

CRUZAMENTOS DIALÉLICOS ENTRE 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, capacidade de combinação, 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 do grupo índica e 12 do grupo 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 a produção, determinando-se a heterose e seus componentes, para aumento dessa característica..

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho se concentrou no grupo índica 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

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.

cm entre linhas e 0,20 cm entre plantas totalizando 80 plantas pôr parcela. A colheita foi realizada nas 2 linhas centrais, deixando as plantas laterais como bordadura. Foi executada a contagem de plantas colhidas que variou de 34 a 38 plantas. Esse fato gerou a necessidade de ajuste de estande no momento da análise variância. Para análise dialélica dos dados o 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), $pq = 18$ (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	Cameroon
G24**m	LEBONNET	CNA0002442	USA
G25**m	GZ 944-5-2-2	CNA0003195	Egypt
G26**m	MOGAMI CHIKANARI	CNA0010433	Japan
G27**m	VITRO	CNA0006961	Italy
G28**m	WIR 5621	CNA0005853	Russia
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 ($p < 0,0001$) para genótipos, dentro do grupo 1 e 2, heterose total, média e heterose dentro do grupo 2. 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 não significância da fonte de variação que testa a diferença dos comportamentos médios dos dois grupos de parentais (G1 vs G2) reflete não haver variação no comportamento médio dos grupos entre si. A heterose específica sendo significativa mostra a diferença de comportamento entre os cruzamentos e a possibilidade de combinações favoráveis para extração de linhagens promissoras para produtividade. Isto atesta a importância dos efeitos da dominância no controle desse caráter, bem como a existência de divergência nas frequências alélicas entre grupos, no entanto, o grupo 1 por conter só duas cultivares nacionais como o esperado não foi significativo.

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 grupo 1, destaca-se o G20 (IRGA 417) e no grupo 2 o G22 (WU 10 B) seguido pelo G30 (RIZZOTO 159) o primeiro tem como origem a china e o segundo Portugal.(Tabela 3). Embora o G30 apresenta menor média de produção em relação ao G25 (GZ 944-5-2-2) e G30 esse genitor mostra maior divergência genética com o IRGA 417 nos locos favoráveis para produção. O material que apresentou maior divergência com a G21 BRS Formoso foi o G28 (WIR 5621). Em relação a capacidade geral de combinação, no grupo 2 destacou-se o G26 (MOGAMI CHIKANARI) de origem Japonesa.(Tabela 4).

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

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	p-valor
Genótipos	28	70261769	2509349	5,75	p<0001
Grupo 1	1	7061749	7061749	16,19	p<0001
Grupo 2	8	17770178	2221272	5,09	p<0001
Grupo 1 x Grupo 2	1	21759,57	21759,57	0,05	0,824
Heterose Total	18	45408083	2522671	5,78	p<0001
Heterose Média	1	15290420	15290420	35,05	p<0001
Heterose Grupo 1	1	401650,6	401650,6	0,92	0,342
Heterose Grupo 2	8	20905869	2613234	5,99	p<0001
Heterose Específica	8	8810143	1101268	2,52	0,021
Resíduo	51		43624,36		

Tabela 3, Matriz de médias de produção em dois grupos de acessos de arroz irrigado e suas combinações,

G1/G2	G22	G23	G24	G25	G26	G27	G28	G29	G30	Y_{i0}^2
G20	5072	6153	1806	3244	5322	3942	2903	5378	4347	4227
G21	1650	3092	2247	1769	5233	3097	3439	4878	1889	3176
Y_{0i}^2	3361	4622	2026	2507	5278	3519	3171	5128	3118	3702 ³

¹- G1 e G2: Genitores dos grupos de acessos da Coleção nuclear de arroz da Embrapa; ²- Y_{i0} 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}_{ij}), 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 produção em dois grupos de acessos de arroz irrigado e suas combinações,

G1/G2	G22	G23	G24	G25	G26	G27	G28	G29	G30	\hat{v}_i	\hat{h}_i	\hat{g}_i
G20	1107,1	926,5	-824,8	133,5	-559,6	-181,8	-872,0	-354,0	625,1	669,4	269,3	604,0
G21	-1107,1	-926,5	824,8	-133,5	559,6	181,8	872,0	354,0	-625,1	-669,4	-269,3	-604,0
\hat{v}_j	1813,5	-120,8	615,3	729,2	373,6	-443,1	-3570,8	-212,2	815,3	-	-	-
\hat{h}_j	-1182,4	1045,9	-1918,0	-1494,4	1454,3	104,2	1319,5	1597,1	-926,3	-	-	-
\hat{g}_j	-275,6	985,5	-1610,3	-1129,8	1641,1	-117,3	-465,9	1491,1	-518,7	-	-	-

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 produtividade.,
- 2- Há possibilidade de encontrar combinações alélicas favoráveis para produtividade 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,
- 4- A combinações mais promissoras para gerarem populações para a produtividade foram G20xG22 e G20xG23 (Brasil x China e Brasil x Camarão) o que pode indicar pela origem, grupos promissores para comporem o programa de cruzamentos.
- 5- Em relação a capacidade geral de combinação os genótipos G26 (MOGAMI CHIKANARI) e G29 (TOMOE MOCHI) origem japonesa destacaram-se.

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,