

Introdução de novos alelos na CG2, população de arroz de Terras Altas

Orlando Peixoto de Moraes¹; Emílio da Maia de Castro¹, Altevir de Matos Lopes², Marley Marico Utumi³ e Péricles de Carvalho Ferreira Neves¹

Introdução

No início da década de 1990, a Embrapa reorganizou seu programa de melhoramento genético do arroz de terras altas, centrando-o no uso sistemático do procedimento de seleção recorrente, visando o desenvolvimento de populações promissoras para a extração de linhagens candidatas a cultivar. Para isto foram sintetizadas seis populações, utilizando-se genitores então disponíveis no País. Estas populações, após um a dois ciclos de seleção massal estratificada, vêm sendo submetido a um esquema previamente estabelecido de seleção fundamentada em informações de famílias $S_{0,2}$, obtidas em ensaios conduzidos em quatro a cinco locais representativos das principais regiões produtoras de arroz de terras altas do país. Detalhes de todas as avaliações e do cronograma de exploração de cada população são fornecidas por Moraes et al. [1] e Castro et al. [2]. Como a variabilidade genética diminui com os sucessivos ciclos de seleção [3], previu-se a introdução de alelos novos nestas populações, cuja conveniência é monitorada por procedimentos descritos por Moraes et al. [1]. Uma das seis populações de arroz de terras altas sob melhoramento genético por seleção recorrente é a CG2, que se encontra em seu quarto ciclo de seleção para produtividade de grãos e outras características de interesse. Foi sintetizada, conforme MORAIS et al. [4], a partir de 59 genitores oriundos dos programas de melhoramento de arroz da Embrapa (58%) e do CIAT (42%).

Este trabalho objetiva avaliar a conveniência da introdução, nesta população, de alelos oriundos de onze linhagens adicionais, candidata a genitor, fornecidas pelo International Rice Research Institute.

Material e métodos

Durante a recombinação das famílias $S_{0,2}$ selecionadas no segundo ciclo de seleção da CG2, onze linhagens oriundas do Ensaio Internacional de Arroz de Terras Altas, Yunlu 7, YN1906-UUL, TB6772, TB161, B8503, B6772, B6149, BR 4772, BR5943, IR6907 e IR66417, foram cruzadas com a população, originando famílias de meio irmãos (MI). Estas famílias, na geração F3, foram incorporadas nos ensaios de avaliação de rendimento das famílias $S_{0,2}$ do terceiro ciclo de seleção da CG2, conduzidos, em 2003/04, em Santo Antônio de Goiás (GO), Goianira (GO), Sinop (MT), Vilhena (RO) e Paragominas (PA). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados de Federer, BAF

[5]. Como tratamentos comuns entre os blocos, utilizaram-se quatro testemunhas elites, BRS Bonança, Cirad 141, Maravilha e BRS Talento. As seguintes características foram avaliadas: produtividade de grãos, número de dias para a floração média, altura de planta e incidência de acamamento e das doenças brusone-das-folhas, brusone-das-panículas, mancha parda, escaldadura e mancha-de-grãos.

Especificamente para a avaliação do desempenho das 11 famílias MI, a análise e estatística foi implementada criando 14 grupos de tratamentos: G1- cultivares testemunhas; G2- famílias $S_{0,2}$ selecionadas para recombinação; G3- famílias $S_{0,2}$ eliminadas; G4 a G14 - correspondentes as 11 famílias MI.

A conveniência da introdução de uma determinada linhagem como genitor adicional da CG2 foi avaliada pelo comportamento per si da família MI correspondente e pela estimativa de sua capacidade de combinação com a população.

A estimação da capacidade geral de combinação da linhagem i , candidata a novo genitor, com a população CG2 foi feita adotando o seguinte modelo: $y_i = \mu + g_i + e_i$, onde y_i corresponde à média ajustada da família MI correspondente a linhagem i como genitora comum; μ , constante associada a todas as observações y_i ; g_i , capacidade geral de combinação da linhagem i com a população; e e_i , erro relativo observação y_i . Como os erros e_i não eram homogêneos nem ortogonais, os cálculos foram efetuados adotando a metodologia de Silva et al. [6] e empregando o procedimento “álgebra de matrizes” do programa Genes da Universidade Federal de Viçosa, cuidando-se de proceder as adaptações necessárias, especialmente as relativas à matriz X e às restrições lógicas, correspondentes a cortes convenientes no espaço das soluções.

Resultados e discussão

Na Tabela 1 estão alistadas as estimativas de médias das características avaliadas, para os grupos de tratamentos testemunhas, famílias $S_{0,2}$ selecionadas, famílias $S_{0,2}$ eliminadas e das 11 famílias MI, oriundas do cruzamento das linhagens candidatas com a população CG2. Com exceção de duas famílias MI, Yunlu 7/CG2 e de IR6907/CG2, todas as demais produziram menos que o conjunto das 47 famílias $S_{0,2}$ selecionadas, sendo similares ao grupo eliminado ou menos produtivas que este. Isto, por si, já indica que as linhagens candidatas, que as originaram, não devem contribuir com alelos adicionais favoráveis para produtividade de grãos, ao contrário da Yunlu7 e IR6907 que se revelam promissoras, por este indicador

Os resultados da Tabela 1 indicam também que a incorporação dos descendentes de Yunlu 7 e IR6907 na CG2

²Pesquisador, Dr., Embrapa Amazônia Oriental, Caixa Postal 48, Belém, PA, CEP 66095-100. E-mail: altevir@cpatu.embrapa.br

³Pesquisador, Dr., Embrapa Rondônia, Caixa Postal 406, Porto Velho, RO, CEP 78900-970. E-mail: marleyutumi@netview.com.br

deverá contribuir com alelos para aumento da altura de planta, de maior incidência de acamamento e, em menor intensidade, no aumento da suscetibilidade à mancha parda e à brusone no pescoço. Exigir-se-á, por tanto, um esforço adicional de seleção em sentido contrário nos futuros ciclos de seleção. Estes impactos negativos deverão ser, contudo, de pequena monta, pois as duas linhagens passarão a integrar apenas cerca de 1% do conjunto gênico da nova população.

As estimativas da capacidade geral de combinação (\hat{g}) de cada uma das 11 linhagens candidatas a genitor adicional da CG2, com seus respectivos desvios-padrão e níveis de significância estão alistados na Tabela 2. Como se observa, a estimativa de média ($\hat{\mu} = 2356 \text{ kg/ha}$) de todas as famílias MI é cerca de 10% inferior à média da CG2. Apenas as duas linhagens, a Yunlu 7, de origem chinesa, e a IR6908, do IRRI, apresentaram estimativas de g positivas e de magnitude suficientemente alta para descartar a hipótese de nulidade ($p < 0,05$). Estas duas linhagens são de origens bem diversas entre si e dos genitores originais da CG2, o que constituem um dos indicadores adicionais de divergência genética [7].

Para efetivar a incorporação da Yunlu7 e da IR6908, as duas famílias MI delas derivadas foram reunidas com as 47 famílias S0:2 selecionadas e todas inter cruzadas, para constituir a população-base do quarto ciclo de seleção da CG2. Neste inter cruzamento, como nos anteriores, cada uma das 49 famílias foram cruzadas, durante o segundo semestre de 2004, com oito outras famílias (quatro vezes como pai e quatro vezes como mãe), utilizando o esquema de dialelo circulante que é detalhado por CRUZ & REGAZZI [8].

Conclusões

Se as 11 linhagens, Yunlu 7, YN1906-UUL, TB6772, TB161, B8503, B6772, B6149, BR 4772, BR5943, IR6907 e IR66417, selecionadas do Ensaio Internacional de Arroz de Terras Altas, fossem introduzidas na população CG2, seu desempenho quanto à produção, à resistência ao acamamento e a doenças diminuiria.

Duas linhagens, a Yunlu 7 e a IR6907, apresentam alta capacidade de combinação com a CG2 e já se encontram incorporados à base genética da nova população.

As 49 famílias selecionadas com genitoras do quarto ciclo de seleção da CG2 são em média mais produtivas

que o conjunto das quatro cultivares elites utilizadas como testemunhas.

Referências

- [1]. MORAIS, O P.; CASTRO, E. M.; SANT'ANA, E. P. Selección recurrente en arroz de Secano en Brasil. In: Guimarães, El P. (Ed.) **Selección recurrente en arroz**. Cali, Colombia: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. P. 99-118.
- [2]. CASTRO, E. M.; MORAIS, O P.; SANT'ANA, E. P.; BRESEGHELLO, F.; MOURA NETO, F. P. Mejoramiento poblacional de arroz de tierras altas en Brasil. In: In: GUIMARÃES, E.P. (ed.) **Avances em el mejoramiento poblacional em arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 221-240.
- [3]. GERALDI, I. O. Selección recurrente en el mejoramiento de plants. In: E.P. Guimarães (ed.) **Selección recurrente en arroz**. Cali, Colombia: CIAT. 1997. pp. 3-12.
- [4]. MORAIS, O P.; CASTRO, E. M.; SANT'ANA, E. P.; MOURA NETO, F. P. Evaluación y selección de los progenitores: población CG2 de arroz de tierras altas. In: In: GUIMARÃES, E.P. (ed.) **Avances em el mejoramiento poblacional em arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 201-220.
- [5]. FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. Hawaii: **Plant. Rec.** 55:191-208, 1956
- [6]. SILVA, S. A. G. E.; MORAIS, O P.; RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. Método generalizado de análise de dialelos desbalanceados. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.35, n.10, p.1999-2005, 2000.
- [7]. OLIVEIRA, E. J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris L.*)**. Viçosa: UFV, 1989. 91 p. (Tese M. S.)
- [8]. CRUZ, C. D. & REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.
- [9]. COSTA, N. H. A. D.; SERAPHIM, J. C.; ZIMMERMANN, F. J. P. **Novos métodos de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas**. Pesq. Agropec. Bras., Brasília: v.37, n.3, p.243-249, 2002.
- [10]. EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (Goiânia, GO). **Manual de métodos de pesquisa em arroz**. Goiânia, 1977. 106p.

²Pesquisador, Dr., Embrapa Amazônia Oriental, Caixa Postal 48, Belém, PA, CEP 66095-100. E-mail: altevir@cpatu.embrapa.br

³Pesquisador, Dr., Embrapa Rondônia, Caixa Postal 406, Porto Velho, RO, CEP 78900-970. E-mail: marleyutumi@netview.com.br

Tabela 1. Estimativas¹ de produtividade de grãos (PROD, kg/ha), número de dias para a floração média (FLO), altura de planta (ALT, cm) e incidência² de acamamento (ACA), brusone nas folhas (BF), brusone nas panículas (BP), mancha parda (MP), escaldadura (ESC) e mancha de grãos (MG). Média ajustada dos cinco ensaios de avaliação de famílias da CG2. Ano agrícola 2003/04.

t	Grupo Genético	PROD	FLO	ALT	ACA	BF	BP	MP	ESC	MG
1	Testemunhas	2801bc	87,1a	96,9e	1,0e	2,1b	4,4b	2,3b	4,4a	2,5f
2	Fam.S _{0,2} Selecionadas	3040a	84,2c	104,1d	1,2e	1,6bcd	4,5b	2,2b	3,8b	2,5f
3	Fam.S _{0,2} Eliminadas	2474d	84,4c	104,1d	1,2e	1,7bc	4,9a	2,5a	4,7a	3,1e
4	Yunlu 7/CG2	3167ab	81,1def	116,1abc	3,5b	2,2b	4,3b	2,8a	4,3ab	2,1f
5	TB6772/CG2	2673bcd	82,5de	108,6cd	1,3de	1,1bcd	4,7ab	2,5ab	5,0a	3,6cde
6	B8503/CG2	2264def	83,0cd	120,9a	5,4a	2,3b	4,8ab	2,9a	4,6ab	6,0a
7	B6772/CG2	2193def	81,5def	112,7abc	0,9e	2,1bcd	4,6ab	3,1a	4,8ab	4,7bc
8	TB161/CG2	2547cd	84,8bc	111,1bc	2,2cd	0,6d	4,4ab	2,7a	4,3ab	5,3ab
9	B6149/CG2	2495cde	83,4cd	109,2bcd	2,7bc	1,2bcd	4,8ab	2,6ab	4,9a	4,1c
10	YN1906-UUL/CG2	1489g	83,0cd	117,4ab	1,0e	2,2bc	4,1b	2,7ab	4,7ab	3,8cde
11	BR4742/CG2	1932efg	79,4f	111,7bc	2,8bc	0,7cd	5,0ab	2,6ab	5,0ab	4,0cd
12	BR5943/CG2	1729fg	80,3ef	114,0abc	3,6b	2,0bc	5,0ab	2,3ab	4,8ab	4,2c
13	IR6907/CG2	3162ab	87,1ab	108,9bcd	2,0cd	1,6bcd	5,4a	2,4ab	4,4ab	2,8ef
14	IR66417/CG2	2271def	88,2a	112,0bc	1,0e	3,6a	5,2a	2,6ab	5,0a	3,1de
CV (%)		24,34	3,10	8,04	72,43	48,18	22,60	27,02	30,59	37,98
Classificação do CV [9]		Médio	Baixo	Alto	Médio	Médio	Médio	Médio	Médio	Médio

¹A variância dos contrastes entre médias seguidas pela mesma letra não é significativa pelo teste F, ao nível de 5% de probabilidade.

²Avaliadas por nota de 1 a 9 [10].

Tabela 2. Capacidade geral de combinação (\hat{g}) de 11 linhagens candidatas a genitor com a população CG2.

Linhagem candidata	$\hat{g} \pm$ desvio-padrão	Significância (t)
Yunlu 7	814,11 \pm 198,64	<0,001
TB6772	315,84 \pm 198,34	>0,100
B8503	-96,46 \pm 208,10	>0,100
B6772	-169,10 \pm 256,48	>0,100
TB161	193,79 \pm 187,51	>0,100
B6149	141,72 \pm 198,83	>0,100
YN1906-UUL	-871,90 \pm 226,09	<0,001
BR4742	-419,51 \pm 235,86	<0,100
BR5943	-633,92 \pm 219,55	<0,010
IR6907	811,37 \pm 200,42	<0,001
IR66417	-85,93 \pm 165,58	>0,100
$\hat{\mu} = 2356,14 \pm 66,20$		

²Pesquisador, Dr., Embrapa Amazônia Oriental, Caixa Postal 48, Belém, PA, CEP 66095-100. E-mail: altevir@cpatu.embrapa.br

³Pesquisador, Dr., Embrapa Rondônia, Caixa Postal 406, Porto Velho, RO, CEP 78900-970. E-mail: marleyutumi@netview.com.br