

# MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL

## ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES RELACIONADOS AO VIGOR DE ESTACAS EM *LIPPIA ALBA* (1)

ELCIO RODRIGO RUFINO (2); WALTER JOSÉ SIQUEIRA (2\*); MÁRCIA ORTIZ MAYO MARQUES (2); CARLOS AUGUSTO COLOMBO (2); ALISSON FERNANDO CHIORATO (3); JOAQUIM ADELINO AZEVEDO FILHO (4); ANDRÉ LUIZ LOURENÇÃO (5); PAULA YURI YAMAMOTO (2); ANTÔNIO LÚCIO MELLO MARTINS (6)

### RESUMO

A espécie *Lippia alba* da família Verbenaceae, aromática e medicinal, é um arbusto nativo com muito vigor e variabilidade genética. O principal interesse dos estudos com esta espécie são os óleos essenciais, cujas funções têm sido comprovadas cientificamente para aplicações nas indústrias de fármacos, cosmética, perfumaria e alimentícia. Apesar desta importância potencial, inexistem pesquisas sobre estimativas de parâmetros genéticos nesta espécie como forma de subsidiar o melhoramento que até o presente momento é incipiente. Este trabalho teve como objetivo, avaliar o potencial genético de *Lippia alba*, estimando parâmetros genéticos inicialmente em caracteres obtidos em nível de estacas, uma vez que é a forma tradicional de multiplicação da espécie. Os caracteres avaliados foram: sobrevivência (S%), comprimento de brotos (Cb) e massa de brotos (Mb). Nesses estudos iniciais de parâmetros genéticos, envolvendo vigor de estacas, formaram-se três grupos de progênies com tamanhos efetivos de 30, 23 e 7. Excetuando-se S%, obtiveram-se altas herdabilidades, no sentido restrito, para os três tamanhos efetivos, variando de 90,2% a 94,5% para Mb e 95,2% a 97,1% para Cb. Para S%, os valores de herdabilidade foram moderados, entre 50,0% e 56,0%. Os ganhos genéticos foram semelhantes também nos três grupos de progênies formados, refletindo ampla variabilidade genética mesmo para o grupo de reduzido tamanho efetivo de progênies. As correlações genéticas aditivas foram elevadas (87,9% a 99,9%), com predomínio nas correlações fenotípicas (G% entre 94,1% a 98,8%). Apesar das correlações elevadas de ambiente a proporção destes efeitos ambientais na correlação fenotípica foi baixa (E% entre 1,2% a 5,9%).

**Palavras-chave:** melhoramento, ganho genético, correlações.

### ABSTRACT

#### GENETIC PARAMETER ESTIMATES OF TRAITS RELATED TO VIGOR OF *LIPPIA ALBA* CUTTINGS

The species *Lippia alba*, belonging to the Verbenaceae family, is a vigorous wild bush with aromatic and medicinal properties. Due to the presence of several essential oils, it is used among others, mostly in drugs and cosmetics, perfumes. The species is poorly studied and no genetic parameter is known to help breeding programs. The main purpose of this research was to evaluate survival (S%), branches length (BL) and fresh weight (FW), in three progenies. High heritabilities, (FM 90.2% - 94.5%; BL 95.2% - 97.1%), in the narrow sense, were observed in all progeny groups, except for S% (50.0% - 56.0%). Genetic gains were similar for all three traits, strongly suggesting the presence of large genetic variability. Additive genetic correlations were high (87.9% - 98.8%) and predominate in the phenotypic correlations (G% - 94.1% - 98.8%). Despite the high environmental correlations, their effects on the phenotypic correlations were quite small (E% 1.2% - 5.9%).

**Key words:** plant breeding, genetic gain, correlations.

(1) Recebido para publicação em 04 de abril de 2008 e aceito em 9 de março de 2010.

(2) Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Recursos Genéticos Vegetais, Caixa Postal 28, 13020-902 Campinas (SP).

E-mail: walterjs@iac.sp.gov.br (\*) Autor correspondente; orquidofilo\_ru@yahoo.com.br

(3) Centro de Análise e Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Grãos e Fibras, Campinas (SP). E-mail: afchiorato@iac.sp.gov.br.

(4) APTA - Pólo Regional de Desenvolvimento Tecnológico dos Agronegócios do Leste Paulista, Caixa Postal 01, 13910-000 Monte Alegre do Sul (SP). E-mail: joaquimadelino@apta.sp.gov.br.

(5) Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Fitossanidade, Campinas (SP). E-mail: andre@iac.sp.gov.br.

(6) APTA - Pólo Regional de Desenvolvimento Tecnológico dos Agronegócios do Centro-Norte, Caixa Postal 24, 15830-000 Pindorama (SP). E-mail: lmartins@apta.sp.gov.br.

## 1. INTRODUÇÃO

Na década atual, tem sido notada a crescente valorização do consumo de produtos naturais ou orgânicos em todo o mundo. Estimulada por essa mudança de hábito dos consumidores e se apegando fortemente ao marketing positivo que gera na opinião pública, as empresas do setor de fragrâncias, aromas, cosméticos e, principalmente a de fitoterápicos, estão investindo no desenvolvimento de produtos alternativos usando matérias primas naturais.

Diante desta perspectiva de mercado crescente para consumo de produtos de origem vegetal (MARTINS et al., 1995; GRÜNWARD, 1997; CARVALHO et al., 2005), na legislação dos países, incluindo o Brasil, houve alterações, adequando-se a esta nova realidade. O objetivo principal das novas legislações é o de proteger a biodiversidade que existe no planeta (MONTANARI JUNIOR, 2005). No Brasil, um dos exemplos atuais é o caso da exploração extrativista que se configurou com o pau-rosa (*Aniba roseodora*) em extinção na Amazônia, para extração de linalol na casca (floema) das árvores para confecção de perfumes.

A espécie *Lippia alba* é reconhecida nos meios científicos, como produtora de linalol, principalmente nas folhas, podendo ser uma opção para exploração agrícola sustentada, visando atender a demanda por este óleo. O gênero *Lippia* foi primeiramente descrito em 1753 por Linnaeu e hoje reúne 200 espécies e três centros de diversidade, sendo o Brasil o maior deles, com 111 espécies (SALIMENA, 2002). É encontrada em solos arenosos e nas margens dos rios, açudes, lagos e lagoas, em regiões de clima tropical, subtropical e temperado (STEFANINI et al., 2002). Devido à autoincompatibilidade (SCHOCKEN, 2007), sua forma predominante de reprodução é por alogamia. Este trabalho teve como objetivo iniciar estudos básicos de estimativas de parâmetros genéticos com progênies de meios irmãos de quimiótipo linalol obtidas de uma população recombinante inédita de *Lippia alba*, obtida no Instituto Agronômico (IAC), para caracteres relativos ao vigor de estacas.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Uma população-base de *L. alba* com 296 indivíduos foi obtida no Instituto Agronômico, (IAC) em janeiro de 2006, por meio da recombinação em polinização aberta de 20 clones representando cinco quimiótipos (linalol - 8 genótipo; limoneno/carvona - 4 genótipos; citral - 4 genótipos; mirceno/cânfora - 3 genótipos e mirceno - 1 genótipo), estudados por YAMAMOTO et al. (2008). As plantas, oriundas desta população, foram mantidas em substrato constituído de terra argilosa, areia e substrato HT orgânico comercial para hortaliças na proporção de 2:1:1, respectivamente, em vasos de 10 L sob irrigação por

gotejamento. Quando adultas, as plantas pertencentes ao quimiótipo linalol foram identificadas nesta população segregante, de forma olfativa (três avaliadores) por ser um composto aromático de fácil reconhecimento. Nesta população fenotipicamente variável foram coletadas sementes apenas de plantas de quimiótipo linalol, pois este seria usado como modelo neste trabalho. Desta forma, obtiveram-se 23 progênies de meios irmãos que foram mantidas em bandejas de plástico com substrato comercial para hortaliças HT. No mesmo período, também foram obtidas progênies diretamente de sete clones IAC de quimiótipo linalol oriundos de coletas e estudados por YAMAMOTO et al. (2008), totalizando então 30 progênies de meios irmãos (23 da população-base e sete dos clones IAC).

Em razão da baixa taxa de germinação de *L. alba* (SCHOCKEN, 2007), foi possível a obtenção de 8 a 15 plantas meio irmãos em cada progênie identificadas como de quimiótipo linalol. Pelo reduzido número de plantas obtidas por progênie, optou-se pelo plantio das 30 progênies para formar o “matrizeiro clonal” visando à coleta posterior de estacas de meios irmãos para realização dos experimentos. As plantas adultas (cerca de dois meses após o transplante) de cada progênie foram clonadas, retirando-se estacas (11/12/2007), procurando-se uniformiza-las, tanto quanto possível, em tamanho e espessura, mantendo-se uma gema para enraizamento e outra, acima do solo, para brotação. Por este motivo, doravante neste trabalho, as progênies serão referidas como “progênies clonais de meios irmãos”. Foram feitas aproximadamente 20 estacas de cada planta das progênies.

Quando estas estacas completaram 50 dias em bandejas plásticas com substrato orgânico adequado (HT), realizaram-se avaliações de alguns caracteres para estimar parâmetros genéticos na fase de estacas dentro do programa de melhoramento de *L. alba* em andamento no IAC.

Os caracteres avaliados em nível de estacas foram três: a) taxa de sobrevivência (S%), obtida pela razão entre o número de estacas brotadas pelo total de estacas plantadas x 100; b) massa fresca total de brotos em g (Mb), medida em balança semianalítica com precisão de 0,01 mg e c) comprimento médio em cm do maior broto - os dez maiores brotos do total colhido ou destacado das estacas ou clones de cada planta descendente meia irmã foram medidos com régua e feita a média de cada progênie. O delineamento experimental utilizado para o plantio das estacas de progênies de meios irmãos foi o de blocos ao acaso com quatro repetições. Portanto, uma estaca de cada planta segregante da descendência de uma das 30 progênies foi considerada como uma repetição. Os caracteres foram avaliados com base em médias de

progênies de meios irmãos. Foram determinadas as estimativas de parâmetros genéticos baseadas em esperanças matemáticas do quadrado médio - E(QM) das análises de variâncias (ANAVAS) e das esperanças matemáticas do produto médio E(PM) das análises de covariâncias (ANCOVAS) utilizadas para progênies de meios irmãos, em modelo misto com blocos fixos e progênies aleatórias. Todas estas estimativas foram baseadas em VENCOSKY (1978), CRUZ (2005) e FALCONER (1981). Os parâmetros genético-estatísticos estimados e as fórmulas empregadas foram as seguintes:

a) Coeficiente de variação ambiental -  $CV_{E\%} = (\sigma_E / M) \times 100$

sendo:  $\sigma_E$  = desvio-padrão do resíduo experimental e M = média experimental;

b) Coeficiente de variação genético -  $CV_{G\%} = (\sigma_P / M) \times 100$

sendo:  $\sigma_P$  = desvio-padrão genético-aditivo de progênies de meios irmãos ( $1/4\sigma_A^2$ );

c) Valor b =  $CV_{E\%} / CV_{G\%}$

d) Herdabilidade no sentido restrito -  $h_{r\%}^2 = [\sigma_P^2 / (\sigma_P^2 + \sigma_E^2 / r)] \times 100$

sendo:  $\sigma_P^2$  = variância genética aditiva de progênies de meios irmãos e r = número de blocos;

e) Ganho genético absoluto -  $G_s = h_r^2 / 100 \times \sigma_P \times k_{20\%} \times p$

sendo:  $k_{20\%}$  = valor tabelado para seleção de 20% de indivíduos selecionados (Tabela pg 326, CRUZ, 2005); p = 1 para seleção em ambos os sexos.

f) Ganho genético relativo -  $G_{s\%} = (G_s / M) \times 100$

g) Correlação fenotípica -  $r_{F\%} = (COV_{F(x,y)} / \sigma_{F_x} \times \sigma_{F_y}) \times 100$

sendo:  $COV_{F(x,y)}$  = covariância fenotípica entre x e y,  $\sigma_{F_x}$  = desvio-padrão fenotípico de x,  $\sigma_{F_y}$  = desvio-padrão fenotípico de y.

h) Correlação genética aditiva

$r_{P\%} = [COV_{P(x,y)} / (\sigma_{P_x} \times \sigma_{P_y})] \times 100$

sendo:  $COV_{P(x,y)}$  = covariância genética aditiva entre x e y,  $\sigma_{P_x}$  = desvio-padrão genético-aditivo de x e  $\sigma_{P_y}$  = desvio-padrão genético-aditivo de y

i)  $r_{E\%} = [COV_{E(x,y)} / (\sigma_{E_x} \times \sigma_{E_y})] \times 100$

sendo:  $COV_{E(x,y)}$  = covariância ambiental entre x e y,  $\sigma_{E_x}$  = desvio-padrão ambiental ou do erro experimental (resíduo) e  $\sigma_{E_y}$  = desvio-padrão ambiental ou do erro experimental (resíduo) de y;

j) Contribuição de efeitos aditivos na correlação fenotípica entre dois caracteres:

$G_{\%} = (G / r_{F(xy)}) \times 100$

k) Contribuição de efeitos ambientais na correlação fenotípica entre dois caracteres:

$E_{\%} = (E / r_{F(xy)}) \times 100$

Segundo FALCONER (1981):

$$r_{F(xy)} = \underbrace{\sqrt{h_{(x)}^2 \times h_{(y)}^2}}_G \times r_{A(xy)} + \underbrace{\sqrt{(1 - h_{(x)}^2) \times (1 - h_{(y)}^2)}}_E \times r_{E(xy)}$$

sendo:  $r_{F(xy)}$  = correlação fenotípica entre os caracteres x e y

$r_{A(xy)}$  = correlação aditiva entre dois caracteres (x e y)

$r_{E(xy)}$  = correlação ambiental entre dois caracteres (x e y)

$h_{(x)}^2$  e  $h_{(y)}^2$  = respectivas herdabilidades no sentido restrito dos caracteres x e y.

Para avaliar a magnitude das correlações obtidas optou-se pela classificação proposta por SHIMAKURA e RIBEIRO JUNIOR (2006) com as seguintes classes: 0,0 a 0,19 - muito fraca; de 0,20 a 0,39 - fraca; de 0,40 a 0,69 - moderada; de 0,70 a 0,89 - forte e de 0,90 a 1,00 muito forte.

Os dados foram submetidos à análise de variância e de covariância utilizando-se o programa SANEST (MACHADO e ZONTA, 1995) e GENES (CRUZ, 2001). O caráter taxa de sobrevivência foi transformada para  $\arcsen \sqrt{(x/100)}$ .

Para verificar a influência do tamanho efetivo de progênies e seu arranjo sobre as estimativas de parâmetros genéticos, optou-se por trabalhar com três grupos de progênies: com 30 progênies (23 de origem da população base + 7 progênies de clones IAC); com 23 (somente progênies da população) e com apenas 7 (progênies IAC). Todos os parâmetros foram estimados nestes três grupos formados como indicado anteriormente. Esperou-se, assim, quantificar as variâncias e covariâncias em cada tamanho efetivo

para esta espécie com o intuito de verificar a possível ocorrência de redução de variabilidade genética com reflexos nos ganhos genéticos. Ressalte-se que as 23 progênies obtidas na população foram originadas de dois ciclos de recombinação e as progênies dos sete clones IAC de somente um ciclo de recombinação.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variâncias e de covariâncias e as respectivas esperanças matemáticas do quadrado médio E(QM) e produto médio E(PM) para utilização nas estimativas de parâmetros genéticos estão relacionadas nas tabelas 1 e 2.

As estimativas das variâncias genéticas entre médias de progênies clonais de meios irmãos foram superiores às variâncias de ambiente para os três caracteres avaliados. As variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos ( $\sigma_p^2$ ) foram de tal ordem que permitiram estimativas elevadas de herdabilidades no sentido restrito ( $h_r^2 > 90,0\%$ ), para os tamanhos efetivos de progênies testados em caracteres ligados à estacas, exceto S% (Tabela 3).

Da mesma forma, a proporção relativa (%) dos desvios das médias, devido aos efeitos genéticos aditivos ( $CV_{G\%}$ ) foram superiores ou equivalentes quando comparados com os de ambiente ( $CV_{E\%}$ ), para todos os caracteres e grupos de progênies formados. O menor  $CV_{G\%}$  foi observado para Mb no estudo das sete

progênies IAC, obtendo-se o menor valor (17,9%). A relação  $CV_{G\%} / CV_{E\%}$  dada por VENCOSKY (1978) definida como valor b reflete a predominância, (exceto Mb para sete progênies), de efeitos genéticos (no caso aditivos) expressos para os caracteres avaliados. Segundo VENCOSKY (1978), valores de b iguais ou acima da unidade significam populações favoráveis para o melhoramento genético. Assim, o caráter mais favorável à seleção foi Cb, cujos valores de b foram maiores que 2,0 nos três grupos de progênies estudados. Com as estimativas de b e de  $h_r^2$  obtidas neste trabalho, podem-se prever ganhos genéticos significativos, aplicando-se seleção truncada entre as melhores progênies (VENCOSKY, 1978, CRUZ, 2005). Com intensidade de seleção de 20%, observou-se pela tabela 3, estimativas de ganhos genéticos absolutos (Gs) praticamente semelhantes entre os três tamanhos efetivos de progênies. Em termos de ganhos relativos ( $Gs_{\%}$ ), os valores diferiram mais devido às diferenças entre as médias dos três grupos de progênies formados. Os maiores  $Gs_{\%}$  foram estimados para as progênies de sete clones IAC (28,32% - Mb e 29,05% - Cb). Curiosamente, esse fato ocorreu para tamanho efetivo menor (sete progênies IAC com um ciclo de recombinação) quando poderia ser esperada menor variância genética com perdas de alelos (deriva genética) por questões de amostragem. Ressalte-se, entretanto que, conforme comentários anteriores, os ganhos absolutos assumem valores muito próximos entre si para todos os tamanhos de população de progênies, porém nas médias houve maiores diferenças. As médias para as sete progênies

**Tabela 1.** Quadrados médios das ANAVAS para obtenção de parâmetros genéticos em três tamanhos efetivos de progênies clonais de meios irmãos

Quadrados médios	Massa de brotos (g pl <sup>-1</sup> )			Comprimento de brotos (cm)			E(QM)
	Número de progênies						
	30	23	7	30	23	7	
QM <sub>p</sub> (**)	1,1469	0,1355	26,0300	0,0112	0,0074	1,2476	$\sigma_E^2 + b\sigma_p^2$
QM <sub>E</sub>	0,1333	26,7664	22,9996	0,0131	1,1319	0,6668	$\sigma_E^2$
CV <sub>E%</sub>	20	19,6	20,1	15,3	15,2	14,6	

(\*\*): altamente significativo pelo teste F ( $p < 0,01$ ); b = número de blocos; QM<sub>p</sub> = quadrado médio de progênies; QM<sub>E</sub> = quadrado médio do erro; CV<sub>E%</sub> = coeficiente de variação experimental; E(QM) = esperança matemática do quadrado médio;  $\sigma_E^2$  = variância do erro experimental;  $\sigma_p^2$  = variância genética de progênies.

**Tabela 2.** Quadrados médios das ANAVAS (X+Y), produtos médios das ANCOVAS e esperanças matemáticas para estimativas de correlações em três tamanhos efetivos de progênies clonais de meios irmãos

Quadrados médios	X = Massa (g pl <sup>-1</sup> ) + Y = Comprimento de brotos (cm)								
	Número de progênies				Produtos médios	Número de progênies			E(PM)
	30	23	7	E(QM)		30	23	7	
QM <sub>p</sub> (**)	30,4777	29,3804	26,6457	$\sigma_E^2 + b\sigma_p^2$	PM <sub>p</sub>	1,2822	1,6086	1,7553	$cov_E + bcov_p$
QM <sub>E</sub>	1,3182	1,4509	1,3182	$\sigma_E^2$	PM <sub>E</sub>	0,0876	0,0951	0,322	$cov_E$
C.V. <sub>(E%)</sub>	15,3	15,2	14,6						

(\*\*): altamente significativo pelo teste F ( $p < 0,01$ ); b: número de blocos; QM<sub>p</sub>: quadrado médio de progênies; QM<sub>E</sub>: quadrado médio do erro; CV<sub>E%</sub>: Coeficiente de variação experimental; E(QM): esperança matemática do quadrado médio; E(PM): esperança matemática do produto médio;  $\sigma_E^2$ : variância do erro experimental;  $\sigma_p^2$ : variância genética aditiva de progênies;  $cov_E$ : covariância do erro experimental;  $cov_p$  = covariância genética aditiva de progênies.

**Tabela 3.** Estimativas de parâmetros genéticos em caracteres de estacas para três diferentes tamanhos efetivos de progênies clonais de meios irmãos. Dados obtidos com médias de parcelas

Caráter	Progênies	M	$\sigma_p^2$	$h_r^2$	CV <sub>G</sub>	CV <sub>E</sub>	b	G <sub>S</sub>	G <sub>S%</sub>
Massa fresca de brotos (Mb)	30 (População + IAC's)	0,55g	0,034	91,8	33,5	20,0	1,7	0,123	22,4
	23 (População)	0,59g	0,030	90,2	29,6	19,5	1,5	0,115	19,7
	7 (IAC's)	0,43g	0,032	94,5	17,9	20,1	0,9	0,122	28,3
Comprimento de brotos (Cb)	30 (População + IAC's)	6,95cm	6,410	95,8	36,4	15,3	2,4	1,734	25,0
	23 (População)	7,36cm	6,196	95,2	33,8	15,2	2,2	1,700	23,1
	7 (IAC's)	6,61cm	5,580	97,1	42,1	14,6	2,9	1,629	29,0
Taxa de sobrevivência (S <sub>%</sub> )	30 (População + IAC's)	96,81%	180,86	51,4	17,8	17,3	1,0	17,33	17,9
	23 (População)	96,95%	204,19	55,9	18,8	16,8	1,1	19,09	19,7
	7 (IAC's)	96,73%	162,11	54,6	16,9	15,4	1,1	16,92	17,5

M: média;  $\sigma_p^2$ : variância genética aditiva entre progênies;  $h_r^2$ : herdabilidade no sentido restrito; CV<sub>G%</sub>: Coeficiente de variação genética; CV<sub>E%</sub>: Coeficiente de variação ambiental; b: Relação CV<sub>G%</sub> / CV<sub>E%</sub>; G<sub>S</sub>: Ganho de seleção absoluto; G<sub>S%</sub>: Ganho de seleção relativo.

IAC foram menores comparativamente às demais de maior tamanho efetivo, contribuindo para o incremento de G<sub>S%</sub>. Resultados opostos foram avaliados por MONTANARI JUNIOR, (2005), que obteve baixas estimativas de herdabilidade, inclusive com valores negativos, evidenciando problemas de tamanho de amostra, com redução da variabilidade genética em sete progênies de meios irmãos de *Pfaffia glomerata*. Como causas possíveis, também foram apontados o menor controle ambiental e a colheita precoce das plantas, quando não havia ainda a completa expressão fenotípica para biomassa.

As estimativas de parâmetros genéticos em *Lippia alba* são inéditas e foram baseadas somente em progênies clonais de plantas de quimiótipo linalol, identificadas *a priori*. É importante mencionar que mesmo dentro de um único quimiótipo majoritário (linalol), houve plena recombinação gênica entre os indivíduos de outros quimiótipos da população-base propiciando considerável variabilidade genética entre as progênies de meios irmãos nos caracteres avaliados em estacas. Mesmo no caso de progênies derivadas de somente sete clones IAC de quimiótipos linalol, dos quais se esperaria uma recombinação mais restrita comparativamente àquela ocorrida entre as plantas da população-base (296 plantas), resultando nas 23 progênies também linalol aqui estudadas, todos os parâmetros genéticos obtidos foram praticamente equivalentes. Este fato demonstra que não houve perdas da variabilidade genética provocada por deriva genética ou por restrição de recombinação, provavelmente pela espécie

*Lippia alba* ser autoincompatível e, portanto, alógama (SCHOCKEN, 2007), resultando em heterozigiosidade nos loci. Trata-se, portanto, de uma espécie muito favorável para o melhoramento genético, pois mantém elevada variabilidade genética mesmo em populações pequenas. A seleção de indivíduos superiores pode ser feita por meio de seleção massal diretamente em população segregante ou em progênies, fixando-se o genótipo superior a cada ciclo de recombinação e seleção (YAMAMOTO et al., 2008; SCHOCKEN, 2007). Mesmo com todas as facilidades que esta espécie oferece, o melhoramento no Brasil ainda é incipiente (SILVA JÚNIOR, 1998; SALIMENA, 2002; BIASI e COSTA, 2003; EHLERT et al., 2003). Outros caracteres importantes do ponto de vista agrônomo e fitoquímico como, produção de massa fresca e seca de folhas, resistência a doenças e pragas, área foliar, porte de planta, rendimento de óleo total e perfil cromatográfico deverão ser avaliadas, posteriormente, em vários locais em continuidade ao estudo iniciado no presente trabalho.

São apresentados na tabela 4 os resultados das estimativas dos coeficientes de correlações fenotípica ( $r_{F\%}$ ), genética aditiva ( $r_{A\%}$ ) e de ambiente ( $r_{E\%}$ ), bem como a contribuição destas duas últimas na correlação fenotípica, aplicando-se a fórmula proposta por SIQUEIRA et al. (1993). Foram determinadas  $r_{A\%}$  e  $r_{E\%}$  somente para os casos onde houve presença de correlação fenotípica de elevada magnitude. No caráter S<sub>%</sub> não houve correlação fenotípica com Mb (- 3,98%) e nem com Cb (- 1,17%), revelando estar sob controle genético independente.

A determinação de correlações entre caracteres é importante do ponto de vista do melhoramento, pois se pode praticar seleção indireta, utilizando-se caracteres de maior herdabilidade (menos influenciada pelo ambiente) de mais fácil avaliação para obter ganhos genéticos em outros caracteres de baixa herdabilidade (VENCOSKY, 1978 e CRUZ, 2005).

Pelos resultados da tabela 4, constata-se que todas as estimativas de correlações se classificaram entre moderada, forte e muito forte, indicando relação linear entre os caracteres estudados (CRUZ, 2005), com valores positivos e acima de 69,0%. Valores entre fortes e muito fortes foram observados para as correlações genéticas aditivas (87,68% a 99,9%), dentre os três grupos de progênies avaliadas, indicando que os alelos aditivos exercem efeitos simultâneos e no mesmo sentido para ambos os caracteres Mb e Cb. Segundo FALCONER (1981), a presença de correlações genéticas reflete o mecanismo de ação pleiotrópica dos genes, ou seja, a magnitude da correlação expressa a quantidade pelas quais dois caracteres são influenciados pelos mesmos genes. O ambiente também pode atuar causando correlação tanto positiva quanto negativa, dependendo dos caracteres (FALCONER, 1981; RAMALHO et al., 2000). Por outro lado, CRUZ (2005) também considera como causas de correlação entre caracteres, além do pleiotropismo, as ligações gênicas em situações de desequilíbrios. Se não houver forte ligação entre os genes, a correlação pode ser alterada em gerações avançadas por quebra nos conjuntos gênicos pelas permutas (CRUZ, 2005). Novamente, as correlações considerando-se somente sete progênies IAC, foram maiores para  $r_{F\%}$  e  $r_{A\%}$  em comparação com as 23 e 30 progênies, estas duas praticamente semelhantes entre si. Para o caso de estimativas de correlações, em que são utilizados produtos médios e covariâncias

**Tabela 4.** Estimativas de correlações fenotípica ( $r_{F\%}$ ), genética aditiva ( $r_{A\%}$ ) e de ambiente ( $r_{E\%}$ ), e de contribuições dos efeitos genéticos aditivos ( $G_{\%}$ ) e de ambiente ( $E_{\%}$ ) na correlação fenotípica, baseadas em progênies clonais de meios irmãos. Dados obtidos com médias de parcelas para dois caracteres avaliados em estacas

Caráter	Número de progênies		
	30	27	7
Mb x Cb	$r_{F\%} = 89,8$	$r_{F\%} = 86,3$	$r_{F\%} = 96,0$
	$r_{A\%} = 91,1$	$r_{A\%} = 87,7$	$r_{A\%} = 99,9$
	$r_{E\%} = 74,8$	$r_{E\%} = 74,4$	$r_{E\%} = 69,5$
	$G_{\%} = 95,0$	$G_{\%} = 94,1$	$G_{\%} = 98,8$
	$E_{\%} = 5,0$	$E_{\%} = 5,9$	$E_{\%} = 1,2$

$r_{F\%}$ : correlação fenotípica;  $r_{A\%}$ : correlação aditiva;  $r_{E\%}$ : correlação de ambiente;  $G_{\%}$ : proporção dos efeitos genéticos na correlação ambiental;  $E_{\%}$ : proporção dos efeitos ambientais na correlação de ambiente; Mb: massa de brotos (g); Cb: comprimento de brotos (cm).

(ANCOVA) os valores podem ser superestimados em populações pequenas, como no caso das sete progênies IAC. MONTANARI JUNIOR, (2005) observou correlações genéticas acima de 100,0% em função, provavelmente do reduzido número de progênies avaliadas para *P. glomerata*. Nestes casos, quando houve inconsistência nos resultados, o autor aplicou a correlação linear de Pearson por meio das médias fenotípicas obtidas, desprezando-se os resultados de  $r_{A\%}$ .

Foram obtidas correlações positivas de moderada (69,5%) a forte (74,5%) para correlações de ambiente,  $r_{E\%}$ . Da mesma forma que foi comentado anteriormente, sobre o resíduo de ANOVA de progênies de meios irmãos conter tanto efeitos médios de causas não genéticas quanto genéticas (variâncias dentro de progênies) (SIQUEIRA et al., 1993, 1994), estas últimas contribuíram para a elevação dos valores estimados de  $r_{E\%}$ . FALCONER (1981) apresenta estimativas de correlações genuinamente ambientais, estimadas diretamente pelas correlações fenotípicas em linhas endogâmicas e cruzamentos e aquelas com efeitos de causas genéticas não aditivas em  $r_{E\%}$ .

Nos resultados de  $r_{E\%}$  da tabela 4, para os três tipos de progênies avaliadas os valores foram muito próximos. De qualquer forma, os caracteres avaliados em nível de estacas possuem predomínio de efeitos genéticos ao invés do ambiente em todos os tipos de progênies testados. Esta afirmação pode parecer incorreta ao observarmos que as magnitudes das correlações de ambiente foram, de certa forma, elevada (69,0% a 75,0%). Entretanto, segundo SIQUEIRA et al. (1993), usando-se a fórmula geral de  $r_{F\%}$  apresentada por FALCONER (1981), pode-se fazer a partição nos efeitos de "ambiente" ( $E_{\%}$ ) e genético ( $G_{\%}$ ), e verificar quanto representa proporcionalmente cada um deles para  $r_{F\%}$ . Pela tabela 4, observaram-se valores muito baixos de  $E_{\%}$  1,0% e 6,0% nos três grupos de progênies, enquanto para  $G_{\%}$  foram maiores que 94,0% na contribuição para  $r_{F\%}$ . Significa que a correlação fenotípica estimada para as os caracteres avaliados em estacas de progênies é explicada principalmente pelos efeitos genéticos.

#### 4. CONCLUSÕES

1. A população de *L. alba*, quimiótipo linalol, obtida no IAC possui variabilidade para fins de melhoramento genético, quanto a caracteres inerentes às estacas.

2. As estimativas de parâmetros genéticos são semelhantes, independentemente do tamanho efetivo e dos tipos de agrupamentos formados pelas progênies.

3. Houve predomínio de efeitos genéticos aditivos do que os de ambiente nas correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados.

## AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, Edital Universal, pelo aporte de recursos destinados à execução desta pesquisa.

## REFERÊNCIAS

- BIASI, L.A.; COSTA, G. Vegetative propagation of *Lippia alba*. *Ciência Rural*, v.33, p.455-459, 2003.
- CARVALHO, C.M.; COSTA, C.P.M.; SOUSA, J.S.; SILVA, R.H.D.; OLIVEIRA, C.L.; PAIXÃO, F.J.R. Rendimento da produção de óleo essencial de capim-santo submetido a diferentes tipos de adubação. *Revista de Biologia e Ciências da Terra*, v.5, 2005. n.p.
- CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**, 22.Ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, UFV, 2005. 394p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES**: Estatística experimental e matrizes. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 285p.
- EHLERT, P.A.D.; MING, L.C.; MARQUES, M.O.M.; FERNANDES, D.M.; FERRI, A.F.; ROCHA, W.A.T.; MEIRELES, M.Â.A. Efeito do horário de colheita sobre a carvona e o limoneno do óleo essencial de erva-cidreira brasileira. *Horticultura Brasileira*, v.21, 2003. (Suplemento. CD-ROM)
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1981. 279p.
- GRÜNWARD, J. The market situation and marketing of herbal medicinal products (HMP) in Europe. In: WORLD CONGRESS ON MEDICINAL AND AROMATICS PLANTS FOR HUMAN WELFARE, 2., 1997. Mendoza, Argentina. **Abstract...** Buenos Aires: ICMAP/ISHS/SAIPA, 1997. p.33
- MACHADO, A.A.; ZONTA, E.P. **Manual do SANEST**: Sistema para análise estatística para microcomputadores. Pelotas: UFPel, 1995. 102p.
- MARTINS, E.R.; CASTRO, D.M.; CASTELLANI, D.C.; DIAS, J.E. **Plantas medicinais**. Viçosa, UFV, 1995. 220p.
- MONTANARI Jr., I. **Avaliação de genótipos de *Pfaffia glomerata* (Spreng.) Pedersen, visando seu cultivo comercial**. Campinas, 2005, 65f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Vegetal), Pós Graduação-Instituto Agrônomo de Campinas.
- RAMALHO, A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. Covariância e seu emprego na genética e experimentação agrícola. In: **EXPERIMENTAÇÃO em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: Editora UFLA, 2000. p. 235-259.
- SALIMENA, F.R.G. Novos sinônimos e tipificações em *Lippia* sect. *rhodolipia* (Verbenaceae). *Darwiniana*, v.40, p.121-125, 2002.
- SCHOCKEN, N.R.L. **Obtenção de quimiótipos híbridos de *Lippia alba* (Mill) N.E. Brown**. Campinas, 2007, 82f. Dissertação de mestrado.
- SHIMAKURA, S.E.; RIBEIRO JÚNIOR, P.J. **Estatística Descritiva**: interpretação do coeficiente de correlação. Departamento e Estatística da UFPR. Disponível em: <http://leg.ufpr.br/~ce003/ce003/node8.html>. Acesso em janeiro/2007.
- SILVA JÚNIOR, A.A. **Plantas medicinais**. Itajaí: EPAGRI, 1998. (CD-Rom)
- SIQUEIRA, W.J.; ILLG, R.D.; FORNASIER, J.B.; GRANJA, N.P.; LISBÃO, R.S.; SANTOS, R.R. Genetic Parameter estimates and efficiency of three selection procedures in carrot breeding, variety Campinas. *Revista Brasileira de Genética*, v.17, p. 417-424, 1994.
- SIQUEIRA, W.J.; ILLG, R.D.; FORNASIER, J.B.; GRANJA, N.P.; LISBÃO, R.S.; SANTOS, R.R. Correlações fenotípica, genética aditiva e ambiental em cenoura. *Bragantia*, v.52, p.17-26, 1993.
- STEFANINI, M.B.; RODRIGUES, S.D.; MING, L.C. Ação de fitorreguladores no crescimento da erva-cidreira-brasileira. *Horticultura Brasileira*, v.20, p.18-23, 2002.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., ed. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1978. p.122-201.
- YAMAMOTO, P.Y.; COLOMBO, C.A.; AZEVEDO FILHO, J.A.; LOURENÇÃO, A.L.; MARQUES, M.O.M.; MORAIS, G.D.S.; CHIORATO, A.F.; MARTINS, A.L.M.; SIQUEIRA, W.J. Performance of ginger grass (*Lippia alba*) for traits related to the production of essential oil. *Scientia Agricola*, v.65, p.481-489, 2008.

