

HETEROSE PARA NÚMERO DE PERFILHOS EM GENÓTIPOS DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ DA EMBRAPA

João Antônio Mendonça¹, Jaison Pereira de Oliveira², Paulo Hideo Nakano Rangel², Cláudio Brondani² e Fausto Jaime Miranda Araújo³.

Palavras- chave: arroz, perfilhos, heterose

INTRODUÇÃO

Coleção nuclear é definida como uma subamostra de acessos que representam, com o menor índice de redundância possível, a diversidade genética de uma espécie cultivada (BROWN, 1995). Seu principal objetivo é facilitar o acesso de potenciais usuários a uma amostra de menor tamanho que seja representativa da variabilidade genética contida no banco de germoplasma da cultura em questão, para fins de melhoramento e pesquisa genética.

A Embrapa Arroz e Feijão possui uma coleção de cerca de 14.000 acessos de arroz armazenado no seu banco de germoplasma representado por três grupos; a) variedades tradicionais do Brasil, b) linhagens e cultivares melhoradas do Brasil, c) linhagens e cultivares introduzidas. A coleção nuclear de arroz da Embrapa foi formada com representantes desses três grupos com maior ênfase nas variedades tradicionais, que constituíram 308 acessos, 94 acessos de linhagens e cultivares brasileiras e 148 linhagens e cultivares introduzidas, dando um total de 550 acessos (ABADIE et al., 2005). Essa coleção foi caracterizada agronomicamente em onze localidades, representativas das diversidades de clima, solo e sistemas de cultivo do Brasil. Os 242 genótipos que compõem os estratos de linhagens e cultivares desenvolvidas e introduzidas foi caracterizado molecularmente por 86 marcadores SSR fluorescentes. Essa análise permitiu agrupar 12 genótipos da subespécie indica e 12 da subespécie japônica, com ampla divergência genética entre eles, constituintes da “Mini” coleção nuclear de arroz (BORBA, 2007).

Dando continuidade aos trabalhos, envolvendo a coleção nuclear, vem-se ampliando esses estudos buscando conhecer a capacidade geral e específica de combinação desses genótipos, visando a identificação de genótipos para futuras combinações e encontrar combinações que apresentem heterose positiva, possibilitando a obtenção de linhagens superiores, para serem disponibilizadas ao programa de melhoramento da Embrapa.

O objetivo do trabalho foi avaliar acessos de arroz presentes na coleção nuclear e seus cruzamentos quanto ao número de perfilhos por planta, determinando-se a heterose e seus componentes, para aumento dessa característica.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho se concentrou no grupo indica da Mini Coleção. Duas cultivares de arroz irrigado IRGA 417 (região subtropical) e BRS Formoso (região tropical) foram cruzadas com nove genótipos, sete pertencentes à Mini Coleção e dois à coleção nuclear total (Tabela 1). Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação obtendo-se em torno de 300 sementes por cruzamento. Com essa quantidade de sementes foi possível montar o experimento no campo. Os onze genótipos, bem como os dezoito híbridos F₁ foram plantados na safra 2008/2009, na fazenda Palmital, área experimental da Embrapa Arroz e feijão, município de Goianira-GO (latitude 16°26'06”S, longitude 4°23'52” O). A semeadura foi feita em bandejas plásticas e aos vinte oito dias as mudas foram transplantadas para o campo. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída de quatro linhas de quatro metros espaçadas de 0,30 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. A tomada de dados foi feita através da contagem do número de perfilhos em cinco plantas nas linhas centrais das parcelas na fase de colheita. Para análise dialélica dos dados o

¹ Embrapa Arroz e Feijão, Assistente A, Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, (UFG), Caixa Postal 179 75375-000 Santo Antônio de Goiás – GO Email:joaoam@cnpaf.embrapa.br

² Embrapa Arroz e Feijão.

³ Universidade Federal de Goiás.

número de tratamentos é dado por: $N = p + q + pq$, sendo $p = 2$ (número de genitores do grupo 1), $q = 9$ (número de genitores do grupo 2) e $pq = 18$ (F_1), totalizando 29 tratamentos. O modelo estatístico adotado foi o de Miranda-Filho e Geraldi (1984), adaptado a partir do modelo de Gardner e Eberhart (1966) de dialelo completo. Foi estimada a capacidade de combinação de cada genitor (g_i e g_j), correspondente ao método quatro de Griffing (1956), utilizando as expressões: $\hat{g}_i = \frac{1}{2}\hat{v}_i + \hat{h}_i$ e $\hat{g}_j = \frac{1}{2}\hat{v}_j + \hat{h}_j$.

Tabela 1. Genótipos envolvidos nos cruzamentos, seus nomes, número de registro e origem.

| Número | Nome | Registro BAG | Origem |
|--------|------------------|--------------|----------|
| G20 * | IRGA 417 | - | Brasil |
| G21* | BRS FORMOSO | - | Brasil |
| G22**m | WU 10 B | CNA0005014 | China |
| G23**m | M 40 | CNA0002480 | Camarão |
| G24**m | LEBONNET | CNA0002442 | USA |
| G25**m | GZ 944-5-2-2 | CNA0003195 | Egito |
| G26**m | MOGAMI CHIKANARI | CNA0010433 | Japão |
| G27**m | VITRO | CNA0006961 | Itália |
| G28**m | WIR 5621 | CNA0005853 | Rússia |
| G29** | TOMOE MOCHI | CNA0010438 | Japão |
| G30** | RIZZOTO 159 | CNA0002871 | Portugal |

* Genótipos grupo 1 (G1) ** Genótipos grupo 2 (G2) m pertencentes a Mini coleção de arroz Embrapa.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observa-se pela Tabela 2 que houve efeito significativo ($p < 0,05$) quanto ao número de perfilhos para genótipos grupo 2, efeito da interação entre os grupos, heterose total e heterose do grupo 1. Tais efeitos indicam que há variabilidade entre os acessos analisados quanto a esse parâmetro. A significância dos quadrados médios das fontes de variação de genótipos, para os dois grupos, indica que eles são heterogêneos e que sua contribuição para a média não é constante. A significância da fonte de variação que testa a diferença dos comportamentos médios dos dois grupos de parentais (G1 vs G2) reflete a existência de variação no comportamento médio dos grupos entre si. A heterose específica não foi significativa. Isto atesta a importância dos efeitos da dominância no controle desse caráter, bem como a existência de divergência nas frequências alélicas entre grupos e dentro de grupos.

O efeito da heterose específica indica, ainda, a existência de diferenças entre graus de complementação das frequências em combinações híbridas. Entende-se por complementação o fenômeno em que dois genitores se completam, um suprindo as deficiências do outro, ao nível de genoma (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; OLIVEIRA et al., 2004). No conjunto dos locos, um dos genitores tem baixa frequência de alelos favoráveis e, nestes mesmos locos, o outro genitor tem alta frequência de alelos favoráveis. Essa complementação só acontece em locos que apresentarem alguma dominância, pois a heterose específica não tem sensibilidade para detectar divergência entre os genitores nos locos sem dominância.

No grupo 1, destaca-se o G20 (IRGA 417) e no grupo 2 o G25 (GZ 944-5-2-2) (Tabela 3). Embora esses genitores tenham apresentados maiores médias para número de perfilhos, a melhor combinação híbrida não foi proporcionada por eles e sim pelo G21 (BRS Formoso) com o G25 (GZ 944-5-2-2) (Tabela 4).

O fato de o efeito da heterose específica não ter sido significativo ($P < 0,05$) indica que os melhores híbridos podem ser preditos com base na capacidade geral de combinação.

Tabela 2. Análise de variância segundo o modelo de dialelos completos de Miranda-Filho e Geraldi (1984) para números de perfilhos por planta de dois grupos de genótipos e suas combinações híbridas.

| Fonte de Variação | GL | SQ | QM | F | p-valor |
|---------------------|----|----------|---------|--------|----------|
| Genótipos | 28 | 8535,714 | 304,846 | 5,488 | < 0,0001 |
| Grupo 1 | 1 | 64,559 | 64,559 | 1,162 | 0,2855 |
| Grupo 2 | 8 | 5977,892 | 747,236 | 13,453 | < 0,0001 |
| Grupo 1 x Grupo 2 | 1 | 642,082 | 642,082 | 11,560 | 0,0012 |
| Heterose Total | 18 | 1851,180 | 102,843 | 1,851 | 0,0410 |
| Heterose Média | 1 | 149,127 | 149,127 | 2,684 | 0,1069 |
| Heterose Grupo 1 | 1 | 554,030 | 554,030 | 9,975 | 0,0025 |
| Heterose Grupo 2 | 8 | 431,187 | 53,898 | 0,970 | 0,4683 |
| Heterose Específica | 8 | 716,834 | 89,604 | 1,613 | 0,1418 |
| Resíduo | 56 | - | 55,541 | - | - |

Tabela 3. Matriz de médias de número de perfilhos em dois grupos de acessos de arroz irrigado e suas combinações.

| G1/G2 ¹ | G22 | G23 | G24 | G25 | G26 | G27 | G28 | G29 | G30 | Y _{io} ² |
|------------------------------|-------|-------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|------------------------------|
| G20 | 71,33 | 77,00 | 59,33 | 89,33 | 81,00 | 82,33 | 70,00 | 80,67 | 67,33 | 94,00 |
| G21 | 88,67 | 80,67 | 71,67 | 112,67 | 71,00 | 68,00 | 58,00 | 80,00 | 74,67 | 60,00 |
| Y _{0j} ² | 85,00 | 56,00 | 44,00 | 118,00 | 42,67 | 62,67 | 49,00 | 62,33 | 70,67 | 77,00 ³ |

¹- G1 e G2: Genitores dos grupos de acessos da Coleção nuclear de arroz da Embrapa; ²- Y_{io} e Y_{0j}: médias dos genitores do grupo 1 e 2, respectivamente; e ³- Média geral.

Tabela 4. Matriz das estimativas dos efeitos da heterose específica (\hat{S}_i), de variedades (\hat{v}_i e \hat{v}_j), de heterose varietal (\hat{h}_i e \hat{h}_j), capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) para o caráter número de perfilhos em dois grupos de acessos de arroz irrigado e suas combinações.

| G1/G2 ¹ | G22 | G23 | G24 | G25 | G26 | G27 | G28 | G29 | G30 | \hat{v}_i | \hat{h}_i | \hat{g}_i |
|--------------------|-------|-------|--------|--------|--------|-------|--------|-------|-------|-------------|-------------|-------------|
| G20 | -7,16 | -0,33 | -4,66 | -10,16 | 6,50 | 8,66 | 7,50 | 1,83 | -2,16 | 17,0 | -10,0 | -1,50 |
| G21 | 7,16 | 0,33 | 4,66 | 10,16 | -6,50 | -8,66 | -7,50 | -1,83 | 2,16 | -17,0 | 10,0 | 1,50 |
| \hat{v}_j | 19,40 | -9,59 | -21,59 | 52,40 | -22,92 | -2,92 | -16,59 | -3,26 | 5,07 | - | - | - |
| \hat{h}_j | -6,57 | 6,76 | -0,57 | -2,07 | 10,59 | -0,24 | -4,57 | 5,09 | -8,40 | - | - | - |
| \hat{g}_j | 3,12 | 1,96 | -11,37 | 24,12 | -0,87 | -1,70 | -12,87 | 3,46 | -5,87 | - | - | - |

¹- G1 e G2: Genitores dos grupos de acessos da Coleção nuclear de arroz da Embrapa

CONCLUSÕES

- 1- Os genótipos e híbridos avaliados exibem variabilidade genética para o caráter número de perfilhos por planta.
- 2- Há possibilidade de encontrar combinações alélicas favoráveis para o aumento de perfilhos entre os genótipos da coleção nuclear, o que pode gerar populações promissoras para o programa de melhoramento.
- 3- Conhecendo a capacidade geral de combinação dos genótipos pode-se direcionar a escolha dos mesmos aumentando a possibilidade de se encontrar combinações favoráveis.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABADIE, T. et al. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 40, n. 2, p. 129-136, fev. 2005.
- BORBA, T. C. de O. **Diversidade genética e mapeamento associativo para produção e qualidade de grão dos acessos melhorados da coleção nuclear de arroz da Embrapa**. 2007. 109 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
- BROWN, A. H. D. The core collection at the crossroads. In: HODGKIN, T. et al. (Ed.). **Core collections of plant genetic resources**. Chichester: J. Wiley, 1995. p. 3-19.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. **Biometrics**, Washington, v. 22, n. 3, p. 439-452, Sept. 1966.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Victoria, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.
- MIRANDA-FILHO, J. B. de; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 7, n. 4, p. 677-688, dez. 1984.
- OLIVEIRA, J. P. et al. Teor de proteína no grão em populações de milho de alta qualidade protéica e seus cruzamentos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 34, n. 1, p. 45-51, jan./abr. 2004.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.