

## Intercruzamento em uma população de soja derivada de um retrocruzamento e perspectivas de melhoramento

Larissa Pereira de Castro<sup>1</sup>, Guilherme José Farias<sup>2</sup>, Marco Antonio Acevedo Barona<sup>3</sup>, José Manoel Colombari-Filho<sup>4</sup> e Isaias Olívio Geraldí<sup>5</sup>

### Resumo

Os efeitos de uma geração de intercruzamento em uma população de soja foram avaliados através das médias, variâncias genéticas e respostas à seleção, para o caráter produtividade de grãos. A partir de um cruzamento biparental entre duas linhagens foi realizado um retrocruzamento para a linhagem mais produtiva ( $RC_1$ ). Em seguida esta população foi recombinada, dando origem à população de retrocruzamento intercruzada ( $RC_{1\#}$ ). Na sequência foram obtidas progênies de plantas individuais das duas populações ( $RC_1$  e  $RC_{1\#}$ ), via autofecundação natural, num total de 118 progênies por população, que correspondem às progênies  $RC_1F_2$  e  $RC_{1\#}F_2$ . As progênies das duas populações foram avaliadas no ano agrícola de 2008/09, em experimentos em látice 11x11 com quatro repetições. As parcelas foram colhidas em *bulk* (gerações  $RC_1F_3$  e  $RC_{1\#}F_3$ ) e avaliadas novamente no ano agrícola 2010/11, utilizando o mesmo delineamento experimental e número de repetições. As médias foram similares entre as populações  $RC_1$  e  $RC_{1\#}$  dentro de cada ano; entretanto, houve um acréscimo nas variâncias genéticas nas populações intercruzadas ( $RC_{1\#}F_2$  e  $RC_{1\#}F_3$ ) e, devido a isso, a resposta esperada com seleção foi 39% superior, em média, para estas. Estes resultados ressaltam a importância do intercruzamento em programas que utilizam populações derivadas de retrocruzamentos.

### Introdução

O intercruzamento é utilizado em programas de seleção recorrente com resultados altamente satisfatórios em espécies alógamas (Hallauer et al., 2010). A exceção ocorre em gerações  $F_2$ , onde muitos relatos indicam que não existe vantagem em inter cruzar as plantas. (Altman and Bush, 1984). Por outro lado, evidências baseadas em modelos teóricos indicam que um intercruzamento em uma população derivada de retrocruzamento deve acarretar acréscimos na variância genética da população (Arbelbide and Bernardo, 2004), sem reduzir a média e, conseqüentemente, gerar um número maior de genótipos transgressivos.

Populações derivadas de retrocruzamento seguidas de intercruzamentos foram avaliadas principalmente em milho (Hoffbeck et al., 1995; Arbelbide and Bernardo, 2004), mas os resultados obtidos não foram satisfatórios em termos de acréscimos na variância aditiva e, conseqüentemente na resposta com seleção. Entretanto, em milho a avaliação das linhagens é feita em cruzamentos com uma linhagem testadora, denominados testecrosses. Possivelmente esta é a razão do insucesso, isto é, o aumento da variância genética entre linhagens seria mascarado nos cruzamentos com o testador.

Como em soja as avaliações são feitas nas linhagens *per se*, os objetivos do presente trabalho compreendem a avaliação de uma população de soja derivada de um retrocruzamento, com e sem intercruzamento, e determinar os efeitos do intercruzamento nas magnitudes das médias, variâncias genéticas e respostas esperadas com seleção e, conseqüentemente, no aumento da eficiência da seleção.

### Material e Métodos

Os genitores utilizados neste trabalho são linhagens contrastantes para produtividade de grãos, do programa de Genética Quantitativa e Melhoramento de Soja da ESALQ/USP. A linhagem mais produtiva ( $P_1$ ) e a menos produtiva ( $P_2$ ), foram inicialmente cruzadas em casa de vegetação para a obtenção de híbridos  $F_1$ . No ano

<sup>1</sup> Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas pela ESALQ/USP, Pesquisadora do CTC. e-mail: larissa.vendrame@ctc.com.br

<sup>2</sup> Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas pela ESALQ/USP. e-mail: gjfarias@gmail.com

<sup>3</sup> Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas pela ESALQ/USP, Pesquisador do INIA. e-mail: macevedo\_barona@hotmail.com

<sup>4</sup> Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas pela ESALQ/USP, Pesquisador da Embrapa Arroz-Feijão. e-mail: jose.colombari@embrapa.br

<sup>5</sup> Professor Associado, Departamento de Genética da ESALQ/USP. e-mail: iogerald@usp.br  
Apoio Financeiro: CAPES e CNPq. Resultados parciais da tese de doutorado da 1ª autora.

agrícola seguinte, 40 sementes  $F_1$  e 40 sementes  $P_1$  foram semeadas individualmente em vasos em casa de vegetação. Foram realizados os cruzamentos [ $P_1 \times F_1$ ], obtendo-se 160 sementes retrocruzadas ( $RC_1F_1$ ). Em seguida, uma amostra de 40 sementes  $RC_1$  foi semeada novamente em vasos na casa de vegetação. Foram feitos cruzamentos em cadeia (planta a planta) a fim de obter uma população de retrocruzamento inter cruzada ( $RC_{1\#}F_1$ ), tendo-se obtido cerca 120 sementes. Uma amostra de 120 sementes  $RC_1$  ( $RC_1F_1$ ) e 120 sementes  $RC_{1\#}$  ( $RC_{1\#}F_1$ ) foi a seguir semeada no campo com o objetivo de produzir sementes suficientes de plantas individuais, para os testes de progênies subsequentes. Na época da colheita foram obtidas 118 progênies de cada tipo, isto é, progênies  $RC_1F_2$  e progênies  $RC_{1\#}F_2$ .

No ano agrícola de 2008/09, as progênies  $RC_1F_2$  e  $RC_{1\#}F_2$  foram avaliadas experimentalmente em Piracicaba/SP (Ano 1) para a produtividade de grãos (PG). Foi utilizado o delineamento em látice quádruplo  $11 \times 11$  (quatro repetições) e parcelas lineares de 2 m, espaçadas de 0,5 m, contendo 30 plantas após o desbaste. No ano agrícola de 2010/11, as mesmas progênies (agora nas gerações  $RC_1F_3$  e  $RC_{1\#}F_3$ ) foram novamente avaliadas no mesmo local (Ano 2), com o mesmo delineamento e número de repetições. Foram utilizadas três testemunhas para completar 121 tratamentos, o que corresponde a um látice  $11 \times 11$ .

As análises de variância individuais das duas populações (intercruzadas e não intercruzadas) foram realizadas utilizando o sistema computacional SAS® versão 9.2, por meio do módulo 'proc- GLM'. As análises de variância conjuntas entre as gerações  $RC_1F_2$  e  $RC_{1\#}F_2$  e entre as gerações  $RC_1F_3$  e  $RC_{1\#}F_3$ , foram realizadas a partir das médias ajustadas dos tratamentos, utilizando os quadrados médios ponderados dos erros efetivos das análises individuais e considerando-se o modelo aleatório, visto que os dois anos não foram atípicos (Vencovsky e Barriga, 1992).

A partir dos quadrados médios das análises de variância conjuntas, foram estimados os componentes das variâncias para os dois tipos de população. Como se tratava de gerações diferentes nos dois anos, foram deduzidas as covariâncias entre as gerações, a fim de se determinar os componentes de variância da análise conjunta. Foram estimados também os intervalos de confiança para os componentes de variância, de acordo com o procedimento de Burdick and Graybill (1992).

## Resultados e Discussão

A dedução da covariância entre gerações para os dois tipos de progênies gerou os seguintes resultados:  $\hat{\sigma}_p^2(\mathbf{R}_{1\#}) = (1/2)\hat{\sigma}_A^2 + (1/8)\hat{\sigma}_D^2 - (3/6)C_{ad}$  e  $\hat{\sigma}_p^2(\mathbf{R}_{1\#}) = (3/4)\hat{\sigma}_A^2 + (5/128)\hat{\sigma}_D^2 - (9/4)C_{ad}$ , em que  $\hat{\sigma}_p^2$  é a variância genética entre progênies da análise conjunta,  $\hat{\sigma}_A^2$  é a variância genética aditiva,  $\hat{\sigma}_D^2$  é a variância genética dominante e  $C_{ad}$  é a covariância entre os efeitos aditivos e dominantes (Kearsey and Pooni, 1996). Como dois sistemas de equações não permitem a estimação de três variáveis ( $\hat{\sigma}_A^2$ ,  $\hat{\sigma}_D^2$  e  $C_{ad}$ ), utilizou-se um artifício que permitiu obter tais estimativas. Este artifício consiste em considerar dois graus médios de dominância (gmd), isto é: gmd = 0, que corresponde a  $\hat{\sigma}_D^2 = 0$ , e gmd = 1, que corresponde a  $\hat{\sigma}_D^2 = (1/2)\hat{\sigma}_A^2$ .

Os resumos das análises de variância conjuntas entre as gerações  $RC_1F_2$  e  $RC_{1\#}F_2$  ( $RC_1$ , Tabela 1) e entre as gerações  $RC_1F_3$  e  $RC_{1\#}F_3$  (Tabela 1) indicam a ocorrência de precisão experimental satisfatória para os dois tipos de progênies ( $CV \cong 20\%$ ). As médias gerais das progênies foram semelhantes para as duas populações. Os quadrados médios de progênies foram altamente significativos ( $p \leq 0,01$ ) nas duas populações, evidenciando a presença de variabilidade genética entre as progênies de cada população. Por outro lado, os quadrados médios da interação progênies com anos não foram significativos nas duas populações, indicando que as progênies avaliadas apresentaram comportamento consistente nos dois anos, ou que as progênies superiores seriam as mesmas nos dois anos (Vencovsky e Barriga, 1992).

Em relação aos componentes de variância, observa-se que as estimativas de variância da interação progênies x anos ( $\hat{\sigma}_{p \times a}^2$ ) apresentaram intervalos de confiança bem amplos, que podem ser explicados pelos resultados não significativos do teste  $F$  e assim, pode-se concluir que não houve interação progênies por anos para os dois tipos de progênies, conforme mencionado anteriormente. Ao contrário, observa-se que

as estimativas da variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) apresentaram intervalos de variação menores e, conseqüentemente, são significativas, conforme indicado pelo teste F. Além disso, ocorreu um aumento de 35% na estimativa da variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) com um ciclo de intercruzamento. Esse aumento observado foi ligeiramente inferior ao esperado com base no modelo de um loco com dois alelos, isto é, de 50%, o que provavelmente pode ter ocorrido em função da complexidade do caráter em questão, efeitos ambientais e interações epistáticas (Bernardo, 2010). Entretanto, trata-se de aumento considerável em termos de variabilidade genética para fins de seleção de genótipos superiores.

Tabela 1 Análises conjuntas entre as gerações  $RC_1F_2$  e  $RC_1F_3$  ( $RC_1$ ) e entre as gerações  $RC_{1\#}F_2$  e  $RC_{1\#}F_3$  ( $RC_{1\#}$ ), nos anos agrícolas 2008/09 (gerações  $F_2$ ) e 2010/11 (gerações  $F_3$ ) e estimativas das variâncias genéticas entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), da interação progênies x anos ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e do erro ( $\hat{\sigma}^2$ ) de cada população, com os respectivos intervalos de confiança (entre parênteses). Dados em  $g\ m^{-2}$ .

| FV                 | GL  | QM                         |                            |
|--------------------|-----|----------------------------|----------------------------|
|                    |     | $RC_1$                     | $RC_{1\#}$                 |
| Anos (A)           | 1   | -                          | -                          |
| Progênies (P)      | 117 | 12.597,5 **                | 14.255,9 **                |
| PxA                | 117 | 6.768,4 ns                 | 6.404,3 ns                 |
| Erro efetivo médio | 635 | 5.800,4                    | 5.332,1                    |
| $\hat{\sigma}_p^2$ | -   | 728,6 (427,5; 1.576,7)     | 981,5 (633,9; 1.806,1)     |
| $\hat{\sigma}_p^2$ | -   | 242,0 (68,6; 9.989,7)      | 268,0 (105,6; 15.392,5)    |
| $\hat{\sigma}^2$   | -   | 5.800,4 (5.210,1; 6.497,7) | 5.332,1 (4.791,0; 5.970,9) |
| Média geral        |     | 342,4                      | 338,8                      |
| CV%                |     | 20,8                       | 20,3                       |

\*\* e ns: teste significativo a 1% e não significativo, respectivamente.

Considerando-se os dois limites adotados no presente trabalho, isto é,  $gmd=0$  e  $gmd=1$ , é possível notar que a  $\hat{\sigma}_A^2$  e o componente *Cad* praticamente se mantêm constantes (Tabela 2). Esta informação tem grande relevância, pois a  $\hat{\sigma}_A^2$  é o principal componente que determina a semelhança entre parentes em gerações diferentes e, portanto, a resposta à seleção em espécies autógamas quando se deseja obter cultivares que são linhas puras (Kearsey e Pooni, 1996).

Tabela 2 Estimativas das variâncias genéticas aditivas ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), das variâncias genéticas dominantes ( $\hat{\sigma}_D^2$ ) e dos componentes *Cad*, considerando graus médios de dominância (*gmd*) iguais a 0,0 e 1,0

| <i>gmd</i> | $\hat{\sigma}_A^2$ | $\hat{\sigma}_D^2$ | <i>Cad</i> |
|------------|--------------------|--------------------|------------|
| 0,0        | 1.159,93           | 0,00               | -792,94    |
| 1,0        | 1.124,78           | 562,39             | -511,75    |

As respostas à seleção foram obtidas utilizando-se as covariâncias entre a unidade de seleção e a geração  $\square$ , onde  $\square$  representa a geração de endogamia total e a população é formada somente por linhas puras, e utilizando-se os componentes de variância apresentados na Tabela 2. As respostas à seleção ( $R_s$ ) foram calculadas para os dois valores de *gmd*; porém, os resultados obtidos foram próximos, e, portanto, serão discutidos apenas os dados referentes à  $gmd=1,0$ , isto é, dominância completa (Tabela 3), já que para PG tem-se constatado a ocorrência da heterose (Colombari Filho et al., 2010).

Tabela 3 Estimativas da resposta à seleção em valor absoluto (Rs) e em percentagem da média (Rs%), e média esperada da população melhorada ( $\hat{X}_m$ ), para o caráter produtividade de grãos (PG), nas diferentes populações, e gerações, e com porcentagem de seleção de 20%.

| Geração de Seleção              | Rs (g m <sup>-2</sup> ) | Rs%  | $\hat{X}_m$ |
|---------------------------------|-------------------------|------|-------------|
| RC <sub>1</sub> F <sub>2</sub>  | 14,8                    | 4,35 | 356,5       |
| RC <sub>1#</sub> F <sub>2</sub> | 20,7                    | 6,08 | 361,3       |
| RC <sub>1</sub> F <sub>3</sub>  | 22,2                    | 6,46 | 365,2       |
| RC <sub>1#</sub> F <sub>3</sub> | 30,3                    | 9,00 | 367,3       |

Inicialmente é importante ressaltar que as diferenças nas respostas à seleção entre diferentes gerações da mesma população, da ordem de 48%, isto é, entre RC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> e RC<sub>1</sub>F<sub>3</sub> e entre RC<sub>1#</sub>F<sub>2</sub> e RC<sub>1#</sub>F<sub>3</sub> se devem principalmente ao fato de que no segundo ano de avaliação, quando foram avaliadas as duas populações na geração F<sub>3</sub>, a precisão experimental foi melhor e, devido a isso, a variância fenotípica entre médias de progênies foi bem menor, o que contribuiu para o aumento da resposta à seleção (Tabela 3).

Observa-se (Tabela 3), que tanto na geração F<sub>2</sub> quanto na geração F<sub>3</sub> o acréscimo na resposta à seleção em decorrência do intercruzamento foi da ordem de 39% (4,35% a 6,08% na geração F<sub>2</sub> e de 6,46% a 9,00% na geração F<sub>3</sub>), isto é, o intercruzamento na população retrocruzada resultou em uma resposta à seleção maior devido, evidentemente, ao aumento da variância aditiva entre as progênies (Tabela 1). Este acréscimo, traduzido em produtividade, corresponde a 59 kg.ha<sup>-1</sup> no primeiro caso e 81 kg.ha<sup>-1</sup> no segundo caso, o que é um aumento considerável, considerando-se apenas um ciclo de seleção.

Os resultados deste trabalho permitem inferir, portanto, que o uso de uma geração de intercruzamento se traduz em aumento da variabilidade genética e, conseqüentemente, da resposta à seleção, ao contrário do que postularam Arbelbide e Bernardo (2004). Entretanto, estes autores trabalharam com milho, onde as avaliações são feitas em cruzamentos com um testador (testecrosses), que pode mascarar os aumentos de variabilidade obtidos nas linhagens.

Por outro lado, tem-se que considerar que uma geração de intercruzamento aumenta o tempo para completar um ciclo, além dos gastos adicionais com mão de obra. Portanto, compete ao melhorista analisar a relação benefício/custo e decidir pela realização de um intercruzamento ou não, considerando ainda que em algumas espécies isso não é muito simples, como é o caso da soja, devido às particularidades da biologia floral. No presente trabalho pode-se verificar que a recombinação exigiu um aumento de 25% no tempo para completar um ciclo, mas resultou em aumento de 38% na resposta à seleção, o que aparenta ser uma relação benefício/custo positiva. Além disso, esta relação pode ser melhorada, caso o programa tenha facilidades que permitam a condução de mais de uma geração por ano, como casas de vegetação climatizadas.

Evidentemente, estes resultados correspondem à avaliação de apenas uma população. Seria importante a realização deste tipo de estudo em outras populações, a fim de comparar os resultados obtidos no presente trabalho e obter resultados mais consistentes.

### Agradecimentos

Ao CNPq e à Capes, pelas bolsas de doutorado e pela bolsa de pesquisador (IOG) e aos funcionários Fernandes de Araújo e Gustavo Alexandre Perina, pelo auxílio na condução do trabalho.

### Referências

Aberbilde M and Bernardo R (2004) Random mating before selfing in maize BC<sub>1</sub> populations. **Crop Science** 44: 401-404.

Altman DW and Busch RH (1984) Random intermating before selection in spring wheat. **Crop Science** 24: 1085-1089.

Bernardo R (2010) **Breeding for quantitative traits in plants**. Stema Press, Woodbury, 369p.

Burdick RK and Graybill FA (1992) **Confidence intervals on variance components**. Marcel Dekker, New York, 211 p.

Colombari Filho JM, Geraldi IO and BARONA MAA (2010) Heterose e distâncias genéticas moleculares para a produção de grãos em soja. **Ciência e Agrotecnologia** 34: 940-945.

Hallauer AR, Carena MJ and Miranda Filho JB (2010) **Quantitative genetics in maize breeding**. Springer, New York, 663p.

Hoffbeck MD et al. (1995) Backcrossing and intermating in an exotic x adapted cross of maize. **Crop Science** 35: 1359-1364.

Kearsey MJ and POONI HS (1996) **The genetical analysis of quantitative traits**. Chapman & Hall, London, 381p.

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