

CORRELAÇÃO ENTRE DISTÂNCIA GENÉTICA E HETEROSE PARA COMPRIMENTO DE PANÍCULA POR CRUZAMENTO DIALÉLICO ENTRE ACESSOS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) DE BASE GENÉTICA AMPLA

João Antônio Mendonça¹; Daniel Pettersen Custódio²; Leandro Barbosa Pimenta³; Cláudio Brondani⁴;

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., dialelo, heterose, distância genética.

INTRODUÇÃO

Rangel et al. (1996) analisaram a genealogia de 42 cultivares de arroz irrigado recomendadas para cultivo em todo o Brasil entre os anos de 1980 e 1992, e verificaram que apenas 10 ancestrais contribuíram com 68% do conjunto gênico destas cultivares. Estes números contrastam com o número de acessos armazenados em bancos de germoplasma de arroz no Brasil (em torno de 14.000 acessos) ou do IRRRI (em torno de 110.000 acessos), e que podem ser utilizados por programas de melhoramento para ampliar a base genética do arroz cultivado, tornando-o menos suscetível a estresses bióticos e abióticos.

Diante do grande número de acessos armazenados e pensando em uma forma objetiva de caracterizar estes recursos genéticos, Frankel (1984) idealizou a formação de coleções nucleares (core collections), que é uma amostra representativa da variabilidade genética das coleções completas dos Bancos de Germoplasma.

Após um estudo detalhado baseado em descritores morfo-agronômicos, em 2002 foi lançada a Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), que é composta por 550 acessos (Abadie et al., 2005). Entre 2004 e 2007 foi realizada uma caracterização fenotípica dessa coleção. Os genótipos foram avaliados em diferentes regiões geográficas sob os sistemas de cultivo de terras altas e irrigado nas regiões tropical e subtropical. A CNAE também foi caracterizada por 86 marcadores SSR (Borba et al., 2009). A partir desses dados moleculares, foram selecionados os 24 genótipos mais divergentes geneticamente, 12 acessos pertencentes à subespécie *indica* e 12 pertencentes à subespécie *japônica*, os quais compõem a Mini-CNAE.

A produtividade é, em parte, reflexo das outras variáveis analisadas. Em arroz, são considerados os caracteres peso de 1000 grãos, comprimento de panícula, e número de panículas por metro como os componentes da produção (PENG et al., 1999)

Os cruzamentos dialélicos entre 12 acessos da Mini-CNAE subespécie *indica* e 4 outros acessos da CNAE (tabela 1) permitiram obter populações de ampla base genética para uso do melhoramento. O objetivo desse trabalho foi correlacionar os dados de distância genética de Rogers modificada por Wright e a heterose observada no caractere comprimento de panícula, um dos componentes de produtividade do arroz, dos 120 híbridos obtidos nesses cruzamentos.

MATERIAL E MÉTODOS

O material em estudo foi composto por 16 genitores (Tabela 1), 120 F1's e 8 testemunhas, totalizando 144 tratamentos com 3 repetições por tratamento. O delineamento experimental foi o látice 12x12 com três repetições. Cada parcela foi composta por quatro linhas de quatro metros, 0,30 centímetros entre linhas e 0,20

¹ Biólogo, Assistente de Pesquisa, Embrapa Arroz e Feijão, joaoam@cnpaf.embrapa.br.

² Engenheiro Agrônomo, Analista, Embrapa Arroz e Feijão, pettersen@cnpaf.embrapa.br.

³ Engenheiro Agrônomo, Assistente de Pesquisa, Embrapa Arroz e Feijão, leandrobp@cnpaf.embrapa.br.

⁴ Engenheiro Agrônomo, Pesquisador A, Embrapa Arroz e Feijão, brondani@cnpaf.embrapa.br.

centímetros entre plantas, com 0,5 m entre parcelas. De todas as parcelas foram retiradas cinco panículas de cinco plantas das linhas centrais, das quais foram medidos os respectivos comprimentos das panículas e obtidas as médias das parcelas. A análise dialélica utilizou o modelo 4 de Gardner e Eberhart (1966). Realizou-se a análise de variância para o delineamento dialélico a partir das médias obtidas nos genitores e 120 F1's. Em seguida foram construídas duas matrizes de dupla entrada, uma com os valores de heterose e outra com a distância genética de Rogers modificada por Wright (RW), obtida pelo programa NTSys a partir dos dados de caracterização por 86 marcadores SSR fluorescentes. Os dados foram analisados pelo programa Genes versão 2009.7.0. (Cruz, C.D). A correlação matricial foi determinada através do teste de Mantel utilizando-se as medidas de heterose e da distância genética, sendo utilizadas 10.000 permutações.

Tabela 1. Genótipos da composição dos cruzamentos do ensaio dialélico subespécie *Indica*.

Trat	Código – BAG	Nome Cultivar	Origem	Efeito genitor	Heterose dos Genitores (CGC)
1	* CNA0002293	KU 94-2	Tailândia	0,22	0,72
2	* CNA0002416	LAC 12	Libéria	3,41	0,13
3	* CNA0002258	KU 56-3	Tailândia	4,63	0,22
4	* CNA0008229	BASMATI 370	Índia	4,70	0,84
5	* CNA0002672	NAHNG PAYA 132	Tailândia	2,56	0,21
6	***	IRGA 417	Brasil	3,01	0,35
7	***	BRS FORMOSO	Brasil	2,33	0,71
8	* CNA0005014	WU 10 B	China	-6,35	-2,39
9	* CNA0002480	M 40	Camarões	-1,95	0,19
10	* CNA0002442	LEBONNET	USA	3,22	0,28
11	* CNA0003195	GZ 944-5-2-2	Egito	-3,94	-1,58
12	* CNA0010433	MOGAMI CHIKANARI	Japão	-2,72	0,68
13	* CNA0006961	VITRO	Itália	-3,15	-0,50
14	* CNA0005853	WIR 5621	Rússia	-2,12	0,40
15	** CNA0010438	TOMOE MOCHI	Japão	-1,88	-0,46
16	** CNA0002871	RIZZOTO 159	Portugal	-2,03	0,20

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

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância foi significativa, o coeficiente de variação foi 4,28 e a média de comprimento de panícula foi de 25,4 centímetros (cm). O maior comprimento de panícula foi de 33,6 cm com o cruzamento KU 56-3/Basmati 370, e o menor foi de 15,8 cm com o cruzamento WU 10B/Tomoe Mochi. Entre os genitores o WU 10B apresentou a menor panícula (17,3 cm) e o maior valor foi observado para KU 53-6 e Basmati 370 (28,3 cm).

A análise dialélica mostrou-se significativa a 1% pelo teste F, para todos os itens do modelo. Quanto ao efeito do genitor, ou seja, o valor do genitor menos a média obtida, os destaques foram Basmati 370, KU 56-3 e LAC 12 (4,70; 4,63 e 3,41, respectivamente). Quanto a capacidade geral de combinação (CGC) o destaque ficou com o Basmati 370, KU 94-2 e BRS Formoso (0,84; 0,72 e 0,71, respectivamente).

A correlação entre divergência genética e comprimento de panícula foi positiva. Populações com maiores valores de CEC (Tabela 3), podem contribuir para a obtenção de

linhagens com maior comprimento de panícula, bom pela alta correlação entre esta característica e produtividade, podem gerar linhagens com maior potencial produtivo. Os maiores valores de heterose para comprimento de panícula foram obtidos nos cruzamentos: (2x12) igual (21,2); (10x12) idem (21,2) e (2x14) com (18,1). O menor valor de heterose foi obtido no cruzamento (11/15) com (-12,3).

Com base nos dados da Tabela 2, obteve-se uma correlação 0,24, a qual foi altamente significativa ($p < 0,01$) tanto pelo teste t quanto pelo teste de Mantel.

Tabela 2. Resultados do ensaio, da análise estatística e da análise molecular. Diagonal superior, valores da heterose; diagonal: valores do comprimento de panícula; diagonal inferior: valores da distância genética (RW).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	23,9	6,0	9,0	16,3	7,7	17,4	10,5	-0,3	13,0	13,3	8,7	16,7	12,5	15,6	14,3	11,8
2	0,84	27,0	8,5	12,5	7,1	9,5	3,9	-0,8	6,8	7,7	2,4	21,2	10,0	18,1	11,5	5,9
3	0,79	0,81	28,3	12,2	4,8	13,6	10,9	-4,1	11,9	7,5	4,9	12,9	12,8	11,3	8,3	6,9
4	0,85	0,85	0,87	28,3	15,6	7,2	11,7	0,9	16,5	7,4	10,9	13,7	6,6	14,7	7,0	12,3
5	0,66	0,76	0,72	0,85	26,2	9,8	6,6	6,8	7,5	7,3	11,1	17,9	3,9	11,9	11,6	8,7
6	0,90	0,95	0,90	0,91	0,91	26,6	10,4	2,8	9,6	10,4	3,7	11,1	4,1	11,0	10,1	11,9
7	0,87	0,91	0,90	0,89	0,87	0,72	26,0	2,8	8,9	10,9	10,9	18,0	16,8	16,9	12,7	15,0
8	0,85	0,85	0,79	0,89	0,83	0,93	0,94	17,3	3,3	5,0	-4,3	-10,0	-7,0	-1,0	-10,7	2,7
9	0,88	0,83	0,88	0,89	0,84	0,92	0,91	0,89	21,7	5,2	3,2	16,8	10,4	14,7	9,4	10,7
10	0,83	0,79	0,79	0,84	0,75	0,94	0,90	0,88	0,81	26,9	4,0	21,2	6,3	11,6	10,0	11,9
11	0,84	0,86	0,79	0,92	0,81	0,95	0,95	0,72	0,87	0,91	19,7	-6,4	0,6	-3,1	-12,3	2,2
12	0,83	0,81	0,81	0,87	0,82	0,94	0,95	0,85	0,85	0,82	0,82	20,9	11,1	10,2	7,3	13,3
13	0,85	0,81	0,84	0,88	0,89	0,91	0,91	0,76	0,85	0,89	0,74	0,81	20,5	3,9	6,0	7,9
14	0,84	0,78	0,74	0,87	0,78	0,92	0,93	0,77	0,89	0,85	0,69	0,78	0,72	21,5	6,5	15,6
15	0,82	0,79	0,83	0,89	0,85	0,91	0,92	0,78	0,81	0,82	0,80	0,55	0,73	0,75	21,8	11,6
16	0,83	0,78	0,85	0,90	0,86	0,89	0,88	0,77	0,82	0,85	0,81	0,85	0,66	0,78	0,79	21,6

Tabela 3. Comprimento de panículas dos genitores na diagonal. Abaixo Diagonal heterose específica (CEC) e acima comprimento de panícula dos 120 híbridos.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	23,9	27	28,4	30,4	27	29,7	28	21	26	28,7	24	26,1	25	26	26	25
2	-1,41	27	30	31,2	28,5	29,4	28	22	26	29	24	29,1	26	29	27	26
3	-0,68	-0,1	28,3	31,8	28,5	31,2	30	22	28	29,6	25	27,8	28	28	27	27
4	0,62	0,41	0,32	28,3	31,5	29,5	30	23	29	29,6	27	28	26	29	27	28
5	-1,08	-0,5	-1,22	1,1	26,2	29	28	23	26	28,5	26	27,8	24	27	27	26
6	1,25	0	1,08	-1,3	-0,05	26,6	29	23	27	29,5	24	26,4	25	27	27	27
7	-0,88	-1,9	-0,06	-0,47	-1,29	-0,4	26	22	26	29,3	25	27,7	27	28	27	27
8	-0,46	0	-0,85	-0,33	1,58	0,58	0,2	17	20	23,2	18	17,2	18	19	17	20
9	-0,02	-0,7	0,49	1	-0,69	-0,3	-0,9	0,8	22	25,5	21	24,9	23	25	24	24
10	0,3	-0,4	-0,51	-1,17	-0,64	0,07	-0,2	1,1	-1,3	26,9	24	28,9	25	27	27	27
11	0,68	-0,1	0,45	1,27	1,83	0,01	1,3	1,1	0	0,16	20	19	20	20	18	21
12	0,26	2,2	0,18	-0,23	1,23	-0,47	0,8	-2,3	0,6	2,02	-2,5	20,9	23	23	23	24
13	0,47	0,66	1,33	-0,82	-0,89	-0,97	1,6	-0,5	0,4	-0,37	0,1	0,04	21	22	22	23
14	0,34	1,79	0,1	0,35	0,14	-0,19	0,8	-0,3	0,5	0,04	-1,5	-1	-1,2	22	23	25
15	0,92	1,06	0,24	-0,7	0,94	0,47	0,7	-1,3	0,2	0,53	-2,6	-0,74	0,2	-0,6	22	24
16	-0,31	-1	-0,79	-0,05	-0,42	0,23	0,6	0,6	-0,2	0,32	-0,2	-0,12	-0,1	0,7	0,7	22

CONCLUSÃO

Foi detectada uma correlação positiva entre a distância genética entre os genitores medida por marcadores SSR e a heterose apresentada pelos F1's em relação ao comprimento de panícula. Combinações com CEC elevada podem gerar linhagens com maior comprimento de panícula, e em consequência, com maior potencial produtivo. Por se tratar de um conjunto de genótipos geneticamente divergentes em relação ao conjunto de genitores utilizado nos programas nacionais de melhoramento genético de arroz, as novas combinações obtidas e estudadas por meio deste trabalho podem resultar em futuras cultivares de arroz com base genética ampla ou novos genitores para atender especificidades do programa de melhoramento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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, v. 40, n. 2, p. 129-136, 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**, New York, v. 137, p. 293-304, 2009.

FRANKEL, O.H. Genetics perspectives of germoplasm conservation. In: ARBER, W.; LLIMENSEE, K.; PEACOCK, W.J.; STARLINGER, P. (Ed). **Genetics Manipulations: Impact on Man and Society**. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 161-170.

RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 31, n. 5, p349-357, 1996.

PENG, S.; CASSMAN, K.G.; VIRMANI, S.S.; SHEEHY, J.; KHUSH G.S.; Yield Potential Trends of Tropical Rice since the release of IR8 and the Challenge of Increasing Rice Yield Potential. Published in **Crop sci.** 39:1552-1559 (1999).