

Potencial Genético de Genitores de Arroz Vermelho por Meio de Análise Dialélica

Paulo Henrique Ramos Guimarães¹, Odilon Peixoto de Morais Júnior², Orlando Peixoto de Morais³, José Almeida Pereira⁴, Paula Pereira Torga³, José Manoel Colombari Filho³, Rodrigo Gomes Branquinho¹, Patrícia Guimarães Santos Melo⁵

Resumo

Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar o potencial genético de genitores de arroz vermelho por meio de análise dialélica. Para isso, avaliaram-se 18 populações (geração F₂) oriundas de cruzamentos envolvendo arroz vermelho e branco. O delineamento foi em alfa látice com quatro repetições. Avaliaram-se os caracteres produção de grãos (PG), dias para o florescimento (DF) e brusone de pescoço (BP). Os efeitos de capacidade geral de combinação (σ^2) foram significativos ($p \leq 0,01$), evidenciando a presença de diferenças no desempenho *per se* dos genitores, para os três caracteres. Os genitores de arroz branco apresentaram maiores que os de arroz vermelho, para os caracteres PG e DF. Foi observado efeito pronunciado da capacidade específica de combinação (σ^2) apenas para DF ($p \leq 0,01$). Os cruzamentos MNA 1104/SCS 116 Satoru, MNA 1108/SCS 608 e MNA 1109/SC 608 foram os mais promissores quanto à resistência à BP. Os cruzamentos mais favoráveis à seleção para redução de DF foram MNA 1101/SC608, MNA 1102/SC 608, MNA 1103/IRGA 424 e MNA 1107/IRGA 424. Apesar de não favorecer seleção para redução de DF, o cruzamento mais promissor foi MNA 1103/BRA 051077, considerando em conjunto as estimativas de CGC e de CEC relativas à produção de grãos e à resistência à brusone, caracteres de maior prioridade no desenvolvimento de cultivares de arroz vermelho.

Introdução

A preferência dos consumidores pelo arroz branco tornou-se unânime no mundo todo, muito embora a cor característica do pericarpo do grão de todas as espécies de arroz seja a vermelha. O arroz branco, que se originou de uma mutação do arroz vermelho, firmou-se como característica de grande interesse comercial e prioritária na maioria dos programas de melhoramento genético de arroz. As cultivares de arroz vermelho plantadas, em geral, apresentam arquitetura de planta tradicional (porte alto, folhas longas, largas e decumbentes) e baixo potencial genético de produção. Poucas cultivares de arroz vermelho com arquitetura de planta moderna (porte baixo, folhas curtas, estreitas e eretas) e elevado potencial produtivo, resultantes do cruzamento natural entre arroz vermelho e arroz branco são conhecidas (Pereira, Morais and Breseghello 2008).

Os genes do arroz vermelho podem ser facilmente transferidos para o arroz cultivado, e em pouco tempo pode-se obter indivíduos com tipo de planta e de grão comercial, porém, com coloração vermelha dos grãos (Brunes et al. 2007). Contudo o arroz vermelho cultivado pode ter outras característica de interesse mais amplo nos programas de melhoramento, como maior vigor inicial ou adaptação a solos de baixa fertilidade. A avaliação de cruzamentos permite a estimação das habilidades combinatórias dos seus genitores, o que constitui uma forma de identificação das melhores populações deles derivadas, quanto à diversidade genética (Hallauer and Miranda Filho 2010). Reconhece-se também que a escolha de genitores para o desenvolvimento de populações, capazes de propiciarem ganhos em seleção desejados, constitui uma das etapas mais críticas. Nesta escolha, o melhorista dispõe de algumas técnicas, destacando-se entre elas os cruzamentos dialélicos, que permitem a identificação de genitores baseada em seus próprios valores genéticos e, principalmente, nas suas capacidades de se combinarem em híbridos que produzem populações segregantes promissoras (Ramalho, Santos and Zimmermann 1993).

O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial genético de dez genitores de arroz vermelho, por meio de análise dialélica. As informações geradas são úteis para subsidiar o melhoramento genético da cultura, que visa introduzir características potenciais do arroz branco no germoplasma de arroz vermelho.

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas - EA/UFG, Universidade Federal de Goiás. Goiânia, GO, CEP 74001-970. E-mail: paulohenriquerg@hotmail.com

² Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas - EA/UFG, Universidade Federal de Goiás.

³ Pesquisadores Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO 462, km 12 Zona Rural, Santo Antônio de Goiás - GO

⁴ Pesquisador Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI

⁵ Professora Associada - Escola de Agronomia - Setor de Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás EA/UFG.

Material e Métodos

Foram avaliadas nove linhagens de arroz vermelho de grãos cateto: MNA 1101, MNA 1102, MNA 1103, MNA 1104, MNA 1105, MNA 1106, MNA 1107, MNA 1108 e MNA 1109, provindas do programa de melhoramento de arroz para grãos especiais da Embrapa; e quatro linhagens de arroz agulhinha, sendo uma de arroz vermelho (SC 608) provinda do programa de melhoramento da Epagri e três linhagens de arroz branco: BRA 051077, IRGA 424 e SCS 116 Satoru. Empregou-se o esquema de dialelo parcial envolvendo os dois grupos. O dialelo foi incompleto, em função do diferente número de combinações híbridas entre os genitores.

Os cruzamentos foram realizados na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO e a avaliação dos cruzamentos na geração F_2 , juntamente com os genitores, em Goianira, GO no ano agrícola de 2012/2013, sob condições de irrigação por inundação. O delineamento experimental utilizado foi alfa látice (4x8), com quatro repetições. Cada parcela constituiu-se de quatro linhas de 4 m, espaçamento de 0,30 m entre linhas, em que a área útil foi constituída pelos 3 m centrais das duas linhas internas (1,8 m²).

Foram avaliados os caracteres produção de grãos (PG, kg ha⁻¹), dias para florescimento (DF, dia) e brusone de pescoço (BP, nota). As médias dos tratamentos (genitores e cruzamentos) foram ajustadas para efeito de blocos dentro de repetições, conforme o modelo em que: μ é o valor observado na parcela experimental que recebeu o tratamento (cruzamento ou genitor), no bloco b , na repetição j ; μ é a média geral; α_j é o efeito da progenie, sendo $j = 1, 2, \dots, T$; β_b é o efeito da repetição b , sendo $b = 1, 2, \dots, J$; γ_k é o efeito de bloco dentro da repetição j , sendo $k = 1, 2, \dots, K$; ϵ_{jk} é o erro experimental associado à k -ésima observação, assumindo-se $\epsilon \sim NID(0, \sigma^2)$. As análises de capacidade combinatória foram realizadas de acordo com o método 2 de Griffing (1956), com a adaptação necessária para a situação de não-ortogonalidade das médias ajustadas de tratamentos (Silva et al. 2000).

A diagonalização da matriz V^{-1} (inverso da matriz de covariância das médias ajustadas dos tratamentos) foi realizada por meio da fatoração de Cholesky (Schnabel and Eskow 1990). Com essa operação, obtém-se a matriz congruente U , tal que $U^T U = V^{-1}$, empregada na simplificação do modelo linear generalizado de Gauss-Markov (Silva et al. 2000). A matriz de restrições foi estruturada admitindo-se os seguintes cortes no espaço das soluções: (uma restrição); para cada i (p restrições); i e j variando de 1 a p , sendo p o número de genitores. A significância das estimativas de capacidade geral (μ) e específica (α_j) de combinação foi testada pelo teste t ($p \leq 0,05$). As análises estatísticas e operações matriciais necessárias para a estimação dos parâmetros do modelo e de seus erros associados foram realizadas, considerando μ e α_j de efeito fixo, utilizando-se o aplicativo R (R Development Core Team 2013).

Resultado e Discussão

Foi observado ampla variação entre média de tratamentos (genitores e cruzamentos), para ambos os caracteres ($p \leq 0,01$) (Tabela 1). As maiores médias de PG foram observadas para os genitores de arroz branco, com média de 5.799 kg ha⁻¹, seguida pela média dos cruzamentos, com 3.853 kg ha⁻¹, e dos genitores de arroz vermelho, com 3.445 kg ha⁻¹. Pode-se observar a tendência de melhoria do nível genético dos cruzamentos em relação aos genitores de arroz vermelho, sendo as médias dos cruzamentos intermediárias às dos grupos de genitores, para todos os caracteres (PG, DF e BP). No presente trabalho, não há independência entre μ e α_j , portanto, as suas SQ não são aditivas. As somas de quadrado relativos a esses dois parâmetro foram calculados conforme Pereira, Morais and Breseghello (2008).

Os genitores não são um grupo homogêneo, pois os efeitos devido à μ foram significativos ($p \leq 0,01$), evidenciando a presença de diferenças no desempenho *per se* dos genitores, para os três caracteres. O efeito de μ foi significativo apenas para DF ($p \leq 0,01$). Segundo Cruz, Regazzi and Carneiro (2012), isto evidencia a presença de desvios do comportamento médio dos cruzamentos em relação ao que se espera com base na μ , ou seja, se relaciona aos efeitos gênicos não aditivos (Tabela 1).

Tabela 1. Análise de variância dos caracteres produção de grãos (PG, em kg ha⁻¹), dias para florescimento (DF, em dias) e brusone de pescoço (BP, em nota). Decomposição não ortogonal da soma de quadrados de tratamento.

FV	GL	PG		DF		BP	
		SQ	QM	SQ	QM	SQ	QM
Tratamento	31	116.263.550	3.750.437,10**	5.448,11	175,75**	184,14	5,94**
CGC	12	79.906.491	6.658.874,25**	2.746,30	228,86**	138,5	11,54**
CEC	19	30.329.253	1.596.276,47 ^{ns}	2.719,38	143,13**	41,86	2,20 ^{ns}
Resíduo	81	42.690.347	527.041,32	326,3	4,03	89,81	1,11
		= 18,78%	3865,00	= 2,37%		40,8%	

^{ns}, * e **: não significativo e significativos à 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F.

As estimativas de para os genitores de arroz branco foram positivas e de elevada magnitude, diferentemente ao observado para as de arroz vermelho, com a maioria das estimativas negativas para PG. Verificou-se que o cruzamento MNA 1107/IRGA 424 expressou valor depressivo para PG, com valor negativo e de alta magnitude, sendo a única, para cruzamentos, significativa. Tal resultado possivelmente ocorreu em função de baixa divergência genética entre os dois genitores em relação a PG, expresso pela semelhança entre para os dois genitores. Os cruzamentos: MNA 1104/IRGA 424, MNA 1108/SC 608, MNA 1101/SCS 116 Satoru, MNA 1103/BRA 051077 e MNA 1102/SC 608, apresentaram estimativas positivas para, porém sem se diferirem estatisticamente de zero (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas de capacidade geral de combinação (σ_g) e capacidade específica de combinação (σ_{ge}) dos cruzamentos (σ_{ge}) e dos genitores (σ_g) para o caráter produção de grãos (PG, em kg ha⁻¹).

Genitores		Genitores e				
		SC 608	SCS 116 Satoru	IRGA 424	BRA 051077	
MNA 1101	-454,49** ± 142,54	-124,89 ^{ns}	433,00 ^{ns}	-	-	-154,05 ^{ns}
MNA 1102	-624,50** ± 153,58	310,46 ^{ns}	-	-	-	-155,23 ^{ns}
MNA 1103	-271,17 ^{ns} ± 144,87	-	-	-582,29 ^{ns}	318,86 ^{ns}	131,71 ^{ns}
MNA 1104	-645,56** ± 134,98	-605,08 ^{ns}	-350,28 ^{ns}	620,17 ^{ns}	-	167,59 ^{ns}
MNA 1105	-152,43 ^{ns} ± 147,89	-475,32 ^{ns}	-14,00 ^{ns}	-	-	244,66 ^{ns}
MNA 1106	95,11 ^{ns} ± 145,64	-414,44 ^{ns}	-	-	-564,15**	489,29 ^{ns}
MNA 1107	58,72 ^{ns} ± 145,43	-481,31 ^{ns}	-	-1116,6**	-	798,96**
MNA 1108	-838,75** ± 143,68	596,17 ^{ns}	-	-601,04 ^{ns}	-	2,43 ^{ns}
MNA 1109	145,92 ^{ns} ± 142,48	-531,55 ^{ns}	-596,31 ^{ns}	-	-	563,93**
SC 608	333,75** ± 125,04	-	-	-	-	862,98**
SCS 116 Satoru	626,46** ± 138,62	-	-	-	-	263,79 ^{ns}
IRGA 424	576,22** ± 140,04	-	-	-	-	839,89**
BRA 051077	1150,70** ± 148,8	-	-	-	-	122,64 ^{ns}

^{ns}, * e **: não significativo e significativos à 5 e 1% pelo teste t.

Para o caráter DF a cultivar IRGA 424 apresentou a maior, não se diferenciando, contudo, das linhagens MNA 1108, MNA 1109, MNA 1107 e SC 608 ($p > 0,05$). Os cruzamentos mais promissores para redução do DF foram os que envolveram os cultivares SC 608 e IRGA 424, com destaque para os cruzamentos MNA 1103/IRGA 424, MNA 1102/SC 608, MNA 1101/SC 608 e MNA 1107/IRGA 424 (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas de capacidade geral de combinação (σ) e capacidade específica de combinação (σ) dos cruzamentos (σ) e dos genitores (σ) para o caráter dias para o florescimento (DF, dias).

Genitores		Genitores e				
		SC 608	SCS 116 Satoru	IRGA 424	BRA 051077	
MNA 1101	2,60** \pm 0,41	-6,06**	-4,53**	-	-	5,30**
MNA 1102	3,92** \pm 0,45	-7,19**	-	-	-	3,59**
MNA 1103	3,27** \pm 0,42	-	-	-10,49**	0,04 ^{ns}	5,23**
MNA 1104	0,90* \pm 0,39	-0,87 ^{ns}	-4,54**	-3,16**	-	4,28**
MNA 1105	2,04** \pm 0,43	-4,31**	1,01 ^{ns}	-	-	1,65**
MNA 1106	1,01* \pm 0,42	-3,63**	-	-	-2,76**	3,19**
MNA 1107	-1,81** \pm 0,42	-1,15 ^{ns}	-	-5,95**	-	3,55**
MNA 1108	-3,61** \pm 0,42	-1,23 ^{ns}	-	-3,84**	-	2,53**
MNA 1109	-2,34** \pm 0,41	-1,57 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-	-	0,91 ^{ns}
SC 608	-1,18** \pm 0,36	-	-	-	-	13,00**
SCS 116 Satoru	2,98** \pm 0,40	-	-	-	-	4,15**
IRGA 424	-5,32** \pm 0,41	-	-	-	-	11,72**
BRA 051077	3,64** \pm 0,43	-	-	-	-	1,36**

^{ns}, * e **: não significativo e significativos à 5 e 1% pelo teste t.

Os cruzamentos MNA 1104/SCS 116 Satoru, MNA 1108/SC 608 e MNA 1109/SC 608 foram os mais promissores quanto à redução da BP, devido às estimativas negativas e significativas para σ . Observa-se que os genitores BRA051077, MNA 1102 e MNA 1101 foram os que apresentaram estimativas de σ mais favoráveis (Tabela 4).

No conjunto dos três caracteres e considerando que maior produtividade e resistência à brusone são mais importantes do que redução de DF, o cruzamento MNA1103/BRA 051077 é o de maior potencial para o desenvolvimento de cultivares, pela análise geral das Tabelas 2 a 4.

Tabela 4. Estimativas de capacidade geral de combinação (σ) e capacidade específica de combinação (σ) dos cruzamentos (σ) e dos genitores (σ) para o caráter brusone de pescoço (BP, em nota).

Genitores		Genitores e				
		SC 608	SCS 116 Satoru	IRGA 424	BRA 051077	
MNA 1101	-0,68** \pm 0,22		0,27 ^{ns}	-0,86 ^{ns}	-	0,29 ^{ns}
MNA 1102	-0,75** \pm 0,23		-0,45 ^{ns}	-	-	0,22 ^{ns}
MNA 1103	-0,12 ^{ns} \pm 0,22		-	-	0,68 ^{ns}	-0,31 ^{ns}
MNA 1104	1,32** \pm 0,21		1,46**	-1,22*	-0,77 ^{ns}	0,26 ^{ns}
MNA 1105	0,06 ^{ns} \pm 0,23		0,26 ^{ns}	-0,49 ^{ns}	-	0,11 ^{ns}
MNA 1106	-0,42 ^{ns} \pm 0,22		0,47 ^{ns}	-	-	-0,34 ^{ns}
MNA 1107	0,03 ^{ns} \pm 0,22		-0,00 ^{ns}	-	0,15 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
MNA 1108	1,55** \pm 0,22		-1,46**	-	0,15 ^{ns}	0,65*
MNA 1109	0,12 ^{ns} \pm 0,22		-1,04*	0,17 ^{ns}	-	0,44 ^{ns}
SC 608	-0,03 ^{ns} \pm 0,19		-	-	-	0,25 ^{ns}
SCS 116 Satoru	-0,08 ^{ns} \pm 0,21		-	-	-	1,20**
IRGA 424	-0,19 ^{ns} \pm 0,21		-	-	-	-0,11 ^{ns}
BRA 051077	-0,81** \pm 0,23		-	-	-	0,32 ^{ns}

^{ns}, * e **: não significativo e significativos à 5 e 1% pelo teste t.

Agradecimentos

A Universidade Federal de Goiás (UFG), pela oportunidade de aquisição de conhecimentos, a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) pela bolsa concedida e à Embrapa Arroz e Feijão pela cessão de espaço e colaboradores para o desenvolvimento do trabalho.

Referências

- Brunes TO Rangel PHN Brondani RP Neto F Neves PCF and Brondani C (2007) Fluxo gênico entre arroz vermelho e arroz cultivado estimado por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Tropical 37**: 86-92.
- Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS (2012) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, Viçosa, 514 p.
- Griffing B (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems **Australian Journal of Biological Sciences 9**: 463-493.
- Hallauer AR, Carena MJ and Miranda Filho (2010) **Quantitative genetics in maize breeding**. The Iowa State University Press, Iowa, 663 p.
- Pereira JA Bassinello PZ Cutrim VA and Ribeiro VQ (2009) Comparação entre características agronômicas, culinárias e nutricionais em variedades de arroz branco e vermelho. **Revista Caatinga 22**: 243-248.
- Pereira J A Morais OP and Breseghello F (2008) Análise da heterose de cruzamentos entre variedades de arroz vermelho **Pesquisa Agropecuária Brasileira 43**:1135-1142.
- R Core Team (2013) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Viena, Áustria. Disponível em <<http://www.Rproject.org>>.
- Ramalho MAP, Santos JB and Zimmermann MJP (1993) **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Editora UFG, Goiânia, 271p.
- Schnabel RB and Eskow E A new modified cholesky factorization **Journal on Scientific and Statistical Computing 11**:1136-1158.
- Silva SAG Morais OP Rava CA and Costa JGC (2000) Método generalizado de análise de dialelos desbalanceados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira 35**:1999-2005.