

\* Dado não disponível.

O material genético que compôs o estudo foi constituído por sete progênes de irmãos completos provenientes de sementes geradas por polinização controlada entre clones integrantes do programa de melhoramento genético do cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical (Tabela 2). Os parentais foram escolhidos por apresentarem conjuntos fenotípicos bastante atrativos aos produtores e consumidores de amêndoa e pedúnculo.

Tabela 2 – Identificação das progênes utilizadas no estudo. Fortaleza-CE, 2018.

Tratamento	Progênie	Parentais
1	IC 07/1	CCP 76 x <i>Anacardium microcarpum</i>
2	IC 07/2	CCP76 x BRS 226
3	IC 07/3	CCP 76 x HAC 276/1
4	IC 07/4	CCP 76 x Embrapa 51
5	IC 07/5	CCP 76 x BRS Bahia 12
6	IC 07/6	CCP 76 x HAC 222/4
7	IC 07/7	BRS 226 x Embrapa 51

Fonte: elaborado pelo autor.

### ***Delineamento e condução do experimento***

O experimento foi instalado em março de 2007, em regime de sequeiro. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições, com quatro plantas compondo cada parcela. Na área experimental foi realizada gradagem, com posterior abertura de covas cujas dimensões foram de 40 x 40 x 40 cm, em um espaçamento de oito metros entre linhas e seis metros entre plantas. Os tratos culturais aplicados no experimento ao longo dos anos de desenvolvimento das plantas obedeceram às recomendações técnicas para a cultura do cajueiro (OLIVEIRA; COSTA, 2005).

### ***Caracteres avaliados***

As plantas que constituíram cada uma das sete progênies de irmãos completos tiveram os seguintes caracteres agronômicos avaliados.

Entre 2009 e 2011:

- Altura de planta (AP em metros) – medição, com régua graduada, da base da planta até o seu ápice.
- Diâmetro de copa (DC em metros) – medida, com fita métrica, da projeção da copa.

De 2012 a 2015 foram coletados dados de:

- Produtividade de castanhas (PROD em  $\text{kg ha}^{-1}$ ) - soma da massa de castanhas colhidas em cada planta no decorrer de todo o ciclo produtivo de cada safra, com extrapolação dos valores obtidos para produção por hectare.
- Massa média de castanha (MMC em gramas) – verificação da massa de uma amostra composta por 100 castanhas, com posterior obtenção da média aritmética.
- Porcentagem de castanha furadas (PCF em %) – retirada de uma mostra de cem castanhas e contagem de quantas destas estavam furadas em consequência do ataque da traça-das-castanhas.
- Reação da castanha ao oídio (RCO em escala de notas) – avaliada por uma escala subjetiva de notas de severidade da doença, variando de 0 à 4, de acordo com o aumento da severidade do oídio nas castanhas.

### ***Análises estatístico-genéticas***

#### *Análises de deviance e componentes de variância*

As ANADEVs foram obtidas por meio dos seguintes passos descritos por Fritsche-Neto (2012): i) obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance  $D = -2 \text{ Log L}$  para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) obtenção da diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, resultando na razão de verossimilhança (LR); iv) teste, via LRT, da significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, submetem-se os dados à análises por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP), conforme descrito por Resende (2002). Para isso, procederam-se as análises conjuntas, considerando o seguinte modelo:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$$

em que:  $y$  é o vetor das médias fenotípicas dos genótipos;  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição dentro de cada safra (assumido como fixo) somados à média geral;  $g$  é o vetor do efeito progênie (assumido como aleatório), em que,  $g \sim N(0, G)$ , sendo  $G = I\sigma_g^2$ ;  $p$  é o vetor do efeito de parcela;  $i$  é o vetor da interação progênie x safras (assumido como aleatório), em que,  $i \sim N(0, I_{ge})$ , sendo  $I_{ge} = I\sigma_{ge}^2$ ;  $e$  é o vetor de erros, sendo que  $e \sim N(0, R)$  e  $R = I\sigma_e^2$ .  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $T$  são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de  $r$ ,  $g$ ,  $p$  e  $i$  ao vetor  $y$ .

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos. Estes foram estimados pelo método REML, utilizando o pacote estatístico computacional SELEGEM-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Utilizou-se a classificação proposta por Resende (2002) para classificar as estimativas das acurácias seletivas: baixa de 0,10 a 0,40; moderada de 0,40 a 0,70; alta acima de 0,70 e herdabilidades individuais: baixa de 0,01 a 0,15; moderada de 0,15 a 0,50; alta acima de 0,50.

### *Correlações entre safras*

Visando conhecer a correlação entre o desempenho das progênie ao longo das safras avaliadas, foram estimados os coeficientes de correlação ( $r_{saf}$ ) entre ranqueamentos das progênie para um mesmo caráter nos cinco anos. Para isso, utilizou-se o coeficiente de correlação de postos de Spearman ( $\rho$ ), obtido pela seguinte expressão  $\rho = \frac{1 - 6 \sum d_i^2}{n(n^2 - 1)}$ , em que  $d_i^2$  é a diferença entre o posto de cada valor correspondente em cada safra e  $n$  o número de pares de valores.

### Índice de seleção genético

Para ordenar e selecionar as melhores progênies, como também os melhores indivíduos dentro das progênies com base nos caracteres avaliados simultaneamente, foi utilizado um índice de seleção genético (ISG) estabelecido pelo corpo de pesquisadores da Embrapa para o programa de melhoramento do cajueiro. Esse índice leva em consideração pesos diferenciados para cada um dos caracteres avaliados e os Blup's médios.

$$ISG = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum b_i x_i$$

em que, *ISG*: índice seletivo, *b<sub>i</sub>*: peso do caráter *i*; *x<sub>i</sub>*: estimativa média dos Blup's para o caráter *i*. Os valores de *b* foram estabelecidos de acordo com os objetivos traçados pelo programa de melhoramento do cajueiro, sendo para PROD = 0,6; MMC = 0,15; PCF = 0,1; RCO = 0,1 e DC = 0,05, gerando o seguinte índice:

$$ISG = 0,6x_1 + 0,15x_2 - 0,1x_3 - 0,1x_4 + 0,05x_5 = \sum b_i x_i$$

### Resultados e Discussão

Varição significativa entre as progênies foi detectada para todos os caracteres (Tabela 3). Constatou-se também diferenças dentro de cada progênie para os caracteres produtividade de castanhas (PROD), percentual de castanhas furadas (PCF) e reação da castanha ao oídio (RCO), evidenciando a existência de variabilidade genética a ser explorada pelo melhoramento tanto entre quanto dentro das progênies de irmãos completos.

Tabela 3 – Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos da variação entre e dentro de progênies e da interação P x S (progênies por safras), Obtidos em sete progênies de irmãos completos de cajueiro, avaliadas em três e quatro safras para os caracteres altura de planta (AP – em m), diâmetro de copa (DC – em m), produtividade de castanha (PROD – em kg ha<sup>-1</sup>), massa média da castanha (MMC – em g), percentual de castanhas furadas (PCF – em %) e reação da castanha ao oídio (RCO – notas de 0 a 4). Fortaleza-CE, 2018.

	AP	DC	PROD	MMC	PCF	RCO
Progênie						
Entre <sup>(1)</sup>	17,18***	18,51***	36,45***	64,67***	12,56***	39,15***

Dentro <sup>(1)</sup>	0,19	0,22	2,71*	0,01	2,82*	4,19**
Int P x S	0	0	0	0	0,75	0,01
$r_{saf}^{(2)}$	0,98	0,99	0,98	0,99	0,66	0,97
$h^2_{ep}$	0,21	0,19	0,25	0,42	0,13	0,28
$h^2_{dp}$	0,12	0,11	0,14	0,24	0,05	0,17
Média	2,2	3,4	1056,8	8,5	6,1	2,6
Acurácia	0,70	0,67	0,71	0,78	0,62	0,76

Fonte: elaborado pelo autor.

<sup>(1)</sup> Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). \*\* significativo a  $p < 0,01$  e \* significativo a  $p < 0,05$  pelo teste de  $\chi^2$  com 1 grau de liberdade. <sup>(2)</sup> Estimativas dos parâmetros genético-estatísticos correlação do desempenho das progênies entre safras ( $r_{saf}$ ), herdabilidades médias entre ( $h^2_{ep}$ ) e dentro ( $h^2_{dp}$ ) progênies, média geral e acurácia em nível de progênie.

A interação progênies por safras (P x S) foi não significativa para todos os caracteres. Do exposto, pode-se inferir que as progênies não tiveram alteração de comportamento frente as safras consideradas, ou seja, apresentaram comportamento previsível/estável de uma safra para outra.

A ausência de interação progênies por safras foi comprovada ainda pelas altas estimativas dos coeficientes de correlação entre os desempenhos das progênies ao longo das safras. Existem vários fatores (previsíveis e imprevisíveis) que podem contribuir para a presença/ausência da interação genótipos x ambientes e um dos principais é o volume de precipitação pluviométrica, principalmente tratando-se de um estudo em regime de sequeiro. No período de 2009 à 2011, anos de avaliações morfológicas, ocorreram variações consideráveis de pluviosidade (Tabela 1). Todavia, como altura de planta (AP) e diâmetro da copa (DC) são caracteres menos sujeitos a variação ambiental, principalmente nos primeiros anos de crescimento das plantas de cajueiro, a variação das chuvas provavelmente não contribuiu para expressão diferenciada das progênies (CAVALCANTI *et al.*, 2007). Por outro lado, de 2012 a 2015, as chuvas sempre foram abaixo da média histórica para o local do estudo e, dessa forma, talvez tenham restringido a expressão fenotípica das progênies, proporcionando maior estabilidade dessas ao longo dos anos de avaliação.

As estimativas de herdabilidade entre progênies ( $h^2_{ep}$ ) foram superiores aquelas observadas para herdabilidades dentro das progênies ( $h^2_{dp}$ ) para todos os caracteres em estudo (Tabela 3). Esses resultados de certa forma eram esperados, pois apesar deste último estimador reter maior fração da variância não aditiva (atribuída aos desvios de dominância), é menos confiável por não levar em consideração o número de repetições e de indivíduos dentro da

parcela (FALCONER, 1987). Neste sentido, ganhos genéticos substanciais são possíveis de serem obtidos com a seleção entre progênies (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

As herdabilidades entre progênies foram de baixa magnitude apenas para o caráter PCF e de média magnitude para os demais caracteres, o que pode tornar possível a seleção de progênies superiores para caracteres que apresentaram de média à elevada acurácia seletiva (RESENDE; DUARTE, 2007). As herdabilidades dentro de progênies foram de magnitude média para os caracteres MMC e RCO e de baixa magnitude para AP, DC, PROD e PCF. Mesmo assim, são bastante úteis ao melhorista, já que englobam em sua composição a variância genética aditiva, componente que expressa a fração herdável da variabilidade. Contudo, é muito provável que essas baixas estimativas sejam reflexo do baixo número de genitores empregados na obtenção das progênies de irmãos completos.

O CCP 76 foi utilizado como parental na maioria dos cruzamentos realizados por ser um clone que apresenta excelentes características agroindustriais. Sendo assim, acredita-se que o mesmo constitui uma excelente fonte de alelos favoráveis. Ademais, é o clone mais cultivado no Brasil, com cerca de 90% de toda a área plantada com clones de cajueiro (MOREIRA *et al.*, 2012).

A acurácia é um parâmetro utilizado para avaliação da qualidade experimental, refletindo a eficácia da inferência acerca dos valores genotípicos (BORGES *et al.*, 2009). A acurácia seletiva está diretamente relacionada a herdabilidade, correspondendo a raiz quadrada da herdabilidade, ao nível de médias, atestando a boa precisão e controle das causas de variância ambiental de ordem aleatória (MAIA *et al.*, 2009). Assim, permite obter ganhos genéticos mais confiáveis (RESENDE; DUARTE, 2007), pois quanto maior sua estimativa, maior será a precisão na seleção (RESENDE, 2002). Seguindo a classificação proposta por Resende (2002), os valores estimados encontrados nesse estudo foram de magnitudes altas para PROD, MMC e RCO e de magnitudes médias para AP, DC e PCF.

O índice de seleção proposto neste estudo gerou escores de natureza genética para o ranqueamento das progênies (Tabela 4). Ao simular uma seleção com 30% de intensidade, foram identificadas duas progênies superiores, IC 07-4 e IC 07-6. Ambas apresentaram os maiores valores genéticos para o caráter PROD. Isso afetou diretamente nesses escores, uma vez que o caráter PROD apresentou o maior peso na composição do índice (60%). Vale ressaltar que o objetivo geral do programa de melhoramento é aumentar a expressão desse caráter e daí a justificativa para o seu maior peso. Essas duas melhores progênies foram originadas dos cruzamentos CCP 76 x Embrapa 51 e CCP 76 x HAC 222/4. Como já relatado, o clone CCP 76

é um clone que apresenta características excepcionais para a agroindústria e muito provavelmente contribuiu de forma positiva para a geração das progênies.

Tabela 4 – Valores fenotípicos <sup>(1)</sup>, blup's <sup>(2)</sup> e escores obtidos pelo índice de seleção genético (ISG) <sup>(3)</sup> preditos em sete progênies de irmãos completos de cajueiro, para os caracteres diâmetro de copa (DC – em m), produtividade de castanha (PROD – em kg ha<sup>-1</sup>), massa média da castanha (MMC – em g) e percentual de castanhas furadas (PCF – em %). Fortaleza-CE, 2018.

Progênie	AP <sup>(1)</sup>	Blup's médios					ISG <sup>(3)</sup>
		DC <sup>(2)</sup>	PROD <sup>(2)</sup>	MMC <sup>(2)</sup>	PCF <sup>(2)</sup>	RCO <sup>(2)</sup>	
1	2,17	-0,153	-300,449	-1,441	-0,314	-0,219	-180.486
2	2,14	-0,105	-132,342	-0,372	0,638	-0,235	-79.405
3	2,28	-0,100	91,590	0,225	1,537	-0,021	54.800
4	2,36	0,121	288,872	-0,151	-0,824	0,209	173.323
5	2,22	-0,296	129,640	0,916	0,804	-0,151	77.784
6	2,25	0,409	304,769	0,960	-2,014	0,088	183.063
7	2,20	0,123	-122,813	-0,137	0,172	0,329	-73.688

Fonte: elaborado pelo autor.

O clone Embrapa 51, usado como o outro parental da progênie IC 07-4, também apresenta excelentes características agroindustriais, como produtividade média de castanhas de 1255 kg ha<sup>-1</sup> e peso médio de castanha de 10,43 gramas (BARROS *et al.*, 2000). Isso deve ter concorrido também no desempenho da progênie resultante e culminou em valores genéticos superiores. O clone HAC 222/4 (resultante do cruzamento CCP 1001 x CP 96), apesar de apresentar valores fenotípicos medianos (CAVALCANTI *et al.*, 2000; VALE *et al.*, 2014), se recombinou bem com o parental CCP 76, devido ao desempenho médio da progênie resultante. É muito provável que essa superioridade se deva não só aos efeitos aditivos transmitidos pelos genitores, mas também aos desvios de dominância resultantes da recombinação.

Ao analisar os indivíduos dentro das progênies, verificou-se que dos 30 indivíduos melhor ranqueados no estudo (Tabela 5), 90% são oriundos das duas progênies destacadas anteriormente (IC 07-4 e IC 07-6) representadas por 12 e 15 indivíduos, respectivamente. Esses resultados apontam a elevada frequência de alelos favoráveis dentro destas progênies e a possibilidade de se usar uma estratégia de seleção combinada, na qual a escolha é feita com base no desempenho individual associado ao desempenho da família, em um único estágio (MARTINS *et al.*, 2005), possibilitando a seleção de indivíduos superiores de famílias intermediárias ou indivíduos intermediários de famílias superiores (FALCONER, 1987).

Assim, devem-se identificar as melhores progênies e, posteriormente, selecionar os melhores indivíduos dentro destas.

Tabela 5 – Valores fenotípicos <sup>(1)</sup>, blup's <sup>(2)</sup> médios dos 30 melhores indivíduos melhor ranqueados com base em escores gerados pelo índice de seleção genético (ISG), considerando o desempenho de sete progênies de irmãos completos de cajueiro, para os caracteres avaliados: diâmetro da copa (DC – em m), produtividade de castanha (PROD – em kg ha<sup>-1</sup>), massa média da castanha (MMC – em g) e percentual de castanhas furadas (PCF – em %). Fortaleza-CE, 2018.

Bloco	Progênie	Planta	Indivíduo	AP <sup>(1)</sup>	Blup's médios					ISG <sup>(3)</sup>
					DC <sup>(2)</sup>	PROD <sup>(2)</sup>	MMC <sup>(2)</sup>	PCF <sup>(2)</sup>	RCO <sup>(2)</sup>	
3	4	3	343	2,93	0,204	700,892	-0,629	-0,962	0,193	420,548
3	4	2	342	3,00	0,234	438,088	0,016	-0,671	0,307	262,931
4	6	1	461	2,33	0,444	437,622	0,166	-1,783	-0,003	262,821
3	4	4	344	2,13	0,204	423,313	-0,761	-0,912	0,199	253,975
2	6	2	262	2,30	0,360	401,874	0,201	-1,877	-0,100	241,383
1	4	2	142	2,57	0,172	397,761	-1,027	-1,054	0,226	238,614
3	6	2	362	2,33	0,420	392,100	1,707	-2,068	0,121	235,759
1	6	3	163	2,77	0,453	387,401	0,670	-2,248	0,059	232,808
1	4	1	141	2,47	0,132	371,968	-0,357	-0,994	0,169	223,232
3	6	3	363	2,40	0,375	362,666	1,104	-2,150	0,104	218,012
2	4	1	241	2,53	0,232	353,193	1,213	-1,092	0,266	212,217
4	4	3	443	2,27	0,090	352,648	-0,307	-1,150	0,221	211,656
2	3	3	233	2,87	-0,019	339,358	0,739	1,541	0,087	203,565
1	6	2	162	1,93	0,363	338,606	0,554	-1,819	0,111	203,459
2	6	4	264	1,97	0,490	328,332	1,473	-2,268	-0,151	197,503
1	6	4	164	2,03	0,388	322,045	0,942	-2,054	0,093	193,608
4	4	2	442	1,83	0,060	304,593	0,536	-1,020	0,283	182,930
4	6	2	462	2,27	0,479	301,950	2,108	-2,230	0,163	181,749
4	6	4	464	2,40	0,469	291,922	0,934	-2,122	0,276	175,538
3	6	1	361	2,97	0,554	287,343	0,236	-1,681	0,138	172,658
4	4	4	444	2,57	0,159	275,737	0,065	-0,340	0,067	165,499
1	4	3	143	2,27	0,142	264,883	-0,159	-0,890	0,300	158,994
4	3	1	431	2,87	0,042	264,431	0,783	1,285	0,139	158,645
1	4	4	144	2,27	0,137	257,548	-0,514	-0,994	0,204	154,555
2	6	3	263	1,90	0,440	245,994	0,862	-1,981	-0,003	147,968
2	6	1	261	2,07	0,410	242,935	1,143	-2,072	0,253	146,168
1	6	1	161	2,03	0,448	236,431	1,851	-2,192	0,099	142,395

2	4	2	242	2,80	0,043	224,793	0,419	-1,131	0,084	135,052
4	6	3	463	1,77	0,344	219,754	0,480	-2,256	0,123	132,178
2	3	4	234	2,43	-0,009	195,088	0,177	1,317	0,144	116,939

Fonte: elaborado pelo autor.

Os outros três indivíduos restantes representaram a progênie IC 07-3, que não foi selecionada entre as melhores. É comum na seleção individual desconsiderar aquelas progênies que não se destacaram na seleção entre, entretanto, indivíduos promissores podem ser identificados dentro de progênies que apresentaram comportamento médio e/ou medíocre. Como o cajueiro pode ser propagado assexuadamente, a seleção individual permite que esses indivíduos possam avançar às próximas etapas do programa de melhoramento, podendo fazer parte de testes de competição de clones.

Os resultados apresentados neste estudo mostram a eficiência do índice de seleção para a escolha das melhores progênies e dos melhores indivíduos, fornecendo assim materiais genéticos que podem ser utilizados no programa de melhoramento do cajueiro, compondo um novo ciclo de progênies ou experimentos de competição de clones em diferentes ambientes, visando a recomendação de novas cultivares.

## Conclusão

As progênies IC 07-4 e IC 07-6 são superiores levando-se em conta os caracteres estudados simultaneamente.

Os indivíduos 343, 342, 461, 344 e 262 mostraram ter potencial genético e devem ser usados na fase seguinte do programa de melhoramento.

## REFERÊNCIAS

- BARROS, L. M. *et al.* Seleção de clones de cajueiro-anão para o plantio comercial no Estado do Ceará. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v.35, n.11, p.2197- 2204. 2000.
- BORGES, V. *et al.* Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, [s.l.], v. 27, p. 478-490, 2009
- CAVALCANTI, J.J.V. *et al.* Análise dialélica para avaliação de híbridos interpopulacionais de cajueiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1567-1575, 2000.
- CAVALCANTI, J. J. V. *et al.* Genetic control of quantitative traits and hybrid breeding strategies for cashew improvement. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 7, n. 2, p. 186 195. 2007.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução: Silva, M.A, Silva, J.C. Viçosa, MG: Impr. Univ., 279p., 1987.
- FRITSCHÉ-NETO, R. *et al.* Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, p. 794-802, 2012.
- MAIA, M.C.C. *et al.* Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiania, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar. 2009.
- MARTINS, I. S. *et al.* Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *eucalyptus grandis*. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, jan./mar. 2005.
- MELO, D. S. *et al.* **Hibridação Artificial em Cajueiro**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2013 (Comunicado técnico, 210).
- MOREIRA, R. C. *et al.* **Resistência de Clones de Cajueiro-Comum à Resinose**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2012. 18 p. (Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 58).
- OLIVEIRA, V.H.; COSTA, V.S.O. **Manual de produção integrada de caju**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2005. 355 p.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica. Brasília. 975p. 2002.
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, [s.l.], v.37, p.182-194, 2007.

SILVA, J.M. *et al.* Variação Genética e ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n. 90, p. 241-252, jun. 2011

SILVA, T.P.; VIDAL NETO, F. C.; DO VALE, J.C. Prediction of genetic gains with selection between and within S2 progenies of papaya using the REML/Blup analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], Vol. 52, n. 12, 1167–1177, 2017.

STURION J.A.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, [s.l.], 30:157-160, mai.-jul., 2010.

VALE, E.H. *et al.* Desempenho de híbridos de cajueiro-anão-precoce no litoral do estado do ceará. **Revista Brasileira de Fruticultura**, [s.l.], v. 36, n. 4, p. 940–949, 2014.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

#### 4 COMPARAÇÃO ENTRE GANHOS GENÉTICOS PROPORCIONADOS COM A SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS E IRMÃOS COMPLETOS DE CAJUEIRO-ANÃO

##### RESUMO

O objetivo deste estudo foi comparar os ganhos genéticos proporcionados com a seleção em progênies de meio-irmãos (PMI) e progênies de irmãos completos (PIC) para caracteres de importância do cajueiro. Sete PIC e 23 PMI de cajueiro-anão foram avaliadas em três anos para os caracteres altura de planta (AP) e diâmetro da copa (DC), e em quatro safras para produtividade de castanha (PROD), massa média da castanha (MMC), percentual de castanhas furadas (PCF) e reação da castanha ao oídio (RCO), no delineamento de blocos ao acaso, com informações de indivíduo retiradas de dentro das parcelas. Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, os dados foram analisados por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP). A identificação dos 30 melhores indivíduos quanto à DC, PROD, MMC e PCF proporcionou ganhos médios de 9,4; 31,4; 13,4 e -25,1% para progênies de irmãos completos e de 26,4; 108,6; 38,4 e -74,2% para progênies de meio-irmãos. Considerando esses ganhos médios para cada caráter, constatou-se que aqueles preditos para progênies de meio-irmãos foram superiores aos preditos para progênies de irmãos completos para todos os caracteres em pelo menos duas vezes e meia. A seleção praticada em progênies de meio-irmãos em cajueiro-anão proporciona maiores ganhos genéticos que a seleção realizada em progênies de irmãos completos.

**Palavras-chave:** *Anacardium occidentale* L.. REML/BLUP. Teste de progênies. Ganhos genéticos.

## ABSTRACT

The objective of this study was to compare the genetic gains provided with selection in half-sib progenies (HSP) and full-sib progenies (FSP) for cashew nut characters. Seven potatoes and 23 PMI of dwarf cashews were evaluated in three years for plant height (PH) and crown diameter (CD), and in four crops for chestnut productivity (PROD), mean chestnut mass (MCM), percentage of bored nuts (PBN) and chestnut reaction to powdery mildew (CRM), in the randomized block design, with individual information collected from within the plots. In order to obtain the components of variance and genetic parameter estimates, the data were analyzed using the Restricted Maximum Likelihood / Best Nonlinear Predictor (REML / BLUP) method. The identification of the 30 best individuals for CD, PROD, MCM and PBN provided mean gains of 9.4; 31.4; 13.4 and -25.1% for complete sib progenies and 26.4; 108.6; 38.4 and -74.2% for half-sib progenies. Considering these average gains for each character, it was found that those predicted for progenies of half-siblings were superior to those predicted for full-sib progenies for all characters by at least two and a half times. The selection practiced in half-sibling progenies in dwarf cashews provides greater genetic gains than the selection performed on progenies of complete sibs.

**Keywords:** *Anacardium occidentale* L.. REML/BLUP. Progenies test. Genetics gains.

## Introdução

O teste de progênies envolvendo meio-irmãos é um procedimento corriqueiro no melhoramento de alógamas pela maior facilidade na execução, pois as progênies correspondem à descendência de polinização livre de uma planta (PATERNIANI; CAMPOS, 2005) e por proporcionar maior representatividade alélica na descendência resultante. Apesar disto, nem sempre os ganhos são satisfatórios, pois como só há o controle parental materno, muitos indivíduos medíocres podem acabar contribuindo gameticamente para formação dos descendentes.

Uma opção para aumentar a eficiência do controle parental é o uso de testes com progênies de irmãos completos. Assim, na obtenção deste tipo de progênie os cruzamentos devem ser direcionados, isto é, com controle tanto materno quanto paterno. Para isso, geralmente são usados como genitores materiais genéticos de comportamento agrônômico conhecido e bem aceito, como cultivares em uso. Apesar de ser mais laboriosa, essa alternativa

vem sendo adotada paulatinamente pelo programa de melhoramento de cajueiro da Embrapa com o intuito de maximizar a heterose nos cruzamentos realizados (CAVALCANTI; BARROS, 2009).

Na condução de um programa de melhoramento de alógamias, sempre há um dilema: conduzir progênies de meio-irmãos ou de irmãos completos? Essa resposta parece variar conforme a espécie (número de descendentes gerados), a complexidade em se promover cruzamentos artificiais, o ciclo, dentre outros. Estudos que comparem qual dos tipos de progênies apresenta maior capacidade de maximizar o ganho genético são escassos. Bison *et al.* (2006) obtiveram progênies de meios irmãos de *Eucalyptus Grandis* e *E. urophylla* e progênies de irmãos completos de *E. grandis* com *E. Urophylla*. Os autores constataram que as progênies de irmãos completos proporcionaram desempenho 38,7% maior que a média das progênies de meio-irmãos para diâmetro à altura do peito. Por outro lado, para o caráter densidade básica da madeira, o desempenho do último tipo de progênies foi superior. Em milho, os ganhos com progênies de meio-irmãos são geralmente maiores (PATERNIANI; CAMPOS, 2005) e isso torna esse tipo de progênie preferido pelos programas da espécie. Contudo, isso não parece ser unanimidade entre as espécies exploradas economicamente, sendo necessário gerar mais informações a esse respeito.

Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi comparar os ganhos genéticos proporcionados com a seleção em progênies de meio-irmãos e progênies de irmãos completos para caracteres de importância do cajueiro.

## **Material e Métodos**

### ***Área experimental e material genético***

Os experimentos foram conduzidos no campo Experimental da Embrapa, localizado no município de Pacajus - CE, entre as coordenadas geográficas 4°10'22" de latitude e 38°27'39" de longitude, a uma altura de 60m do nível do mar. O solo das áreas experimentais é um Podzólico Vermelho Amarelo Tb Eutrófico A fraco, com textura arenosa média, o clima é do tipo seco/subúmido, segundo a classificação climática de Thornthwaite (1955), com uma precipitação pluvial média de 1.100mm/ano e temperatura média anual de 26,5 °C.

O material genético foi constituído por sete progênies de irmãos completos (PIC) provenientes de sementes geradas por polinização controlada entre clones integrantes do programa de melhoramento genético do cajueiro (Tabela 1) e 23 progênies de meio-irmãos

(PMI) provenientes da semeadura de sementes de polinização livre oriundas de genótipos integrantes do programa de melhoramento genético do cajueiro (Tabela 2), todos de domínio da Embrapa Agroindústria Tropical, selecionados por apresentarem conjuntos fenotípicos bastante atrativos aos produtores e consumidores de castanha e pedúnculo.

Tabela 1 – Identificação das progênies de irmãos completos (PIC) utilizadas no estudo. Fortaleza-CE, 2018.

Tratamento	Progênie	Parentais
1	IC 07/1	CCP 76 x Anacardium microcarpum
2	IC 07/2	CCP76 x BRS 226
3	IC 07/3	CCP 76 x HAC 276/1
4	IC 07/4	CCP 76 x Embrapa 51
5	IC 07/5	CCP 76 x BRS Bahia 12
6	IC 07/6	CCP 76 x HAC 222/4
7	IC 07/7	BRS 226 x Embrapa 51

Fonte: elaborado pelo autor.

Tabela 2 – Identificação das progênies de meio irmãos (PMI) utilizadas no estudo. Fortaleza-CE, 2018.

Tratamento	Progênie	Origem	Tratamento	Progênie	Origem
1	MI 07-1	AC 222-4	13	MI 07-13	EMB 51
2	MI 07-2	AC 276-1	14	MI 07-14	BRS 265
3	MI 07-3	AC 237-5	15	MI 07-15	BRS 226
4	MI 07-4	AC 214-4	16	MI 07-16	FAGA 11
5	MI 07-5	AC 227-3	17	MI 07-17	CAP 12
6	MI 07-6	AC 262-3	18	MI 07-18	END 189
7	MI 07-7	AC 229-2	19	MI 07-19	PRO 555
8	MI 07-8	C 98-131	20	MI 07-20	B 30
9	MI 07-9	C 98-126	21	MI 07-21	HBO 33
10	MI 07-10	C 98-127	22	MI 07-22	HBO 58
11	MI 07-11	C 98-134	23	MI 07-23	HBO 69
12	MI 07-12	C 98-110	*	*	*

Fonte: elaborado pelo autor.

### ***Delineamento e condução do experimento***

Os experimentos de PIC e PMI foram instalados em março de 2007, em regime de sequeiro. O delineamento experimental utilizado em ambos os experimentos foi o de blocos casualizados, sendo que para PIC, foram quatro repetições, com quatro plantas compondo cada parcela, e para PMI, foram três repetições, com oito plantas na parcela. Nessas áreas foi realizada gradagem, com posterior abertura das covas, cujas dimensões foram de 40 x 40 x 40 cm, em um espaçamento de oito metros entre linhas e seis metros entre plantas. Os tratos culturais aplicados nos experimentos ao longo dos anos de desenvolvimento das plantas obedeceram às recomendações técnicas para a cultura do cajueiro (OLIVEIRA; COSTA, 2005).

### ***Caracteres avaliados***

As plantas que constituem cada uma das progênies de cajueiro tiveram os seguintes caracteres agronômicos avaliados.

Entre 2008 e 2011:

- Diâmetro de copa (DC em metros) – medida, com fita métrica, da projeção da copa.

De 2012 a 2015:

- Produtividade de castanhas (PROD em kg ha<sup>-1</sup>) - soma da massa de castanhas colhidas em cada planta no decorrer de todo o ciclo produtivo de cada safra, com extrapolação dos valores obtidos para produção por hectare.
- Massa média de castanha (MMC em gramas) – verificação da massa de uma amostra composta por 100 castanhas, com posterior obtenção da média aritmética.
- Porcentagem de castanha furadas (PCF em %) – retirada de uma amostra de cem castanhas e contagem de castanhas furadas, em consequência do ataque da traça das castanhas.

### ***Análises estatístico-genéticas***

#### *Análises de deviance e componentes de variância*

As ANADEV's foram obtidas por meio dos seguintes passos descritos por Fritsche-Neto (2012): i) obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança

residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance  $D = -2 \text{ Log L}$  para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) obtenção da diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, resultando na razão de verossimilhança (LR); iv) teste, via LRT, da significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição.

Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, os dados dos ensaios de progênies de meio-irmãos e irmãos completos foram submetidos à análises com o auxílio do Software Selegen REML/BLUP, conforme descrito por Resende (2006), conforme o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

em que,  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),  $i$  é vetor dos efeitos da interação genótipo x anos (aleatórios) e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas  $X$ ,  $Z$  e  $W$  representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor  $r$  contempla todas as repetições de todos os anos (ajusta combinações repetição-ano). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de anos e de repetições dentro de anos.

#### *Ganhos com a seleção*

Para a estimação dos ganhos com a seleção, utilizou-se a expressão:

$$GS(\%) = \left[ \left( \frac{u + a}{\bar{X}_0} \right) - 1 \right] \times 100$$

em que,  $GS$  é o ganho predito com a seleção em termos percentuais;  $u + a$  são valores genético aditivos de cada indivíduo; e  $\bar{X}_0$  é a média da população original.

## **Resultados e Discussão**

Com o objetivo de selecionar indivíduos com potencial dentro das melhores progênies identificadas, promoveu-se um ranqueamento dos mais promissores, sendo

selecionados os 30 melhores indivíduos tanto para progênes de irmãos completos, como para meio-irmãos (Tabelas 3, 4, 5 e 6). Esta classificação foi realizada levando-se em consideração o objetivo do programa, que é aumentar, ou reduzir, a expressão do caráter.

Na seleção individual dentro das progênes de irmãos completos para o caráter diâmetro de copa (DC) as 30 plantas identificadas como superiores pertencem às progênes IC 07-4, IC 07-6 e IC 07-7 (Tabela 3). Cerca de 53% destes indivíduos são oriundos da progênie IC 07-6, originada do cruzamento CCP 76 x HAC 222/4. Se a seleção fosse praticada individualmente (por exemplo, com o indivíduo 361), poderiam resultar em ganhos genéticos de até 16,3%. Isso é viável, pois ao identificar um indivíduo superior em cajueiro torna-se possível propagá-lo vegetativamente, sendo transferido integralmente aos descendentes (clones) os efeitos gênicos aditivos e não aditivos (CAVALCANTI; BARROS, 2009; RESENDE, 2002).

Tabela 3 – Efeito aditivo (a), valor genético aditivo (u + a) e ganho genético com a seleção em percentual (GS%) preditos para os 30 melhores indivíduos extraídos dos experimentos de progênes de irmãos completos (IC) e de meio-irmãos (MI) de cajueiro-anão para o caráter diâmetro da copa (DC em metros). Fortaleza, Ceará, 2018

Bloco	PROGÊNIES DE IC						Bloco	PROGÊNIES DE MI					
	Prog	Planta	Ind	a	u+a	GS(%)		Prog	Planta	Ind	a	u+a	GS(%)
3	6	1	361	0,554	3,954	16,3	2	3	3	233	0,760	2,860	36,2
2	6	4	264	0,490	3,890	14,4	1	3	2	132	0,675	2,775	32,1
4	6	2	462	0,479	3,879	14,1	1	3	1	131	0,672	2,772	32,0
4	6	4	464	0,469	3,869	13,8	1	3	4	134	0,669	2,769	31,9
1	6	3	163	0,453	3,853	13,3	3	3	4	334	0,667	2,767	31,8
1	6	1	161	0,448	3,848	13,2	3	3	3	333	0,649	2,749	30,9
4	6	1	461	0,444	3,844	13,1	1	3	5	135	0,624	2,724	29,7
2	6	3	263	0,440	3,840	12,9	3	3	6	336	0,585	2,685	27,9
3	6	2	362	0,420	3,820	12,3	2	3	6	236	0,581	2,681	27,7
2	6	1	261	0,410	3,810	12,0	2	5	6	256	0,580	2,680	27,6
1	6	4	164	0,388	3,788	11,4	1	12	6	1126	0,579	2,679	27,6
3	6	3	363	0,375	3,775	11,0	1	3	6	136	0,560	2,660	26,7
1	6	2	162	0,363	3,763	10,7	1	1	2	112	0,556	2,656	26,5
2	6	2	262	0,360	3,760	10,6	3	6	4	364	0,552	2,652	26,3
4	6	3	463	0,344	3,744	10,1	2	3	1	231	0,542	2,642	25,8
1	7	3	173	0,332	3,732	9,8	2	8	2	282	0,530	2,630	25,3
3	7	4	374	0,301	3,701	8,9	1	19	7	1197	0,521	2,621	24,8
3	6	4	364	0,295	3,695	8,7	2	3	5	235	0,517	2,617	24,6
3	7	2	372	0,236	3,636	6,9	3	6	7	367	0,514	2,614	24,5

3	4	2	342	0,234	3,634	6,9	3	19	6	3196	0,504	2,604	24,0
2	4	1	241	0,232	3,632	6,8	3	6	8	368	0,501	2,601	23,9
3	4	3	343	0,204	3,604	6,0	3	8	1	381	0,499	2,599	23,8
3	4	4	344	0,204	3,604	6,0	1	3	7	137	0,496	2,596	23,6
1	7	4	174	0,193	3,593	5,7	3	3	5	335	0,495	2,595	23,6
4	7	4	474	0,183	3,583	5,4	3	3	2	332	0,470	2,570	22,4
1	4	2	142	0,172	3,572	5,1	3	3	7	337	0,470	2,570	22,4
1	7	2	172	0,168	3,568	4,9	2	3	7	237	0,466	2,566	22,2
4	4	4	444	0,159	3,559	4,7	1	5	3	153	0,463	2,563	22,0
1	4	3	143	0,142	3,542	4,2	1	3	8	138	0,457	2,557	21,8
4	7	1	471	0,138	3,538	4,1	2	3	2	232	0,453	2,553	21,6
Média original				3,400			2,100						
Ganho médio				9,4			26,4						

Fonte: elaborado pelo autor.

Para o mesmo caráter, mas considerando progênies de meio-irmãos, os 30 indivíduos melhores ranqueados pertencem às progênies MI 07-1, MI 07- 3, MI 07-5, MI 07-6, MI 07-8, MI 07-12 e MI 07-19. A progênie MI 07-3 gerou o maior número de indivíduos identificados como superiores. Os ganhos, caso a seleção fosse praticada individualmente (indivíduo 233), poderiam atingir 36,3%, ou seja, mais que o dobro predito para os ganhos com as progênies de irmãos completos.

Para o caráter produtividade (PROD), a seleção individual dentro das progênies de irmãos completos, das 30 plantas identificadas como superiores, cerca de 40 à 50% pertencem as progênies IC 07-4 e IC 07-6 (Tabela 4). Na hipótese de uma seleção praticada individualmente (por exemplo, com o indivíduo 343), poderá ser alcançado ganhos genéticos de até 66,3%.

Tabela 4 – Efeito aditivo (a), valor genético aditivo (u + a) e ganho genético com a seleção em percentual (GS%) preditos para os 30 melhores indivíduos extraídos dos experimentos de progênies de irmãos completos (IC) e de meio-irmãos (MI) de cajueiro-anão para o caráter produtividade de castanhas (PROD em kg ha<sup>-1</sup>). Fortaleza, Ceará, 2018.

PROGÊNIES DE IC							PROGÊNIES DE MI						
Bloco	Prog	Planta	Ind	a	u+a	GS(%)	Bloco	Prog	Planta	Ind	a	u+a	GS(%)
3	4	3	343	700,892	1757,692	66,3	3	8	6	386	1131,544	1778,544	174,9
3	4	2	342	438,088	1494,888	41,5	1	1	2	112	895,443	1542,443	138,4
4	6	1	461	437,622	1494,422	41,4	1	8	3	183	871,690	1518,690	134,7
3	4	4	344	423,313	1480,113	40,1	1	16	4	1164	862,420	1509,420	133,3
2	6	2	262	401,874	1458,674	38,0	3	14	4	3144	849,434	1496,434	131,3
1	4	2	142	397,761	1454,561	37,6	3	8	1	381	849,097	1496,097	131,2

3	6	2	362	392,100	1448,900	37,1	3	16	8	3168	843,184	1490,184	130,3
1	6	3	163	387,401	1444,201	36,7	2	17	6	2176	792,094	1439,094	122,4
1	4	1	141	371,968	1428,768	35,2	3	3	6	336	789,546	1436,546	122,0
3	6	3	363	362,666	1419,466	34,3	3	17	7	3177	770,378	1417,378	119,1
2	4	1	241	353,193	1409,993	33,4	2	16	8	2168	770,268	1417,268	119,1
4	4	3	443	352,648	1409,448	33,4	2	8	7	287	742,061	1389,061	114,7
2	3	3	233	339,358	1396,158	32,1	3	17	4	3174	741,216	1388,216	114,6
1	6	2	162	338,606	1395,406	32,0	1	16	3	1163	673,705	1320,705	104,1
2	6	4	264	328,332	1385,132	31,1	1	3	1	131	662,019	1309,019	102,3
1	6	4	164	322,045	1378,845	30,5	1	3	7	137	657,853	1304,853	101,7
4	4	2	442	304,593	1361,393	28,8	1	7	6	176	634,339	1281,339	98,0
4	6	2	462	301,950	1358,750	28,6	3	6	5	365	628,510	1275,510	97,1
4	6	4	464	291,922	1348,722	27,6	2	17	1	2171	623,480	1270,480	96,4
3	6	1	361	287,343	1344,143	27,2	3	16	1	3161	607,082	1254,082	93,8
4	4	4	444	275,737	1332,537	26,1	1	16	8	1168	591,325	1238,325	91,4
1	4	3	143	264,883	1321,683	25,1	2	4	7	247	590,299	1237,299	91,2
4	3	1	431	264,431	1321,231	25,0	1	9	2	192	588,708	1235,708	91,0
1	4	4	144	257,548	1314,348	24,4	1	14	5	1145	587,815	1234,815	90,9
2	6	3	263	245,994	1302,794	23,3	2	14	6	2146	571,652	1218,652	88,4
2	6	1	261	242,935	1299,735	23,0	2	3	1	231	565,386	1212,386	87,4
1	6	1	161	236,431	1293,231	22,4	1	11	3	1113	558,399	1205,399	86,3
2	4	2	242	224,793	1281,593	21,3	3	23	6	3236	549,794	1196,794	85,0
4	6	3	463	219,754	1276,554	20,8	3	16	4	3164	545,219	1192,219	84,3
2	3	4	234	195,088	1251,888	18,5	2	5	6	256	539,931	1186,931	83,5
Média original				1056,800						647,000			
Ganho médio							31,4			108,6			

Fonte: elaborado pelo autor.

Considerando agora progênies de meio-irmãos, para o mesmo caráter, os 30 indivíduos melhores ranqueados foram gerados por 13 diferentes progênies, destacando-se a IC 07-16, com cerca de 23% desses indivíduos superiores. Os ganhos caso a seleção fosse praticada individualmente (indivíduo 386), poderiam atingir 174,9%, isto é, mais de duas vezes e meia dos ganhos preditos com progênies de irmãos completos.

No entanto, analisando a média original geral, as progênies de irmãos completos apresentaram valores 37% superiores comparadas com as progênies de meio-irmãos. Com isso, verifica-se que os cruzamentos controlados entre genótipos reconhecidamente superiores, geram boas recombinações, mesmo que em contrapartida ocorra uma redução na variabilidade genética e nos ganhos de seleção.

Na seleção individual dentro das progênies de irmãos completos para o caráter massa média de castanha (MMC) as 30 plantas identificadas como superiores, pertencem às progênies IC 07-5 e IC 07-6 (Tabela 5). Juntas correspondem por 76% dos melhores indivíduos.

Se a seleção fosse praticada individualmente, o indivíduo 462 poderia proporcionar ganhos genéticos de 24,8% para este caráter.

Tabela 5 – Efeito aditivo (a), valor genético aditivo (u + a) e ganho genético com a seleção em percentual (GS%) preditos para os 30 melhores indivíduos extraídos dos experimentos de progênies de irmãos completos (IC) e de meio-irmãos (MI) de cajueiro-anão para o caráter massa média de castanhas (MMC em gramas). Fortaleza, Ceará, 2018.

PROGÊNIES DE IC							PROGÊNIES DE MI								
Bloco	Prog	Planta	Ind	A	u+a	GS(%)	Bloco	Prog	Planta	Ind	a	u+a	GS(%)		
4	6	2	462	2,108	10,608	24,8	1	8	7	187	6,118	16,148	61,0		
1	6	1	161	1,851	10,351	21,8	2	11	5	2115	5,425	15,455	54,1		
3	6	2	362	1,707	10,207	20,1	1	11	5	1115	4,983	15,013	49,7		
3	5	4	354	1,600	10,100	18,8	3	8	6	386	4,973	15,003	49,6		
2	5	3	253	1,484	9,984	17,5	1	10	3	1103	4,573	14,603	45,6		
2	6	4	264	1,473	9,973	17,3	3	4	1	341	4,515	14,545	45,0		
3	5	2	352	1,427	9,927	16,8	2	11	2	2112	4,501	14,531	44,9		
4	5	1	451	1,413	9,913	16,6	1	11	4	1114	4,225	14,255	42,1		
3	6	4	364	1,261	9,761	14,8	1	11	6	1116	4,061	14,091	40,5		
4	5	2	452	1,248	9,748	14,7	1	3	5	135	4,054	14,084	40,4		
2	4	1	241	1,213	9,713	14,3	2	3	2	232	3,991	14,021	39,8		
2	6	1	261	1,143	9,643	13,4	1	11	1	1111	3,983	14,013	39,7		
1	3	3	133	1,136	9,636	13,4	3	11	8	3118	3,846	13,876	38,3		
1	5	4	154	1,113	9,613	13,1	1	3	3	133	3,784	13,814	37,7		
4	5	3	453	1,107	9,607	13,0	1	12	3	1123	3,782	13,812	37,7		
3	6	3	363	1,104	9,604	13,0	1	12	6	1126	3,667	13,697	36,6		
4	5	4	454	1,033	9,533	12,2	1	12	7	1127	3,525	13,555	35,1		
1	5	1	151	0,989	9,489	11,6	3	3	2	332	3,513	13,543	35,0		
1	6	4	164	0,942	9,442	11,1	3	17	8	3178	3,443	13,473	34,3		
1	5	2	152	0,939	9,439	11,0	2	4	5	245	3,414	13,444	34,0		
4	6	4	464	0,934	9,434	11,0	2	8	2	282	3,358	13,388	33,5		
2	5	2	252	0,889	9,389	10,5	3	11	3	3113	3,343	13,373	33,3		
2	6	3	263	0,862	9,362	10,1	3	3	4	334	3,300	13,330	32,9		
2	5	1	251	0,826	9,326	9,7	2	16	8	2168	3,095	13,125	30,9		
4	3	1	431	0,783	9,283	9,2	2	11	8	2118	3,093	13,123	30,8		
2	3	3	233	0,739	9,239	8,7	2	8	4	284	3,072	13,102	30,6		
1	7	3	173	0,735	9,235	8,6	2	11	3	2113	3,056	13,086	30,5		
1	3	4	134	0,714	9,214	8,4	3	8	3	383	3,006	13,036	30,0		
1	6	3	163	0,670	9,170	7,9	3	5	8	358	2,984	13,014	29,7		
4	7	4	474	0,640	9,140	7,5	2	6	3	263	2,906	12,936	29,0		
Média original					8,5								10,0		

Ganho médio	13,4	38,4
-------------	------	------

Fonte: elaborado pelo autor.

Também para o caráter massa média de castanha (MMC), mas considerando progênies de meio-irmãos, os 30 indivíduos melhores ranqueados pertencem as progênies MI 07-3, MI 07-4, MI 07-5, MI 07-6, MI 07-8, MI 07-10, MI 07-11, MI 07-12, MI 07-16 e MI 07-17. O maior número de indivíduos identificados como superiores pertence à progênie MI 07-11. Os ganhos poderiam atingir até 61,0%, caso a seleção fosse praticada individualmente, escolhendo o indivíduo 187.

Para o caráter porcentagem de castanhas furadas (PCF), as 30 plantas identificadas como superiores na seleção individual dentro das progênies de irmãos completos, fazem parte das progênies IC 07-4 e IC 07-6 (Tabela 6), quase em sua totalidade, somente um indivíduo não pertence a essas duas progênies. Vale destacar os indivíduos da progênie IC 07-6 por estarem ranqueados nas dezesseis primeiras posições. Se a seleção fosse praticada individualmente, ganhos genéticos de até -37,2% poderiam ser obtidos.

Tabela 6 – Efeito aditivo (a), valor genético aditivo (u + a) e ganho genético com a seleção em percentual (GS%) preditos para os 30 melhores indivíduos extraídos dos experimentos de progênies de irmãos completos (IC) e de meio-irmãos (MI) de cajueiro-anão para o caráter percentual de castanhas furadas (PCF em percentual). Fortaleza, Ceará, 2018.

PROGÊNIES DE IC							PROGÊNIES DE MI						
Bloco	Prog	Planta	Ind	a	u+a	GS(%)	Bloco	Prog	Planta	Ind	a	u+a	GS(%)
2	6	4	264	-2,268	3,832	-37,2	1	11	4	1114	-4,125	-0,805	-124,3
4	6	3	463	-2,256	3,844	-37,0	1	5	6	156	-3,114	0,206	-93,8
1	6	3	163	-2,248	3,852	-36,8	1	19	3	1193	-2,805	0,515	-84,5
4	6	2	462	-2,230	3,870	-36,6	1	10	1	1101	-2,716	0,604	-81,8
1	6	1	161	-2,192	3,908	-35,9	1	13	1	1131	-2,650	0,670	-79,8
3	6	3	363	-2,150	3,950	-35,3	1	13	4	1134	-2,650	0,670	-79,8
3	6	4	364	-2,130	3,970	-34,9	1	13	5	1135	-2,570	0,750	-77,4
4	6	4	464	-2,122	3,978	-34,8	1	11	2	1112	-2,545	0,775	-76,7
2	6	1	261	-2,072	4,028	-34,0	2	11	5	2115	-2,458	0,862	-74,1
3	6	2	362	-2,068	4,032	-33,9	1	13	3	1133	-2,450	0,870	-73,8
1	6	4	164	-2,054	4,046	-33,7	1	11	6	1116	-2,404	0,916	-72,4
2	6	3	263	-1,981	4,119	-32,5	1	11	3	1113	-2,404	0,916	-72,4
2	6	2	262	-1,877	4,223	-30,8	3	13	8	3138	-2,354	0,966	-70,9
1	6	2	162	-1,819	4,281	-29,8	2	11	6	2116	-2,343	0,977	-70,6
4	6	1	461	-1,783	4,317	-29,2	1	11	1	1111	-2,339	0,981	-70,4
3	6	1	361	-1,681	4,419	-27,6	1	11	7	1117	-2,331	0,989	-70,2

4	4	3	443	-1,150	4,950	-18,9	1	19	6	1196	-2,321	0,999	-69,9
2	4	2	242	-1,131	4,969	-18,5	3	11	2	3112	-2,312	1,008	-69,6
2	4	1	241	-1,092	5,008	-17,9	3	11	5	3115	-2,312	1,008	-69,6
1	4	2	142	-1,054	5,046	-17,3	3	11	8	3118	-2,302	1,018	-69,3
4	4	2	442	-1,020	5,080	-16,7	2	13	3	2133	-2,283	1,037	-68,8
1	4	1	141	-0,994	5,106	-16,3	2	13	5	2135	-2,283	1,037	-68,8
1	4	4	144	-0,994	5,106	-16,3	1	21	1	1211	-2,245	1,076	-67,6
3	4	3	343	-0,962	5,138	-15,8	2	13	4	2134	-2,236	1,084	-67,4
3	4	4	344	-0,912	5,188	-14,9	2	13	8	2138	-2,233	1,088	-67,2
1	4	3	143	-0,890	5,210	-14,6	2	13	7	2137	-2,223	1,097	-67,0
4	4	1	441	-0,880	5,220	-14,4	2	11	7	2117	-2,218	1,102	-66,8
3	4	2	342	-0,671	5,429	-11,0	1	5	1	151	-2,213	1,107	-66,7
1	1	3	113	-0,624	5,476	-10,2	3	13	4	3134	-2,213	1,107	-66,7
3	4	1	341	-0,619	5,481	-10,1	3	13	7	3137	-2,212	1,108	-66,6
Média original			6,1				3,3						
Ganho médio			-25,1				-74,2						

Fonte: elaborado pelo autor.

Para o mesmo caráter, mas considerando progênies de meio-irmãos, os 30 indivíduos melhores ranqueados pertencem às progênies MI 07-5, MI 07-10, MI 07-11, MI 07-13, MI 07-19 e MI 07-21. As progênies MI 07-11 e MI 07-13 apresentaram o maior número de indivíduos identificados como superiores, cada uma representada por 12 indivíduos. Os ganhos, caso a seleção fosse praticada individualmente (indivíduo 1114), poderiam atingir até -124,3%, ou seja, mais que o triplo predito para os ganhos com as progênies de irmãos completos.

Embora seja possível clonar os indivíduos que se mostram geneticamente superiores em cajueiro, é comum praticar a seleção de alguns outros que se destacam, principalmente quando os experimentos são conduzidos em poucas localidades. Em razão disto, foram identificados os 30 melhores indivíduos que apresentaram valores genéticos aditivos superiores para cada caráter e em cada população, PMI ou PIC, o que correspondeu a uma intensidade de seleção de 5,4% e 26,8%, respectivamente.

Ao considerar os ganhos médios para cada caráter, constatou-se que aqueles preditos para progênies de meio-irmãos foram superiores aos preditos para progênies de irmãos completos para todos os caracteres em pelo menos duas vezes e meia. Talvez se deva à maior geração de variabilidade genética com os cruzamentos aleatórios na obtenção de progênies de meio-irmãos. Por outro lado, a geração dessa variabilidade nas progênies de irmãos completos deve ter sido comprometida pelo fato da maioria das combinações ter um mesmo clone (CCP

76) como genitor, justificado pela alta aceitação deste clone nos principais estados produtores de caju ao longo de mais de 30 anos de cultivo.

O interesse destes testes de progênies é identificar indivíduos com elevado potencial genético e agrônômico, para que possam ser clonados e usados nos experimentos de competição de clones (testes regionais de clones). Para isso, é necessária uma intensidade de seleção ainda mais forte, pois geralmente são comparados o desempenho agrônômico de 10 a 15 clones. Dessa forma, se os ganhos fossem simulados com um número menor de indivíduos, levaria a uma diferença ainda maior em prol das progênies de meio-irmãos. Em espécies perenes, por geralmente apresentarem ciclos longos, a utilização de elevada intensidade de seleção é uma necessidade, na busca por progressos genéticos mais rápidos (RESENDE; BARBOSA, 2005).

### **Conclusão**

A seleção praticada em progênies de meios irmãos em cajueiro-anão proporciona maiores ganhos genéticos que a seleção em progênies de irmãos completos.

## REFERÊNCIAS

- BISON, O. *et al.* Comparison between open progenies and hybrids performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, [s.l.], v.55, p.192-196, 2006.
- CAVALCANTI, J. J. V; BARROS, L. M. de. **Avanços, desafios e novas estratégias do melhoramento genético do Cajueiro no Brasil**. In: VIDAL, F.C. das; BERTINI, C. H. C. M. de; ARAGÃO, F. A. S.; CAVALCANTI, J. J. V. I simpósio Nordeste de Genética e Melhoramento de Plantas: O melhoramento Genético no Contexto Atual. Fortaleza 2009. p. 83-101.
- FRITSCHÉ-NETO, R. *et al.* Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, p. 794-802, 2012.
- OLIVEIRA, V.H.; COSTA, V.S.O. **Manual de produção integrada de caju**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2005. 355 p.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Floresta, 2005. 975p.
- RESENDE, M.D.V. **O software Selegen Reml/Blup**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2006. 299p. (Embrapa Gado de Corte. Documentos).

## 5 CONCLUSÕES GERAIS

As predições dos valores genéticos revelaram que a seleção realizada entre e dentro de progênies de meios-irmãos e irmãos completos de cajueiro consiste numa excelente estratégia para a identificação de indivíduos geneticamente superiores;

As progênies de meios irmãos IM 07-16, IM 07-3 e IM 07-8 e as progênies de irmãos completos IC 07-4 e IC 07-6 são superiores levando-se em conta os caracteres estudados simultaneamente.

Os indivíduos 386, 222, 183, 1164 e 3144, selecionados dentro de progênies de meios irmãos e os indivíduos 343, 342, 461, 344 e 262, selecionados dentro de progênies de irmãos completos, mostraram ter potencial genético e devem ser usados na fase seguinte do programa de melhoramento, a competição regional de clones.

A seleção praticada em progênies de meios irmãos em cajueiro-anão proporciona maiores ganhos genéticos que a seleção em progênies de irmãos completos para caracteres de importância da cultura.

## REFERÊNCIAS

- BARROS, L. M. *et al.* Seleção de clones de cajueiro-anão para o plantio comercial no Estado do Ceará. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v.35, n.11, p.2197- 2204. 2000.
- BARROS, L. M. **Caju. Produção: aspectos técnicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 148 p.
- BISON, O. *et al.* Comparison between open progenies and hybrids performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, [s.l.], v.55, p.192-196, 2006.
- BORGES, V. *et al.* Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, [s.l.], v. 27, p. 478-490, 2009
- CARDOSO, J.E. *et al.* Ocorrência endofítica de *Lasiodiplodia theobromae* em tecidos de cajueiro e sua transmissão por propágulos. **Summa Phytopathologica**, [s.l.], v.35, n.4, p.262-266, 2009
- CAVALCANTI, J.J.V. *et al.* Análise dialélica para avaliação de híbridos interpopulacionais de cajueiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1567-1575, 2000.
- CAVALCANTI, J. J. V. *et al.* Genetic control of quantitative traits and hybrid breeding strategies for cashew improvement. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 7, n. 2, p. 186 195. 2007.
- CAVALCANTI, J. J. V; BARROS, L. M. de. **Avanços, desafios e novas estratégias do melhoramento genético do Cajueiro no Brasil**. In: VIDAL, F.C. das; BERTINI, C. H. C. M. de; ARAGÃO, F. A. S.; CAVALCANTI, J. J. V. I simpósio Nordeste de Genética e Melhoramento de Plantas: O melhoramento Genético no Contexto Atual. Fortaleza 2009. p. 83-101.
- CAVALCANTI, J.J.V.; RESENDE, M.D.V. Seleção precoce intensiva: uma nova estratégia para o programa de melhoramento genético do cajueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.32, n.4, p.1279-1284, 2010.
- COSTA, R.B. *et al.* Variabilidade e ganhos genéticos com diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 58, n. 1, p. 69-74, jan./mar. 2015.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução: Silva, M.A, Silva, J.C. Viçosa, MG: Impr. Univ., 279p., 1987.
- FAOSTAT. **Food and Agriculture Organization of The United National**. Disponível em: <http://http/faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. Acesso em: 12 maio 2018.

FRITSCHÉ-NETO, R. *et al.* Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, p. 794-802, 2012.

FUNCEME. Fundação cearense de meteorologia e recursos hídricos. Disponível em: <http://www.funceme.br/index.php/areas/23-monitoramento/meteorológico/406-chuvas-diárias>. Acesso em: 19 abr. 2018.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola (LSPA)**, v. 30, n. 1, p. 1–81, 2017.

MAIA, M.C.C. *et al.* Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiania, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar. 2009.

MARTINS, I. S. *et al.* Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *eucalyptus grandis*. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, jan./mar. 2005.

MELO, D. S. *et al.* **Hibridação Artificial em Cajueiro**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2013 (Comunicado técnico, 210).

MOREIRA, R. C. *et al.* **Resistência de Clones de Cajueiro-Comum à Resinose**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2012. 18 p. (Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 58).

OLIVEIRA, V.H.; COSTA, V.S.O. **Manual de produção integrada de caju**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2005. 355 p.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.

PEREIRA, T.B. *et al.* Seleção de progênies F4 de cafeeiros obtidas de cultivares do grupo Icatu. **Coffee Science**, Lavras, v. 8, n. 3, p. 337-346, jul./set. 2013a.

PEREIRA, T.B. *et al.* Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p.230-236, 2013b

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica. Brasília. 975p. 2002.

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Floresta, 2005. 975p.

RESENDE, M.D.V. **O software Selegen Reml/Blup**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2006. 299p. (Embrapa Gado de Corte. Documentos).

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, [s.l.], v.37, p.182-194, 2007.

SILVA, J.M. *et al.* Variação Genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n. 90, p. 241-252, jun. 2011

SILVA, T.P.; VIDAL NETO, F. C.; DO VALE, J.C. Prediction of genetic gains with selection between and within S2 progenies of papaya using the REML/Blup analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], Vol. 52, n. 12, 1167–1177, 2017.

STURION J.A.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, [s.l.], 30:157-160, mai.-jul., 2010.

VALE, E.H. *et al.* Desempenho de híbridos de cajueiro-anão-precoce no litoral do estado do ceará. **Revista Brasileira de Fruticultura**, [s.l.], v. 36, n. 4, p. 940–949, 2014.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.