

Cruzamentos em Dialelo de Genótipos de Arroz Irrigado de Base Genética Ampla

João Antônio Mendonça¹, Tereza Cristina Oliveira Borba², Claudio Brondani³

Resumo

Este trabalho visa dar continuidade aos estudos conduzidos com a Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE). O ensaio foi um dialelo, envolvendo dezesseis genitores, que compõem uma Mine amostra da CNAE. Buscou-se a distância genética entre os genitores e a correlação com a heterose obtida nas variáveis medidas nos híbridos. Além da busca de combinações promissoras para o programa de melhoramento, visou-se também o entendimento do comportamento de cruzamentos de genótipos de base genética ampla. Procurou-se também encontrar combinações que sirva para estudos, nas diversas áreas acopladas ao melhoramento. Percebeu-se nos dados coletados o aumento da esterilidade de espiguetas em função da distância genética. Essa esterilidade correlacionou-se com a produtividade. A distância de Roger –W acima de 0,88 entre os genitores reduziu a probabilidade de encontrar heterose positiva para produtividade, influenciada pelo aumento da taxa de esterilidade. Das 120 combinações híbridas, 33 não diferiram das melhores testemunhas e dos melhores genitores pela produtividade, conforme o teste de Turkey ($p < 0,05$). Todos os genitores participaram de uma a oito vezes nesses 33 híbridos. Pelas características avaliadas nos híbridos há combinações de interesse, porém caracterizando os genótipos, muitas combinações nos Bancos de Germoplasma poderão ser exploradas. Assim o uso de dialelo torna se importante, e o cruzamento duplo pode ser uma opção na busca de combinações gênicas de interesse, para as diferentes áreas de pesquisa, com genitores de base genética ampla.

Introdução

O arroz (*Oryza sativa.L*) é a base da dieta e principal fonte de proteínas e carboidratos para mais da metade da população mundial, e sua importância relativa é mais evidenciada em países pobres e em desenvolvimento (Lee et al., 2011). O grande aumento do patamar produtivo da cultura do arroz ocorreu nos últimos quarenta anos graças à adoção das tecnologias derivadas da Revolução Verde. Na década de noventa, houve um estreitamento da base genética e redução nos ganhos em produtividade (Rangel 1996). Como forma de utilizar os acessos dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) foi estabelecida a CNAE, com a finalidade de representar a variabilidade genética presente no BAG (Abadie et al. 2005, Brondani et al. 2006).

A caracterização agrônômica e molecular dos 550 acessos componentes da CNAE permitiu conhecer a extensão da variabilidade genética dessa coleção. Os dados moleculares obtidos por 86 marcadores SSR (*simple sequence repeats*) fluorescentes foram utilizados para a montagem de uma sub-amostra, a Mini-CNAE, composta pelos 24 acessos com maior distância genética média, sendo 12 do sistema de cultivo de sequeiro e 12 do sistema de cultivo irrigado (Borba 2009a, Luice 2010). Dos doze acessos indica doze que compõem a Mine-CNAE e quatro outros acessos pertencentes à CNAE constituíram se um ensaio em dialelo (Mendonça 2011).

Dessa forma, o objetivo deste trabalho é avaliar a distância genética e correlacioná-la com a heterose obtida pelas variáveis medidas nos híbridos.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido nas dependências da Embrapa e Feijão, Fazenda Palmital, (latitude 16°26' S, longitude 49°17' W e altitude de 779 m), localizada na cidade de Goiânia,GO.

Neste trabalho foram avaliados os 16 genitores (Tabela 1), suas 120 combinações F_1 [$p(p-1)/2 = (16 \times 15)/2 = 120 F_1$'s] e oito testemunhas, totalizando 144 tratamentos.

O delineamento experimental utilizado foi Látice 12 x 12, com três repetições.

1 Técnico A– da Embrapa Arroz e Feijão– CNPAF– Embrapa Arroz e Feijão/Goiânia/GO.joao.mendonca@embrapa.br

2 Pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão – CNPAF– Embrapa Arroz e Feijão/Goiânia/GO. e-mail: tereza.borba@embrapa.br

3 Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão – CNPAF– Embrapa Arroz e Feijão/Goiânia/GO. e-mail: : claudio.brondani@embrapa.br

As parcelas foram constituídas por quatro linhas de quatro metros, com 80 plantas por parcela.

O espaçamento de 0,3m entre linhas e 0,2m entre plantas e 0,5m entre parcelas.

Colhendo as duas linhas centrais, deixando a primeira planta, ajustando a produção por número de plantas colhidas.

Os dados colhidos foram: Floração (FLO), Altura de plantas (ALT), Número de perfilhos (PERF), Número de panículas (PAN), Porcentagem de grãos cheios (%CHEIOS), Comprimento da panícula (PANCM), Número de espiguetas por panícula (ESP), Peso de 1000 grãos (PESO), Produtividade (PROD), transformados para (kg/há¹).

A ALT, PERF, PAN, %CHEIOS, PANCM, foram obtidos a partir de cinco plantas ou panículas, amostradas por parcela.

A Produtividade (PROD): peso dos grãos colhidos das plantas das duas linhas centrais, não considerando as plantas da bordadura, contado o número de plantas e ajustado o estande para 40 plantas por parcelas, correspondendo a 2,4 m². Em seguida transformado para kg/há¹.

Os dados de distância genética feita através de 86 marcadores SSR (Borba 2009a).

Tabela 1: Genitores que participaram dos cruzamentos dialelo irrigado com sua origem.

Trat		Código – BAG	Nome Cultivar	Origem
1	*	CNA0002293	KU 94-2	Tailândia
2	*	CNA0002416	LAC 12	Libéria
3	*	CNA0002258	KU 56-3	Tailândia
4	*	CNA0008229	Basmati 370	Índia
5	*	CNA0002672	NahngPaya 132	Tailândia
6	***	CNA0010675	IRGA 417	Brasil
7	***	CNA0007553	BRS Formoso	Brasil
8	*	CNA0005014	WU 10 B	China
9	*	CNA0002480	M 40	Camarões
10	*	CNA0002442	Lebonnet	USA
11	*	CNA0003195	GZ 944-5-2-2	Egito
12	*	CNA0010433	MogamiChikari	Japão
13	*	CNA0006961	Vitro	Itália
14	*	CNA0005853	WIR 5621	Rússia
15	**	CNA0010438	TomoeMochi	Japão
16	**	CNA0002871	Rizzoto 159	Portugal

* = pertencentes a Mini-CNAE, ** = genótipos acrescidos *** = Cultivares brasileiras.

Resultados e Discussão

A Mine-CNAE por ser uma amostra representativa da CNAE e possui genótipos originários dos cinco continentes, mostra a importância de ambas para estudos com a cultura do Arroz. A análise de variância mostrou ampla divergência entre os caracteres avaliados (Tabela 2). Para todos os tratamentos o $P < 0,01$. O delineamento em lâttice trouxe um aumento de eficiência da ordem de 18%, reduzindo o coeficiente de variação de 14,75 para 12,76.

Tabela 2: análise de variância das Variáveis observadas.

FV	GL	FLO	ALT	ACA	PERF	PAN	% CH	PANCM	NUMESP	PESO	PROD
REP.	2	294**	232**	10,3**	631**	878**	106*	4,65 *	3117,52**	10,18**	77483*
BL.(REP)	33	4,47 *	104**	0,95 *	214*	168*	28ns	2,17**	546,64ns	0,92ns	50505**
TRAT.	143	305**	931**	3,8**	986**	924**	1277**	29,01**	5387,97**	38,25**	342098**
RESÍDUO	253	2,62	35,64	0,63	125	110	32	1,19	403,94	0,69	19976
TOTAL	431										
CV%		1,76	4,96	36	16,74	16,28	7,45	4,29	11,24	2,75	12,76

Quadrado médio, ** p < 0,01, * p < 0,05, ns = não significativo a 5 % probabilidade. CV% = coeficiente de variação. Em relação à PROD GL total 419, resíduo 240 e QM da Regressão Linear 590913,63**.

Após a obtenção das médias de todos os tratamentos, estabeleceu-se a heterose (H) dos 120 híbridos (média F1-Média de seus genitores)/média genitores X 100. Os dados de distância genética de Rogers modificada por Wright (RW), entre os 120 híbridos variou de 0,55 a 0,95. De posse das duas matrizes buscou-se uma correlação, eliminando o problema de dependência entre os dados, a fim de avaliar a hipótese de dependência entre as matrizes. Foram usadas dez mil permutações, cujo resultado encontra-se na (Tabela 3). A correlação entre RW e heterose foi positiva e significativa para altura de plantas, número de espiguetas e porcentagens de panículas. Já para produtividade e porcentagem de grãos cheios foi negativa e elevada. A correlação negativa com porcentagem de grãos cheios pode ser explicada pela elevada distância genética entre os genitores. Essa baixa fertilidade dos híbridos fez com que a correlação entre RW e heterose para produtividade ficasse com coeficiente de correlação negativa. Quando correlaciona os dados brutos dos 120 híbridos entre a PROD e a %CH resultou $r = 0,84$ o que confirma essa conclusão.

Tabela 3: Correlação Matricial, através do teste de Mantel, entre a matriz de distância genética, e a matriz de heterose total obtida pela diferença entre a média dos genitores em relação aos valores do seu híbrido.

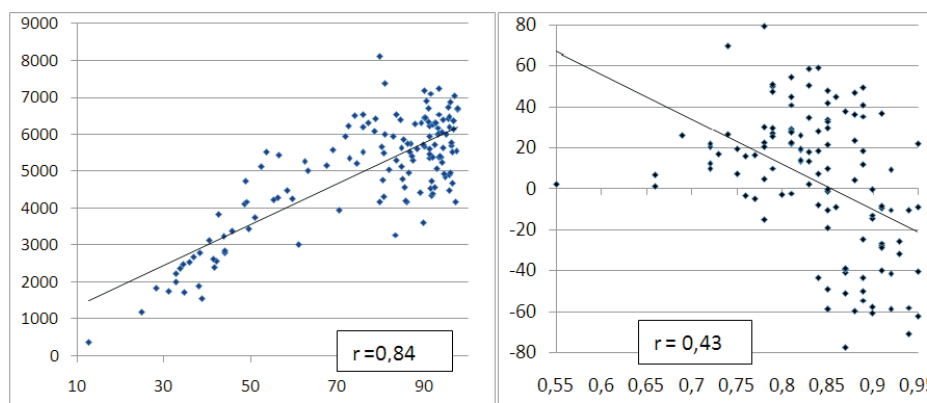
Variáveis	Nº dados	Coeficiente correlação
RW x heterose Floração	120	0,177
RW x heterose Altura	120	0,404 **
RW x heterose Perfilhos	120	-0,054
RW x heterose Panículas	120	-0,085
RW x heterose Porcentagem Grãos Cheios	119	-0,588 **
RW x heterose número de espiguetas	120	0,188 *
RW x heterose Comprimento panícula	120	0,237 **
RW x heterose Peso Grãos	120	0,091
RW x heterose Produtividade	120	-0,428 **

** , * Significativo a 1% e 5% pelo teste de Mantel, respectivamente.

Dos dados analisados, pôde-se fazer novo questionamento em relação aos híbridos simples de base ampla e seu comportamento em relação à produtividade. Já que o trabalho envolveu a distância RW 0,55 a 0,95. Pela Figura 1 observa-se a importância da %CH para o índice de produtividade. Destaca-se o híbrido que superou a produtividade de 8000 kg, cuja heterose foi de 19 por cento, obteve 80 por cento de grãos cheios e distância de RW de 0,72. Permite selecionar linhagens segregantes aumentando o índice de fertilidade sem perder o obtido na heterose.

Há uma distância limite para os cruzamentos. A Figura 2 mostra que a distância de RW acima de 0,88 reduz a probabilidade de encontrar heterose positiva para produtividade. Essa informação pode ser importante para os programas de arroz híbridos. RW acima de 0,88 reduz a probabilidade de encontrar combinações favoráveis. O híbrido obtido do cruzamento entre o genitor M40 x GZ944-5-2-2, cuja distância de RW foi

0,87, obteve PROD de 7233 e heterose de 37,85%. Esse cruzamento mostra a importância de explorar a CNAE e a possibilidade de combinar genes para diferentes características. Possibilita aumentar a frequência de genes favoráveis a uma determinada característica. A união de híbridos, pelo cruzamento duplo, unindo genes presentes em diferentes genitores divergentes, faz surgir novas populações com ampla base genética. Gerando uma nova alternativa na exploração, com a mesma população segregante, em diferentes ambientes.



1: % eixo x (%CH), eixo y (PROD)

Figura 2: eixo x:(RW), eixo y (H para PROD).

Referências

- ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; FONSECA, J. R.; ALVES, R. B. N.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. M.; SILVA, H. T.; FREIRE, M. S.; ZIMMERMANN, F. J. P.; MAGALHÃES, J. R. 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.O.; BRONDANI, R.P.V.; RANGEL, P.H.N.; BRONDANI, C. Microsatellite marker-mediated analysis of the Embrapa Rice Core Collection genetic diversity. **Genetica**, v.137, p.293-304, 2009a.
- BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, R. P. V.; BORBA, T. C. de O. ; MENDONÇA, J. A.; MOURA NETO, F. P. de; FRANCO, D. F.; UTUMI, M. M.; PEREIRA, J. A.; CORDEIRO, A. C. C.; FONSECA, J. R. **Coleção nuclear de arroz da Embrapa: caracterização agrônômica**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. 28 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 189).
- CRUZ, C.D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006
- <http://office.microsoft.com/pt-br/excel-help/tipos-de-graficos-disponiveis-HA001233737.aspx#BMcolumncharts> (disponível em 25/5/2012).
- LEE, I.; SEO, Y.S.; COLTRANE, D.; HWANG, S.; OH, T.; MARCOTTE, E.M.; RONALD, P.C. Genetic dissection of the biotic stress response using a genome-scale gene network for rice. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA**, v.108, p.18548-18553, 2011.
- LUICE, G. B. Caracterização agrônômica e molecular da coleção nuclear de arroz da Embrapa. 2010. 151 f. **TESE (doutorado)** Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2010.
- MENDONÇA, J.A. Cruzamento Dialélico de genótipos da mine coleção nuclear de arroz da Embrapa. 2011. 91 f. **Dissertação** (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2011.
- RANGEL, P. H. N.; GUIMARÃES, E. P.; NEVES, P. C. F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** Brasília: DF, v. 31, n. 5, p.349-357, maio 1996.