

# Efeito de um Retrocruzamento na Média e na Variância de uma População de Soja

Guilherme José Farias<sup>1</sup>; Larissa Pereira de Castro<sup>2</sup>; José Manoel Colombari Filho<sup>3</sup>;  
Isaias Olívio Geraldi<sup>4</sup>

## Resumo

O objetivo desse trabalho foi avaliar a eficiência de um retrocruzamento para o genitor mais produtivo para a obtenção de linhagens superiores para a produção de grãos (PG) em soja, a partir de um cruzamento biparental. Foram avaliadas experimentalmente 100 progênies de cada um dos dois tipos: progênies  $F_{2,4}$  e progênies  $RC_1F_3$ , em diferentes anos e locais, utilizando o delineamento em látice simples duplicado  $10 \times 10$  (quatro repetições) e parcelas lineares de 2 m espaçadas de 0,5 m, contendo 30 plantas após o desbaste. As estimativas das variâncias genéticas foram de  $716,8 \text{ (g.m}^{-2}\text{)}^2$  entre progênies  $F_{2,4}$  e  $1.925,6 \text{ (g.m}^{-2}\text{)}^2$  entre progênies  $RC_1F_3$ . O coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies retrocruzadas também foi estatisticamente superior. Assim, a população retrocruzada exibiu maior variabilidade genética, indicando que uma geração de retrocruzamento, além de aumentar a média de produção, também aumentou significativamente a variância genética, e que, portanto, um retrocruzamento para o genitor superior é uma boa estratégia para melhorar a eficiência da seleção.

## Introdução

O método do retrocruzamento vem sendo utilizado há muito tempo pelos melhoristas de plantas, visando à transferência de caracteres de herança simples (principalmente monogênica) de um genitor qualquer para um genitor adaptado (uma cultivar, por exemplo). Trata-se, portanto, de um método de substituição alélica.

Apesar de seu uso frequente no melhoramento, pouca ênfase tem sido dada ao uso do retrocruzamento para o melhoramento de caracteres quantitativos. Entretanto, quando se cruzam materiais geneticamente divergentes há a liberação de uma grande variabilidade genética, mas frequentemente ocorre uma redução da média. Uma geração de retrocruzamento para o genitor superior antes do início da seleção, além de aumentar a média da população, aumenta a probabilidade de obtenção de linhagens que superem o genitor superior (Dudley, 1982). Fato já bem conhecido, a situação ideal para o melhorista é uma população com média e variância genética altas.

Existem poucas informações na literatura sobre o uso do método do retrocruzamento visando ao melhoramento de caracteres quantitativos e estas não são conclusivas. O objetivo desse trabalho foi avaliar a eficiência de um retrocruzamento no desenvolvimento de linhagens superiores para produtividade de grãos em soja, a partir de um cruzamento biparental.

## Material e métodos

O material utilizado no presente trabalho compreende duas cultivares adaptadas às condições do Estado de São Paulo, escolhidas com base na divergência para vários caracteres: produção de grãos, dias para maturação e altura da planta, isto é, BRS-134 ( $P_1$ ) e EMGOPA-315 ( $P_2$ ), em que a segunda é mais produtiva, mais tardia e com plantas mais altas. De acordo com Bonato et al. (2006), a distância genética entre essas cultivares, baseada em marcadores moleculares AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), é de 0,640, que pode ser considerada alta.

No ano agrícola de 2006/7 os dois genitores foram cruzados em casa de vegetação para a obtenção de sementes  $F_1$ . No ano seguinte, 40 sementes de  $F_1$  e 40 sementes do genitor  $P_2$  foram semeadas em vasos na casa de vegetação. Na época do florescimento foram feitos os cruzamentos [ $P_2 \times F_1$ ], utilizando  $P_2$  como fêmea e  $F_1$  como macho, visando obter as sementes retrocruzadas ( $RC_1F_1$ ). Dessa maneira, foram obtidas nas plantas  $P_2$  as sementes  $RC_1F_1$  e nas plantas  $F_1$  as sementes  $F_2$ , por autofecundação natural. No inverno de 2008, 100 sementes  $F_2$  e 100 sementes  $RC_1F_1$  foram semeadas em vasos na casa de vegetação, com controle de luz e temperatura,

<sup>1</sup> Engenheiro Agrônomo, Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas na ESALQ-USP, CEP 13400-970, Piracicaba-SP, e-mail: gjfarias@usp.br;

<sup>2</sup> Engenheiro Agrônomo, Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas na ESALQ-USP, CEP 13400-970, Piracicaba-SP, e-mail: lpcastro@usp.br;

<sup>3</sup> Engenheiro Agrônomo, Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, CEP 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO, e-mail: colombari@cnpaf.embrapa.br;

<sup>4</sup> Professor Associado, Departamento de Genética da ESALQ-USP, CEP 13400-970, Piracicaba-SP e-mail: iogerald@esalq.usp.br;

para a obtenção de progênies  $F_{2:3}$  e progênies  $RC_1F_2$ , oriundas das autofecundações das plantas  $F_2$  e  $RC_1$ , respectivamente. No ano seguinte, as progênies foram multiplicadas no campo para permitir a realização de experimentos maiores, com mais repetições e locais. Assim, foram obtidas 100 progênies  $F_{2:4}$  e 100 progênies  $RC_1F_3$ .

Os experimentos de avaliação foram realizados no ano agrícola de 2009/10 em dois locais: na área experimental do Departamento de Genética da ESALQ-USP (local 1) e na Estação Experimental Anhembi (local 2), em Piracicaba-SP. No ano seguinte (2010/11), os mesmos experimentos foram repetidos mais uma vez na Estação Anhembi (local 2), totalizando três ambientes. Em todos os casos, foi utilizado o delineamento em látice simples duplicado 10x10 (quatro repetições), com 100 progênies em cada experimento, sendo um deles composto pelas progênies  $F_{2:4}$  e o outro, pelas progênies  $RC_1F_3$ . Os experimentos incluíram, também, linhas dos dois genitores no início, meio e fim de cada repetição. Foram utilizadas parcelas lineares de 2 m, espaçadas de 0,5 m, contendo 30 plantas após o desbaste. No momento do desbaste, também foi feita a contagem do estande inicial de cada parcela. Os tratos culturais foram semelhantes àqueles realizados comercialmente na produção dessa cultura. Após a maturação, foi avaliado o caráter produção de grãos (PG), em  $g.m^{-2}$ .

Os dados experimentais foram submetidos às análises de variância individuais e conjuntas segundo o delineamento em látice, com correções para estande inicial e para umidade de grãos (13%), de acordo com o esquema apresentado por Vencovsky e Barriga (1992), considerando o modelo aleatório. A partir dos quadrados médios da análise de variância conjunta foram estimados os seguintes parâmetros: variância do resíduo entre parcelas, variância genética entre progênies, variância da interação progênies x ambientes, variância fenotípica entre médias de progênies, coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies e os coeficientes de variação experimental (CV%) e genética (CV<sub>g</sub>%), além dos intervalos de confiança das estimativas.

## Resultados e Discussão

Na Tabela 1 estão apresentados os resultados das análises de variância conjuntas dos três ambientes para os dois tipos de progênies, além dos coeficientes de variação, das médias dos genitores, das médias e da amplitude de variação das progênies. Os resultados dessas análises mostram que a fonte de variação referente às progênies e à interação de progênies com ambientes foram altamente significativas pelo teste F ( $P < 0,01$ ), tanto para progênies  $F_{2:4}$  como para progênies  $RC_1F_3$ .

**Tabela 1.** Quadrados médios das análises de variância conjuntas dos três ambientes no delineamento em látice, coeficientes de variação experimental (CV%) e genético (CV<sub>g</sub>%), média das progênies, média dos dois genitores e amplitude de variação das médias para o caráter produção de grãos ( $g.m^{-2}$ ) nas progênies  $F_{2:4}$  e  $RC_1F_3$ .

	$F_{2:4}$	$RC_1F_3$
Progênies	18.398,6 **	33.782,9 **
Progênies x Ambientes	9.797,5 **	10.676,1 **
Erro	6.469,3	6.682,6
CV%	20,6	20,1
CV <sub>g</sub> %	6,9	10,8
Médias das Progênies	390,8	407,1
Média do P <sub>1</sub>	406,6	419,2
Média do P <sub>2</sub>	461,1	461,7
Amplitude de variação	199,9 (290,9 – 490,8)	244,0 (281,3 – 525,3)

\*\* Teste F significativo a 1% de probabilidade

Os coeficientes de variação experimental (CV%) foram de 20,6% para progênies  $F_{2:4}$  e de 20,1% para progênies  $RC_1F_3$ , permitindo concluir que a precisão experimental foi satisfatória e concordante com outros trabalhos recentes que também usaram este tipo de parcela, isto é, parcela linear de 1  $m^2$  (Carvalho et al., 2009).

O genitor 2 (EMGOPA-315) foi 13,4% mais produtivo do que o genitor 1 (BRS-134), nos experimentos com as progênies  $F_{2:4}$ , e 10,1% mais produtivo nos experimentos com as progênies  $RC_1F_3$ . A média das progênies  $F_{2:4}$  foi de 390,8  $g/m^2$ , enquanto a das progênies  $RC_1F_3$  foi de 407,1  $g/m^2$  (4,2% superior). Esse fato já era

esperado, visto que as primeiras contêm apenas 50% de alelos do genitor mais produtivo ( $P_2$ ), enquanto que as outras contêm 75%.

A amplitude de variação das médias das progênies  $F_{2:4}$  foi de 199,9  $g/m^2$ , isto é, de 290,9 a 490,8  $g/m^2$ . Comparando-se com a média do genitor superior ( $\bar{P}_2 = 461,1 g/m^2$ ), apenas seis das 100 progênies tiveram médias superiores (transgressivas). Já entre as progênies  $RC_1F_3$  a variação foi de 281,3 a 525,3  $g/m^2$ , ou seja, uma amplitude de variação de 244,0  $g/m^2$  (22% superior). Devido a isso, 19 progênies foram superiores ao genitor mais produtivo ( $P_2$ ).

Na Tabela 2 estão apresentadas as estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e da interação entre progênies e ambientes, dos coeficientes de herdabilidade e de seus intervalos de confiança, para os dois tipos de progênies, obtidas da análise de variância conjunta dos três ambientes.

**Tabela 2.** Estimativas das variâncias genética entre progênies ( $\sigma_p^2$ ), da interação entre progênies e ambientes ( $\sigma_{pa}^2$ ), do erro experimental entre parcelas ( $\sigma^2$ ), da herdabilidade entre médias de progênies ( $h_g^2$ ), com seus respectivos intervalos de confiança, além da variância fenotípica entre médias de progênies ( $\sigma_F^2$ ) para o caráter produção de grãos ( $g.m^{-2}$ ), obtidas através da análise de variância conjunta dos três ambientes.

	<b>F<sub>2:4</sub></b>	<b>RC<sub>1</sub>F<sub>3</sub></b>
LS	1.650,1	3.080,4
$\sigma_p^2$	<b>716,8</b>	<b>1.925,6</b>
LI	430,8	1.323,0
LS	1.783,4	1.916,6
$\sigma_{pa}^2$	<b>832,1</b>	<b>998,4</b>
LI	500,6	618,6
LS	7.165,5	7.400,8
$\sigma^2$	6.469,3	<b>6.682,6</b>
LI	5.870,2	6.064,5
$\sigma_F^2$	1.533,2	2.815,2
LS	61,8	77,4
$h_g^2$	<b>46,7</b>	<b>68,4</b>
LI	24,2	55,0

A estimativa da variância genética entre progênies  $F_{2:4}$  foi de 716,8 ( $g.m^{-2}$ )<sup>2</sup>, enquanto a de progênies  $RC_1F_3$  foi de 1.925,6, ou seja, 168,6% superior. Pelo intervalo de confiança das duas estimativas, observa-se que o limite superior de  $F_{2:4}$  não inclui o valor da estimativa de  $RC_1F_3$ , assim como o limite inferior desta não inclui a estimativa da outra. Isso indica que a variância das progênies  $RC_1F_3$  é estatisticamente superior à das progênies  $F_{2:4}$ . Por outro lado, as demais estimativas de variâncias ( $\sigma^2$  e  $\sigma_{pa}^2$ ) não diferiram entre os dois tipos de progênies.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre médias de progênies foram de 46,7% para progênies  $F_{2:4}$  e de 68,4% para progênies  $RC_1F_3$ , isto é, nas progênies retrocruzadas a herdabilidade foi estatisticamente superior, de acordo com os intervalos de confiança. Fato similar aconteceu com o coeficiente de variação genético ( $CV_g\%$ ), isto é, 6,9% e 10,8%, respectivamente (Tabela 1), indicando que a população retrocruzada possui maior variabilidade para a produção de grãos. Consequentemente, a seleção para progênies mais produtivas seria mais eficiente nesse tipo de população.

Estes resultados indicam que para a produção de grãos (PG) houve um aumento considerável da variabilidade genética com um retrocruzamento, o que, de certa forma, contraria o esperado, visto que entre progênies  $F_{2:4}$  espera-se o dobro da variância genética aditiva daquela entre progênies  $RC_1F_3$  (Falconer e Mackay, 1996). Uma possível razão para explicar estes resultados ou, pelo menos, parte deles, seria a quebra de ligação entre blocos gênicos devido à elevada distância genética entre os dois genitores utilizados nesse trabalho (Bernardo, 2002).

Assim, estes resultados indicam que, partindo-se de genitores contrastantes, um retrocruzamento para o genitor superior produz um número maior de segregantes transgressivos e com maiores potenciais produtivos, o que deverá resultar em um número maior de linhas puras superiores no final do processo de endogamia e

seleção. Estes resultados têm suporte da literatura, conforme relata Bailey (1977) que concluiu, com base em estudos de simulação, que a vantagem de um retrocruzamento é tanto maior quanto mais complexo for o caráter, isto é, quanto maior o número de locos envolvidos, que é o caso da produção de grãos (PG). Conclusões semelhantes foram apresentadas por Kenworthy e Brim (1979) em soja, que obtiveram um número considerável de linhas puras superiores, a partir de diversos cruzamentos biparentais seguidos de um retrocruzamento para o genitor mais produtivo.

Portanto, a população retrocruzada liberou maior variabilidade genética do que a população não retrocruzada, indicando que uma geração de retrocruzamento, além de aumentar a média de produção, também aumentou significativamente a variância e, conseqüentemente, a probabilidade de seleção de linhas puras superiores, o que permite recomendar um retrocruzamento para o genitor superior antes do início da seleção, como uma boa estratégia para aumentar sua eficiência.

## **Agradecimentos**

Ao CNPq, pelas bolsas de doutorado de Guilherme José Farias e Larissa Pereira de Castro. Aos funcionários do laboratório Fernandes de Araújo e Gustavo Alexandre Perina pelo auxílio no preparo e condução dos experimentos e na avaliação dos dados experimentais.

## **Referências**

Bailey TB Jr (1977) Selection limits in self-fertilizing populations following the cross of homozygous lines. In: Pollak et al.(eds.). **Proceedings of the International Conference on Quantitative Genetics**. Iowa State University Press, Ames, p. 399-412.

Bernardo R (2002) **Breeding for quantitative traits in plants**, Stemma Press, Woodbury, 369p.

Bonato ALV, Calvo ES, Geraldi IO and Arias CAA (2006) Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology** 4: 692-704.

Carvalho ADF, Geraldi IO e Santos VS (2009) Avaliação de progênies F<sub>2:4</sub> e F<sub>4:6</sub> da soja e perspectivas do uso de teste precoce para a produção de grãos. **Bragantia** 4: 857-861.

Dudley JW (1982) Theory of transfer of alleles. **Crop Science** 22: 631-636.

Falconer DS and Mackay TFC (1996) **Introduction to quantitative genetics**. Essex, Longman, 464 p.

Kenworthy WJ and Brim CA (1979) Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield. **Crop Science** 19: 315-318.

Vencovsky R e Barriga P (1992) **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 486p.