

POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES DE ARROZ IRRIGADO AVALIADO POR MEIO DE SEUS PARÂMETROS GENÉTICOS

Paulo Henrique Ramos Guimarães¹, Odilon Peixoto de Morais Júnior², Orlando Peixoto de Morais³, Ariano Martins de Magalhães Jr.⁴, Paulo Roberto Reis Fagundes⁴, José Manoel Colombari Filho³, Paula Pereira Torga³, Patrícia Guimarães Santos Melo⁵, Alcides Cristiano Morais Severo⁶, Jerry Adriani Cordeiro de Souza⁷

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., caracteres quantitativos, variabilidade genética.

INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um alimento básico para aproximadamente metade da população mundial. No Brasil, juntamente com o feijão, desempenha importante papel como componente da cesta básica, sendo essencial nos estratos mais carentes da população (Ferreira et al., 2005). A maior parcela da produção de arroz do país é proveniente do ecossistema de várzeas, onde a orizicultura irrigada é responsável por cerca de 78% da produção nacional, com destaque para o Rio Grande do Sul e Santa Catarina, sendo estes considerados estabilizadores da safra nacional, uma vez que não são tão dependentes das condições climáticas como no caso do cultivo de terras altas (Maranhão e Mato Grosso) (Guimarães et al., 2006; Arroz, 2011).

O melhoramento genético tem sido bastante importante para o desenvolvimento desta cultura, tanto no aumento da produtividade, como na melhoria da qualidade de grãos (Castro et al., 2005). Após a substituição das cultivares tradicionais, no final da década de 1970, tem-se verificado que, apesar de todo o esforço despendido na condução dos programas de melhoramento de arroz irrigado, os ganhos genéticos, principalmente quanto à produtividade, quando obtidos, são de pequena magnitude. Estes são derivados de modo geral do aumento no uso de insumos e de tecnologia, do que, do crescimento do potencial produtivo das cultivares (Santos et al., 1999; Rangel et al., 2000).

Nesse sentido, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de populações em melhoramento é fundamental para avaliar o potencial destas populações como fontes para extração de linhagens capazes de romper essa tendência de estagnação dos ganhos genéticos em produção de grãos. Essas estimativas permitem identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento, para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de adequada base genética (Cruz & Carneiro, 2006). O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de progênies $F_{2.4}$ de arroz irrigado por meio das estimativas de seus parâmetros genéticos e fenotípicos.

MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi conduzido durante o ano agrícola de 2012/2013, em Alegrete, e Capão do Leão, RS. Foram avaliadas 163 progênies $F_{2.4}$ de arroz irrigado e três testemunhas: BR IRGA 417, BR IRGA 409 e BRS Pampa. O delineamento experimental utilizado foi em blocos aumentados de Federer (BAF), com três repetições por local. Cada parcela constituiu-se de quatro linhas de 5,0 m e espaçamento de 0,17 m entre linhas em que a área útil foi constituída pelos 4 m centrais das duas linhas internas (1,36 m² de área útil).

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas - EA/UFG, Universidade Federal de Goiás. Goiânia, GO, CEP 74001-970. E-mail: paulohenrique@hotmial.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 Pesquisadores Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Cx.P. 403, CEP 96010-971.

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

⁶ Assistente de pesquisa Embrapa Clima Temperado. Pelotas, RS, Cx.P. 403, CEP 96010-971.

⁷ Assistente de pesquisa Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás, GO, Cx.P. 179, CEP 75375-000.

Foram avaliados os caracteres produção de grãos (PG, kg ha⁻¹), dias de florescimento (DF, dias) e altura de planta (AP, cm). As análises foram realizadas conforme o modelo: $Y_{ijklm} = \mu + l_i + r_j + b_{k/j} + t_m + g_{i/m} + tl_{ml} + e_{ijklm}$, em que: Y_{ijklm} : é a observação do genótipo i , no bloco k da repetição j no local l , pertencente ao tipo m ; μ : é a média geral; l_i : é o efeito de local l , sendo $l = 1, 2$; r_j : é o efeito da repetição j ; $b_{k/j}$: é o efeito do bloco k dentro da repetição j no local l , sendo $j = 1, 2, \dots, 7$; t_m : é o efeito do tipo m , sendo $m = 1, 2$; $g_{i/m}$: é o efeito de genótipo (progênes ou testemunhas), sendo $i = 1, 2, \dots, p, p + 1, p + 2, \dots, p + t$; sendo p o número de progênes e t o número de testemunhas; tl_{ml} : é o efeito da interação do tipo m e locais l ; e e_{ijklm} : é efeito do erro experimental associado à $ijklm$ -ésima observação, assumindo-se $e_{ijklm} \cap \text{NID}(0, \sigma^2)$.

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos conforme Vencovsky & Barriga (1992): variância genotípica de progênes ($\hat{\sigma}_g^2$), variância fenotípica entre médias de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), variância da interação progênes x locais ($\hat{\sigma}_{li}^2$), variância do erro entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2), coeficiente de variação genético entre as médias de progênes (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), índice de variação b e acurácia seletiva AS . Foi estimado o ganho por seleção (GS) indireto em AP e DF, pela seleção em PG com a utilização de uma intensidade de seleção de 20%. As médias (progênes selecionadas, PS, progênes descartadas, PD, e testemunhas, Test) foram comparadas pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$). As análises estatísticas necessárias para a estimação dos parâmetros do modelo e de seus erros associados foram realizadas, considerando $l_i, r_j, b_{k/j}, t_m$ e tl_{ml} de efeito fixo. As análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo SAS para Windows versão 9.2 (Statistical Analysis System - SAS Institute, 2012), via proc *glm*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferenças significativas entre tipo e tratamentos genéticos dentro de tipo para os caracteres AP, PG e DF ($p \leq 0,01$), indicando que as progênes e testemunhas apresentaram comportamento diferenciado para estes caracteres. Isto constitui evidência de que as progênes em estudo apresentam-se variáveis em relação a tais caracteres (Tabela 1).

Tabela 1. Resumo da análise de variância dos caracteres altura de plantas (AP, cm), produção de grãos (PG, kg ha⁻¹) e dias para florescimento (DF, dias).

FV	GL	QM		
		AP ¹	PG	DF
Local	1(-) ¹	-	157.736.096**	815,9**
Repetição	2	520,8**	29.544.131**	55,7**
Bloco (Local * Repetição)	18	259,7**	4.043.458*	102,7**
Tipo	1	183,6**	103.195.693**	69,5**
Progênie (Tipo)	162	62,9**	6.225.070**	221,6**
Testemunha (Tipo)	2	1.523,4**	31.488.420**	761,2**
Local * Tipo	1(-) ¹	-	5.173.074 ^{ns}	150,8**
Resíduo	351	16,2	1.789.638	10,5

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

¹AP foi avaliada apenas em Alegrete, RS

Verificou-se que os CV_e obtidos para AP, PG e DF foram baixos, mostrando boa precisão na condução e obtenção das estimativas das variáveis de interesse. Os caracteres AP, PG e DF apresentaram altas estimativas de herdabilidade. Assim, espera-se obter maiores progressos por seleção para estes caracteres. Segundo Cruz (2012), quanto maior a herdabilidade, maior o ganho genético por seleção. O aumento desta, em um caráter pode ser obtido por meio da incorporação de maior variabilidade genética na população ou pela minimização da influência ambiental sobre o caráter. As estimativas de acurácia para todos os caracteres avaliados foram superiores a 0,80. Segundo Resende & Duarte (2007), este

fato evidencia que os valores genotípicos preditos pelas médias ajustadas estão próximos dos respectivos valores verdadeiros (Tabela 2).

Quando se avaliam as estimativas do índice b , observa-se, no entanto, que somente AP e DF, apresentaram valores maiores que a unidade ($b > 1$ é indicativo de situação muito favorável à seleção), correspondente às maiores estimativas de \hat{h}_a^2 . Vencovsky & Barriga (1992) ressaltam a importância do uso do parâmetro índice de variação b como forma de contornar a limitação imposta pelo CV_g e auxiliar nas inferências realizadas com base na herdabilidade. O índice de variação b , corresponde à relação entre CV_g e CV_e , ou seja, quantifica a proporção da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental, livre do efeito da média (Tabela 2). As estimativas do CV_g indicam que, de certa forma, há presença de variabilidade genética entre as progênies avaliadas, o que possibilita a obtenção de ganhos por seleção, mesmo em caracteres complexos como a produção de grãos (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres altura de plantas (AP, cm), produção de grãos (PG, kg ha⁻¹) e dias de florescimento (DF, dias); e médias desses caracteres para os grupos de progênies selecionadas (PS), progênies descartadas (PD) e testemunhas (Test).

Estimativas	AP	PG	DF
$\hat{\sigma}_g^2$	16,6	186.023	12,4
$\hat{\sigma}_F^2$	22,4	1.100.769	38,8
$\hat{\sigma}_e^2$	5,8	316.459	1,8
$\hat{\sigma}_{il}^2$	-	598.288	24,5
CV_e	2,4	7,19	1,6
AS	0,9	0,84	0,98
CV_g	4,0	5,51	4,1
b	1,7	0,77	2,6
\hat{h}_a^2	74,2	71,25	95,2
DS_d^1	-	2.058	-
GS_d^2	-	1.467	-
DS_i^3	-0,4	-	-0,01
GS_i^4	-0,3	-	-0,0042
Média PS	101,1 b	9.020 a	85,9 a
Média PD	101,3 b	7.386 c	86,0 a
Média Test	103,0 a	8.678 b	85,2 a
BR IRGA 409	112,6 a	8.417 b	90,0 a
IRGA 417	96,2 c	7.972 b	82,0 c
BRS Pampa	100,3 b	9.644 a	83,5 b
Média geral	101,44	7.820,58	85,84

¹ Diferencial de seleção direto, onde $DS_d = X_s - X_0$, onde X_s é a média do caráter no subconjunto selecionado; X_0 é a média da população; ² Ganho de seleção direto, onde $GS_d = DS_d * h_a$; ³ Diferencial de seleção indireto, onde $DS_i = X_i - X_0$, onde X_i é a média do caráter no subconjunto com maiores valores de PG; ⁴ Ganho de seleção indireto, onde $GS_i = DS_i * h_a$; médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Com a seleção praticada apenas para PG, houve GS para AP e DF. Apesar da baixa magnitude do ganho indireto, este foi considerado satisfatório, porque ocorreu no sentido desejado e a população quando comparada com as testemunhas já se encontra numa situação favorável. As progênies selecionadas são, em média, ligeiramente mais baixas do que as testemunhas e, em relação a essas, tem duração de ciclo similar. Convém ainda, salientar que são progênies segregantes, e ainda podem-se conseguir progressos para esses caracteres com a seleção de linhagens nessas progênies. O GS direto para PG foi da ordem de 1.466,6 kg ha⁻¹.

Observando a média de PS percebe-se que estas diferem estatisticamente das testemunhas, sendo mais produtivas e com menor AP, e com médias de DF similares. No

estudo foi possível observar a superioridade da cultivar BRS Pampa em relação às outras testemunhas utilizadas, quanto à produção de grãos.

CONCLUSÃO

- 1) O conjunto das 33 linhagens (20% do total avaliado) mais produtivas do Ensaio de Rendimento de Famílias de Arroz Irrigado para a Região Subtropical de 2012/13 supera significativamente, quanto à produção de grãos, o grupo de cultivares testemunhas, constituído pela BRS IRGA 409, IRGA 417 e BRS Pampa.
- 2) As progêneses $F_{2,4}$ mais produtivas, componente do Ensaio de Rendimento de Famílias de Arroz Irrigado para a Região Subtropical de 2012/13, são promissoras como fonte de novas cultivares, por combinarem alta produtividade *per se* com bom nível de variabilidade genética.
- 3) A BRS Pampa confirma sua excelente capacidade de produção de grãos, superando significativamente as duas outras testemunhas, BR IRGA 409 e IRGA 417.

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

- ARROZ: dados conjunturais da produção de arroz (*Oryza sativa* L.) no Brasil: 1986 a 2010. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/apps/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: out. 2011.
- CASTRO, E. M.; BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAES, O. P. Melhoria do arroz. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Ed. UFV, 2005. p. 103-140.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2012. 394 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2. 2 ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.
- FERREIRA, C. M.; PINHEIRO, B. S.; MORAIS, O. P. **Qualidade do arroz no Brasil: evolução e padronização**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005, 61 p.
- GUIMARÃES, C. M.; SANTOS, A. B.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; STONE, L. F. Sistemas de cultivo. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. (Ed.). **A cultura do arroz no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p. 53-96.
- RANGEL, P. H. N. et al. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 25, p. 1595-1604, 2000.
- RESENDE, M. D. V. D.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- SANTOS, P. G. et al. Avaliação do progresso genético obtido em 22 anos no melhoramento do arroz irrigado em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 10, p. 1889-1896, 1999.
- SAS Institute. **SAS Technical report SAS/STAT Software**. Cary Nc: SAS Institute, 2012.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.