

CONTRIBUIÇÃO GENÉTICA DE DIFERENTES FONTES DE GERMOPLASMA DE ARROZ IRRIGADO NO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DO IRGA

[Daniel Arthur Gaklik Waldow¹, Oneides Antonio Avozaqi¹, Antonio Folgiarini de Rosso²; Gabriela de Magalhães da Fonseca², Danielle Almeida², Débora Favero²]

Palavras-chave: [Variabilidade genética, base genética, adaptabilidade, produtividade de grãos]

INTRODUÇÃO

[O Programa de Melhoramento Genético do IRGA (Instituto Rio Grandense do Arroz) lançou as primeiras cultivares de arroz para o Rio Grande do Sul (RS) na década de 60, com tipo de planta tradicional, porte alto, folhas largas e decumbentes. Nos anos 70, cultivares americanas foram introduzidas no RS com porte intermediário e melhor qualidade de grãos. Neste período, o CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) disponibilizou grande parte de seu germoplasma, com plantas de porte baixo e tipo de planta moderna. As primeiras cultivares de arroz lançadas para o Brasil, com tipo de planta moderna, BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410, em poucos anos, ocuparam o espaço das cultivares tradicionais e americanas cultivadas no RS (CARMONA, 2018).

A base genética dessas cultivares era 100% de linhagens do CIAT. Ao decorrer dos anos, os programas de melhoramento brasileiros passaram a realizar seus próprios cruzamentos com materiais do tipo moderno. Observou-se redução da contribuição genética do CIAT a partir da década de 90, com o lançamento da cultivar IRGA 417 (50% da genética CIAT). Além disso, foi utilizada maior diversidade de genitores nos cruzamentos para atender às condições climáticas da região, contribuindo para o fortalecimento dos programas de melhoramento que ficaram mais independentes do germoplasma CIAT (CRISPIM, et al., 2017).

A base genética das cultivares brasileira é considerada estreita, pois cerca de 70% do conjunto gênico de 110 cultivares é oriundo de 13 ancestrais comuns (RABELO, et al., 2015). Com o intuito de ampliar a variabilidade genética do programa e realizar intercâmbios de germoplasma, o IRGA tornou-se um dos sócios fundadores do FLAR (Fundo Latino Americano de Arroz Irrigado) em 1995. Atualmente, o IRGA utiliza diferentes fontes de germoplasma, principalmente linhagens FLAR como fonte de resistência à brusone, qualidade de grãos e tolerância a baixas temperaturas.

O objetivo deste trabalho foi estimar a contribuição genética de diferentes fontes de germoplasma utilizadas pelo Programa de Melhoramento Genético do IRGA na safra 2018/19 e mensurar a influência da seleção fenotípica nas gerações segregantes.]

MATERIAL E MÉTODOS

[Para o estudo foram utilizadas gerações segregantes do Programa de Melhoramento do IRGA da safra 2018/19 (F2, F3, F5 e F6) e linhagens que compõem ensaios de rendimento de grãos. Foi estimada a contribuição genética conforme Delannay et al. (1983), considerando fontes de germoplasma utilizadas nos cruzamentos, como: linhagens e cultivares desenvolvidas pelo IRGA, linhagens do FLAR, IRRI (Instituto Internacional de Pesquisa em Arroz) e CIAT, e cultivares da EPAGRI (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina) e INIA (Instituto Nacional de Investigação Agropecuária) do Uruguai. Para cruzamentos simples (A/B) a contribuição de cada fonte foi de 50% A e 50% B e para cruzamentos triplos (A/B//C) foi de 25% A,

¹ Engº Agrº, M. Sc., Instituto Rio Grandense do Arroz – IRGA. Av. Bonifácio C. Bernardes, 1494, CEP: 94930-030. Cachoeirinha, RS. E-mail: daniel-waldow@irga.rs.gov.br

² Engº Agrº, Dr., Instituto Rio Grandense do Arroz.

25% B e 50% C. Para este cálculo foi considerado o número de genótipos pertencentes ao mesmo cruzamento e a separação das diferentes fontes de germoplasma em cada cruzamento. Além disso, para avaliar o efeito de seleção nas populações segregantes, realizou-se a estimativa da contribuição genética antes e depois da seleção fenotípica.]

RESULTADOS E DISCUSSÃO

[Das 273 populações na geração F2, 94,1% apresentaram pelo menos um progenitor IRGA e 66,7%, uma fonte FLAR. Já a geração F3, composta por 477 famílias, 82,6% possuíam pelo menos um progenitor do IRGA e 62,9%, um progenitor do FLAR (Tabela 1). A maioria das fontes de germoplasma externos utilizados pelo IRGA é oriunda de linhagens FLAR, visando ampliar a variabilidade genética para características de interesse. As cultivares EPAGRI são fontes de resistência ao acamamento, adaptadas ao cultivo em sistema pré-germinado.

Tabela 1. Contribuição genética de diferentes fontes de germoplasma de arroz irrigado no número de famílias e de plantas selecionadas nas gerações F2 e F3 do programa de melhoramento do IRGA na safra 2018/19.

Segreg.	Cruz.	Fontes de Germoplasma	Antes da Seleção							Depois da Seleção							
			Famíl.		Contrib. Genét. (%)					Plts.		Contrib. Genét. (%)					Plts./
			Nº	(%)	IRGA	FLAR	EPAGRI	INIA	IRRI	Nº	(%)	IRGA	FLAR	EPAGRI	INIA	IRRI	Famíl.
Geração F2	Simples	FLAR / IRGA	138	50,5	25,3	25,3				1034	32,8	16,4	16,4				7,5
		IRGA / IRGA	54	19,8	19,8					578	18,3	18,3					10,7
		FLAR / EPAGRI	11	4,0		2,0	2,0			30	1,0		0,5	0,5			2,7
		FLAR / INIA	5	1,8		0,9		0,9		40	1,3		0,6		0,6		8,0
		IRGA / EPAGRI	3	1,1	0,5		0,5			29	0,9	0,5		0,5			9,7
		IRGA / IRRI	3	1,1	0,5				0,5	12	0,4	0,2				0,2	4,0
	Tripos	100% IRGA	24	8,8	8,8					669	21,2	21,2					27,9
		75% IRGA 25%FLAR	24	8,8	6,6	2,2				501	15,9	11,9	4,0				20,9
		50% IRGA 50% FLAR	7	2,6	1,3	1,3				190	6,0	3,0	3,0				27,1
		50% IRGA 25% FLAR 25% EPAGRI	3	1,1	0,5	0,3	0,3			59	1,9	0,9	0,5	0,5			19,7
		75% FLAR 25% IRGA	1	0,4	0,1	0,3				11	0,3	0,1	0,3				11,0
		TOTAL	273	100	63,5	32,2	2,8	0,9	0,5	3153	100	72,5	25,2	1,4	0,6	0,2	11,5
Geração F3	Simples	50% IRGA 50% FLAR	275	57,7	28,8	28,8				371	41,6	20,8	20,8				1,3
		100% IRGA	94	19,7	19,7					266	29,9	29,9					2,8
		100% FLAR	15	3,1		3,1				24	2,7		2,7				1,6
		50% FLAR 50% EPAGRI	10	2,1		1,0	1,0			6	0,7		0,3	0,3			0,6
	Tripos	75% IRGA 25% FLAR	83	17,4	13,1	4,4				224	25,1	18,9	6,3				2,7
	TOTAL	477	100	61,6	37,4	1,0	0,0	0,0	891	100	69,5	30,1	0,3	0,0	0,0	0,5	

Foram selecionadas 3153 plantas F2, com média de 11,5 plantas/cruzamento. Foram selecionadas mais plantas em cruzamentos triplos, média de 24,2 plantas/cruzamento, que em cruzamentos simples, média de 8,1 plantas/cruzamentos. A geração F3 apresentou média de 2,7 plantas/família em cruzamentos triplos e média de 1,7 plantas/família em cruzamentos simples (Tabela 1). Conforme ocorreu para as gerações F2 e F3, estes dados mostram que genótipos com maior número de combinações podem apresentar melhor adaptação a diferentes condições ambientais. Além disso, o IRGA prioriza utilizar como último progenitor no cruzamento triplo materiais mais adaptados, com o maior número de características positivas possíveis, contribuindo para uma maior seleção.

Considerando os cruzamentos simples nas gerações F2 e F3, foram selecionadas mais plantas por cruzamentos em genótipos IRGA/IRGA, com média de 10,7 e 2,8 plantas/família, respectivamente. Já para as combinações genéticas IRGA/FLAR, foram selecionadas uma média de 7,5 e 1,3 plantas/família, respectivamente. Devido à seleção de plantas ter sido maior nos genótipos com fontes de germoplasma adaptados, a contribuição genética do IRGA teve um incremento de 9,1%, passando a compor 72,5% da população F2 selecionada e um incremento de 7,9% passando a compor 69,5% da população F3 selecionada (Tabela 1). Possivelmente, esta

menor seleção em fontes de germoplasma estrangeiro, nas gerações F2 e F3, está relacionada com a má combinação entre linhagens mais divergentes, em comparação com materiais mais adaptados e geneticamente mais semelhantes como nos cruzamentos IRGA/IRGA. Por outro lado, cruzamentos mais divergentes são importantes para incrementar a variabilidade genética do programa já que estudos mostram que a base genética das cultivares brasileiras é estreita (RABELO, et al., 2015).

Anterior a seleção, as gerações F5 e F6 tinham 499 e 109 linhagens, respectivamente, das quais 100% possuíam pelo menos um progenitor IRGA e 86%, na F5, e 81%, na F6, continham pelo menos um genótipo FLAR. Sem considerar a seleção nas gerações F5 e F6, a contribuição genética do germoplasma IRGA foi de 71,4% e 78%, respectivamente, enquanto que a do FLAR foi de 28,6% e 19,7% (Tabela 2).

Tabela 2. Contribuição genética de diferentes fontes de germoplasma de arroz irrigado no número de linhagens selecionadas nas gerações F5 e F6 do programa de melhoramento do IRGA na safra 2018/19.

Segreg.	Cruz.	Fonte de Germoplasma	Antes da Seleção							Depois da Seleção							
			Linhag.		Contrib. Genét. (%)					Genót.		Contrib. Genét. (%)					Genót. /Linhag.
			Nº	%	IRGA	FLAR	EPAGRI	INIA	CIAT	Nº	%	IRGA	FLAR	EPAGRI			
F5	Triplos	75% IRGA 25% FLAR	358	71,7	53,8	17,9				270	66,8	50,1	16,7		0,8		
		100% IRGA	70	14,0	14,0				58	14,4	14,4			0,8			
		25% IRGA 75% FLAR	71	14,2	3,6	10,7			76	18,8	4,7	14,1		1,1			
		TOTAL	499	100	71,4	28,6	0,0	0,0	0,0	404	100	69,2	30,8	0,0	0,8		
F6	Triplos	75% IRGA 25% FLAR	78	71,6	53,7	17,9				58	65,2	48,9	16,3		0,7		
		100% IRGA	21	19,3	19,3				19	21,3	21,3			0,9			
		50% IRGA 25% FLAR 25% EPAGRI	8	7,3	3,7	1,8	1,8		10	11,2	5,6	2,8	2,8	1,3			
		75% IRGA 25% EPAGRI	2	1,8	1,4		0,5		2	2,2	1,7		0,6	1,0			
		TOTAL	109	100	78,0	19,7	2,3	0,0	0,0	89	100	77,5	19,1	3,4	0,8		
Ensaio	Triplos	100% IRGA	52	47,7	47,7												
		75% IRGA 25% FLAR	34	31,2	23,4	7,8											
		75% IRGA 25% CT	1	0,9	0,7			0,2									
		100% IRGA	16	14,7	14,7												
	Simples	50% IRGA 50% FLAR	4	3,7	1,8	1,8											
		50% IRGA 50% INIA	2	1,8	0,9			0,9									
		TOTAL	109	100	89,2	9,6	0,0	0,9	0,2								

O número de genótipos selecionados por linhagem variou de 0,7 a 1,3 nas gerações F5 e F6, comparadas às diferentes fontes de germoplasma no cruzamento. Na geração F5, a seleção fenotípica promoveu uma pequena redução e acréscimo (2,2%) na contribuição genética do IRGA, e do FLAR, respectivamente. Na geração F6 a seleção fenotípica causou pequena redução na contribuição genética do IRGA (0,5%) e do FLAR (0,6%) e um incremento na contribuição genética da EPAGRI (1,1%). Diferente do que ocorreu com as gerações F2 e F3, nas gerações F5 e F6 ocorreu pouca variação na contribuição genética antes e após a seleção (Tabela 2).

Nos ensaios de rendimento de grãos avaliou-se 109 linhagens, das quais 100% possuíam pelo menos um progenitor IRGA, 34,9% FLAR, 1,8% INIA e 0,9% CIAT. Considerando as linhagens avaliadas, a contribuição genética foi 89,2% IRGA, 9,6% FLAR, 0,9% INIA e 0,2% CIAT (Tabela 2).

Como a seleção das linhagens que permanecem em ensaios e dos genótipos que entrarão em ensaios na próxima safra só será realizada em agosto, os dados referentes à seleção não podem ser mostrados no presente momento. Porém, é possível comparar a geração F6 selecionada com os genótipos que estão em ensaios de rendimento nesta safra. Na geração F6 selecionada, a contribuição genética do IRGA foi de 77,5%, enquanto que nos ensaios foi de 89,2%, mostrando um incremento de 11,7% (Tabela 2). Este aumento significativo da contribuição genética do IRGA entre a geração F6 selecionada e os genótipos em ensaios de rendimento pode ser explicado pela seleção de genótipos com maior estabilidade de produtividade e mais adaptados às condições climáticas do RS.

O efeito da seleção fenotípica aumentou a contribuição genética do IRGA de 9,1% na F2 e 7,9% na F3 (Figura 1). Provavelmente, este incremento da contribuição genética do IRGA nas

primeiras gerações segregantes se deve a melhor combinação dos genitores IRGA/IRGA comparando com cruzamentos entre genótipos mais divergentes, como cruzamentos entre IRGA/FLAR. Por outro lado, este efeito da seleção fenotípica causou uma pequena redução na contribuição genética do IRGA de -2,2% na F5 e de -0,5% na F6 (Figura 1). Este menor efeito da seleção fenotípica nas gerações F5 e F6, comparado com F2 e F3, possivelmente ocorreu porque a eliminação de genótipos divergentes, que apresentavam má combinação, ocorreu em gerações segregantes iniciais e pouco apresentaram este efeito negativo nas gerações posteriores.

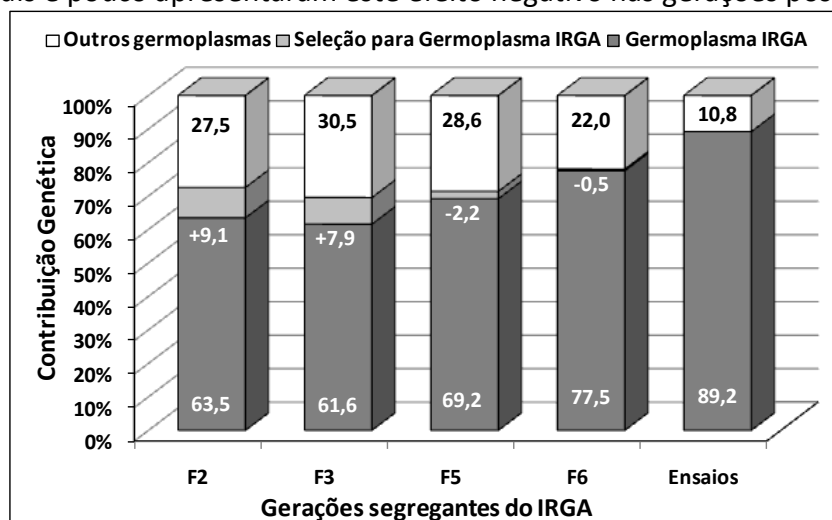


Figura 1. Contribuição genética de diferentes fontes de germoplasma de arroz irrigado e o efeito da seleção fenotípica para o germoplasma IRGA em populações segregantes do Programa do IRGA na safra 2018/19. IRGA / EEA, Cachoeirinha 2019.]

CONCLUSÃO

[A maior contribuição genética do Programa de Melhoramento Genético do IRGA são linhagens e cultivares do próprio programa, sua estimativa variou de 61,2% a 89,2%, dependendo da geração segregante considerada. A segunda maior contribuição genética do programa foram linhagens FLAR, variando de 9,6% a 37,4%, e a terceira foram cultivares da EPAGRI, com estimativa de 0,0% a 3,4%.

Ao longo das gerações segregantes, há aumento na contribuição genética de linhagens e cultivares do IRGA e redução na contribuição genética de outras fontes de germoplasma devido à seleção fenotípica em cada geração segregante.

Nas gerações iniciais F2 e F3, o efeito de seleção fenotípica reduziu a contribuição genética de outras fontes de germoplasma. Nas gerações F5 e F6, o efeito da seleção fenotípica foi pequeno, apresentando pouca oscilação na contribuição genética estimada.]

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [CARMONA, P. S. **A história da orizicultura do Rio Grande do Sul: Alguns eventos marcantes**. Porto Alegre: IRGA, 2018. 38 p.
- CRISPIM, B. C. F.; ABREU, A. G.; COLOMBARI FILHO, J. M.; GUIMARÃES, E. P.; DIANESE, E. C.; RANGEL, P. H. N. Participação de germoplasma do CIAT na base genética de cultivares de arroz irrigado do Brasil. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 10., 2017, Gramado. **Resultados experimentais...** Gramado: IRGA, 2017.
- DELANNAY, D. M.; RODGERS, D. M.; PALMER, R. G. Relative genetic contribution among ancestral lines to North American soybean cultivars. **Crop Science**, v. 23, p. 944-949, 1983.
- RABELO, H. O.; GUIMARÃES, J. F. R.; PINHEIRO, J. B.; SILVA, E. F. Genetic base of Brazilian irrigated rice cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 146-153, 2015.]