

# AVALIAÇÃO DE PROGÊNIAS DERIVADAS DE CRUZAMENTOS ENVOLVENDO O ACESSO COM ESPIGUETAS AGRUPADAS DA EMBRAPA

José Manoel Colombari Filho<sup>1</sup>; Regisley da Silva Durão<sup>2</sup>; Paulo Hideo Nakano Rangel<sup>1</sup>; Márcio Elias Ferreira<sup>3</sup>; João Antônio Mendonça<sup>4</sup>; Miriam Suzane Vidotti<sup>5</sup>

Palavras-chave: *Oryza sativa*; multiespigueta; arquitetura de panícula; recursos genéticos; melhoramento genético.

## INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético têm sido a base de sustentabilidade da agricultura moderna, tendo como desafio a obtenção de contínuo progresso genético, principalmente para o caráter produção de grãos. Em arroz, a quantidade de grãos por panícula representa um importante componente de produtividade, de modo que a arquitetura de panícula com a presença de agrupamento de espiguetas, também denominado multiespigueta, tem despertado interesse por exibir um fenótipo peculiar, em que as extremidades dos pedicelos possuem duas ou mais espiguetas. Assim, esse caráter parece apresentar um efeito positivo para o incremento da produtividade em arroz. Possui segregação discreta e herança mono ou oligênica (YOKOYAMA et al., 1999).

No Brasil, existem dois acessos identificados com esse fenótipo, descritos independentemente pela Epagri, como Multiespigueta, e pela Embrapa, como CNA 10928. Este é um acesso com arquitetura moderna, inserção de folha ereta, presença de *stay green*, porte baixo (~100 cm), colmo grosso, ciclo médio (125 dias), grãos médios e pericarpo branco. O acesso Multiespigueta apresenta porte alto (160-80 cm), inserção de folha ereta, ligula presente e proeminente, sensibilidade a fotoperíodo com ântese floral somente em fotoperíodo decrescente, colmo grosso, tipo de grão curto e pericarpo vermelho. A origem do Multiespigueta é conhecida, oriundo de seleção dentro da variedade Amaghad (YOKOYAMA et al., 1999). No entanto, o acesso CNA 10928 provém da mutação em uma variedade ainda desconhecida, por se tratar de uma coleta, realizada em 2006, de uma planta espontânea no campo da Embrapa, em Formoso do Araguaia, Tocantins. Através da análise molecular não foi possível estabelecer um vínculo genético entre esse acesso e cultivares que supostamente eram adotados na área onde foi encontrada essa planta com espiguetas agrupadas (DURÃO, 2008).

O presente trabalho teve como objetivo realizar a avaliação de progênias  $F_{3,5}$  provenientes de cruzamentos biparentais envolvendo cultivares/linhagens-elite e o acesso com espiguetas agrupadas da Embrapa, com base no caráter produção de grãos.

## MATERIAL E MÉTODOS

O material genético foi composto por progênias  $F_{3,5}$ , com e sem panícula com espiguetas agrupadas, derivadas de cinco cruzamentos biparentais entre cultivares/linhagens-elite e o acesso CNA 10928 da Embrapa, que possui espiguetas agrupadas (Tabela 1). Essas progênias foram desenvolvidas por seleção divergente para arquitetura de panícula, porém convergente para os demais caracteres de interesse agrônomo, como porte e arquitetura de planta, resistência ao acamamento, resistência a doenças e dimensões de grão.

<sup>1</sup> Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Arroz e Feijão, 75375-000, Caixa Postal 179, Santo Antônio de Goiás, Goiás, jose.colombari@embrapa.br (autor correspondente)

<sup>2</sup> Mestrado em Ciências Genômicas e Biotecnologia, Universidade Católica de Brasília, Brasília, Distrito Federal

<sup>3</sup> Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal

<sup>4</sup> Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Goiás

<sup>5</sup> Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás

Em 2012/13, 308 progênies dos cinco cruzamentos foram conduzidas em um ensaio de rendimento, na área experimental da Fazenda Palmital, de propriedade da Embrapa Arroz e Feijão, em Goianira, Goiás. Foi adotado o delineamento experimental blocos aumentados de Federer, sem repetição, com 10 testemunhas (BRS Alvorada, BRS Tropical, SCSBRS Tio Taka, BRS Formoso, IRGA 424, CNA 8502, BRS 7 Taim, BRS Pampa, IRGA 417 e CNA 10928). As parcelas foram constituídas por quatro linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,17 m e densidade de 60 sementes m<sup>-1</sup>. O caráter produção de grãos (PG) foi determinado pela colheita das duas linhas centrais com 4 m de comprimento, descarte de 0,5 m das extremidades, e transformado em kg ha<sup>-1</sup>.

Os dados de PG foram submetidos à análise estatística, via *proc glm* do aplicativo estatístico SAS® (SAS INSTITUTE, 2012), adotando o seguinte modelo aleatório (DUARTE et al., 2001):  $y_{ijm} = \mu + b_j + t_m + g_{ilm} + \varepsilon_{ijm}$ , em que,  $y_{ijm}$  é a observação do genótipo  $i$  no bloco  $j$ , sendo o genótipo pertencente ao tipo  $m$ ;  $\mu$  é a média geral;  $b_j$  é o efeito aleatório de bloco  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, J$ );  $t_m$  é o efeito aleatório de tipo  $m$  ( $m = 1, 2, \dots, M$ ; neste caso  $M = 10$ , com nove grupos de progênies F<sub>3,5</sub>, por cruzamento e por arquitetura de panícula dentro de cruzamento, e um grupo de testemunhas), assumindo  $t_m \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_t^2)$ ;  $g_{ilm}$  é o efeito aleatório de genótipo  $i$  (progênies ou testemunhas) dentro do tipo  $m$  ( $i = 1, 2, \dots, P, P+1, P+2, \dots, P+T$ ; sendo  $P$  o número de progênies e  $T$  o número de testemunhas), assumindo  $g_{ilm} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_g^2)$ ; e  $\varepsilon_{ijm}$  é o erro experimental associado à  $ijm$ -ésima parcela, assumindo-se independente e identicamente distribuído, sob  $\text{NID} \cap (0, \sigma^2)$ . Por fim, as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade (STEEL & TORRIE, 1960).

**Tabela 1.** Cruzamentos com os respectivos genitores.

Descrição	Genitores <sup>†</sup>
Cruzamento 1	SCSBRS Tio Taka / CNA 10928
Cruzamento 2	IRGA 417 / CNA 10928
Cruzamento 3	BRS Alvorada / CNA 10928
Cruzamento 4	CNAx10888RC3-6-2-1-B / CNA 10928
Cruzamento 5	CNAx1086RC3-4-5-1-B / CNA 10928

<sup>†</sup> CNA 10928: acesso da Embrapa com espiguetas agrupadas.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A precisão experimental foi satisfatória considerando o delineamento e o tipo de parcela adotada para PG em arroz, com valor de CV igual a 19,27 (Tabela 2). Além disso, o efeito de blocos não foi significativo, demonstrando a boa uniformidade da área experimental. O efeito de tipos foi altamente significativo ( $p \leq 0,01$ ), evidenciando a possibilidade de haver pelo menos um contraste significativo entre os grupos de progênies de panícula com espiguetas agrupadas, progênies de panícula normal e testemunhas.

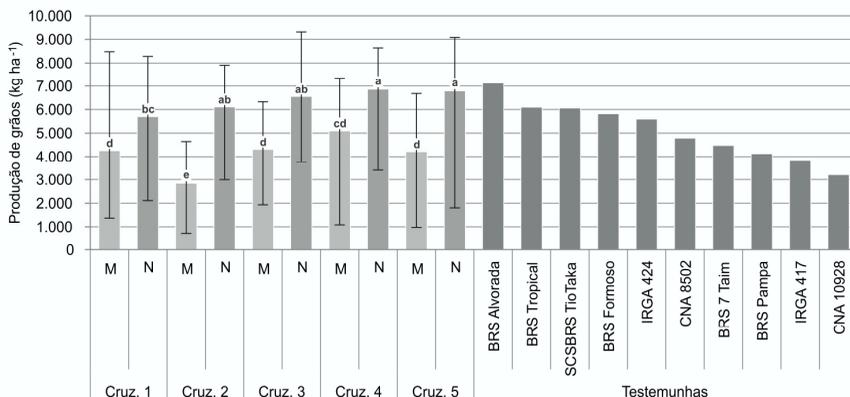
Com o desdobramento do efeito de tratamentos dentro de tipo, por cruzamento e por arquitetura de panícula dentro de cruzamento, verificou-se que somente foi significativo o efeito de progênies de panícula com espiguetas agrupadas dentro do cruzamento 3 ( $p \leq 0,05$ ) e de progênies de panícula normal dentro do cruzamento 5 ( $p \leq 0,01$ ). Para os demais grupos, as magnitudes das variâncias foram semelhantes e independentes do tipo de arquitetura da panícula, quando excetuadas as testemunhas. Cabe lembrar que dentro de progênies F<sub>3,5</sub> ainda existe variabilidade e a variância genética entre essas progênies contém  $\frac{3}{2}$  da variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ) e  $\frac{3}{16}$  da variância de dominância ( $\sigma_D^2$ ) presente em F<sub>2</sub>, para modelo aditivo-dominante (COCKERHAM, 1963).

Na Figura 1, através do teste de Tukey, observou-se que houve contrastes significativos entre médias de progênies com espiguetas agrupadas e de panicula normal dentro de todos os cruzamentos, sendo aquelas sempre menos produtivas (PG) que estas. A média de PG das progênies com espiguetas agrupadas do cruzamento 2 diferiu de todos os demais grupos e, quando excetuado este, independente do cruzamento, verificou-se que não houve diferença significativa entre as médias das progênies com espiguetas agrupadas. Entretanto, ocorreram progênies com espiguetas agrupadas com potencial produtivo semelhante aos cultivares/testemunhas, como visualizado pelas amplitudes das médias, em todos os cruzamentos exceto para aquele realizado com IRGA 417, identificado como cruzamento 2.

**Tabela 2.** Análises de variância, coeficiente de variação experimental (CV%) e média geral para o caráter produção de grãos (PG, em kg ha<sup>-1</sup>).

FV	GL	QM
Blocos	18	1.230.351,2 <sup>ns</sup>
Tipos	10	42.910.522,6 <sup>**</sup>
Tratamentos/Tipo	307	1.941.352,3 <sup>**</sup>
Cruz. 1 panicula normal	28	1.572.785,1 <sup>ns</sup>
Cruz. 1 panicula com espiguetas agrupadas	75	1.378.167,7 <sup>ns</sup>
Cruz. 2 panicula normal	20	1.111.010,4 <sup>ns</sup>
Cruz. 2 panicula com espiguetas agrupadas	31	958.677,8 <sup>ns</sup>
Cruz. 3 panicula normal	26	1.819.412,1 <sup>ns</sup>
Cruz. 3 panicula com espiguetas agrupadas	10	2.664.581,9 <sup>*</sup>
Cruz. 4 panicula normal	29	1.391.494,8 <sup>ns</sup>
Cruz. 4 panicula com espiguetas agrupadas	29	1.463.147,6 <sup>ns</sup>
Cruz. 5 panicula normal	34	2.449.654,1 <sup>*</sup>
Cruz. 5 panicula com espiguetas agrupadas	16	1.786.053,1 <sup>ns</sup>
Testemunhas	9	7.027.103,7 <sup>**</sup>
Resíduo		1.057.948,0
Média Geral	5.338	
CV%	19,27	

<sup>ns</sup>, \* e \*\*: não significativo, significativo 5% e 1%, respectivamente.



**Figura 1.** Médias das progênies F<sub>3,5</sub> com mesma arquitetura de panicula (N - panicula normal e M - panicula com espiguetas agrupadas) dentro de cada cruzamento (efeito de tipos) e média das testemunhas, para o caráter produção de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). Amplitude das médias entre progênies dentro de cada tipo. Contraste entre médias de tipos seguidas de letras distintas são diferentes com nível de 5% de probabilidade pelo teste de Tukey.

Entre as 60 melhores progênies F<sub>3,5</sub>, o que equivaleria a uma intensidade de seleção de cerca de 20%, somente quatro apresentaram espiguetas agrupadas, sendo três provenientes do cruzamento 1 e uma, do cruzamento 4 (Tabela 3). Assim, apesar de não ficar evidente o efeito positivo dessa característica no incremento da produtividade em arroz, o menor potencial produtivo dessas progênies com espiguetas agrupadas pode ser devido ao fato

dessa característica ser herdada junto com um *background* genético de menor potencial produtivo. Com isso, a seleção de progênies com esse caráter deve de certo modo haver carregado QTL's não favoráveis para PG proveniente de CNA 10928, que possui menor PG (Figura 1). Contudo, trata-se de especulações que necessitam ser melhor esclarecidas com o aprofundamento de estudos do efeito do caráter arquitetura de panícula sobre PG.

**Tabela 3.** Média das melhores progênies F<sub>3,5</sub> e das testemunhas, para o caráter produção de grãos (PG, em kg ha<sup>-1</sup>).

Class.   Genótipo	Cruz.   Pan.   PG	Class.   Genótipo	Cruz.   Pan.   PG	Class.   Genótipo	Cruz.   Pan.   PG
1   CNAx15041-B-39-1-B	C3 N 9343	24   CNAx15040-B-29-1-B	C2 N 7931	47   CNAx15043-B-33-1-B	C4 N 7295
2   CNAx15041-B-28-1-B	C3 N 9150	25   CNAx15041-B-4-1-B	C3 N 7905	48   CNAx15041-B-41-1-B	C3 N 7269
3   CNAx15042-B-14-1-B	C5 N 9103	26   CNAx15042-B-34-1-B	C5 N 7897	49   CNAx15038-B-9-1-B	C1 N 7217
4   CNAx15042-B-19-1-B	C5 N 8824	27   CNAx15040-B-18-1-B	C2 N 7872	50   CNAx15038-B-38-1-B	C1 N 7200
5   CNAx15043-B-32-1-B	C4 N 8663	28   CNAx15038-B-37-1-B	C1 N 7817	51   CNAx15042-B-31-1-B	C5 N 7177
6   CNAx15043-B-12-1-B	C4 N 8560	29   CNAx15043-B-19-1-B	C4 N 7795	52   CNAx15039-B-73-1-B	C1 M 7151
7   CNAx15039-B-95-1-B	C1 M 8504	30   CNAx15043-B-7-1-B	C4 N 7787	53   <b>BRS Alvorada</b>	<b>T N 7128</b>
8   CNAx15042-B-17-1-B	C5 N 8486	31   CNAx15043-B-2-1-B	C4 N 7758	54   CNAx15042-B-6-1-B	C5 N 7114
9   CNAx15042-B-48-1-B	C5 N 8415	32   CNAx15043-B-15-1-B	C4 N 7751	55   CNAx15040-B-33-1-B	C2 N 7019
10   CNAx15038-B-42-1-B	C1 N 8303	33   CNAx15041-B-2-1-B	C3 N 7713	56   CNAx15041-B-44-1-B	C3 N 7004
11   CNAx15043-B-6-1-B	C4 N 8302	34   CNAx15042-B-38-1-B	C5 N 7647	57   CNAx15043-B-38-1-B	C4 N 6987
12   CNAx15043-B-10-1-B	C4 N 8229	35   CNAx15040-B-35-1-B	C2 N 7637	58   CNAx15043-B-22-1-B	C4 N 6986
13   CNAx15042-B-20-1-B	C5 N 8148	36   CNAx15043-B-11-1-B	C4 N 7567	59   CNAx15041-B-36-1-B	C3 N 6973
14   CNAx15042-B-25-1-B	C5 N 8133	37   CNAx15042-B-10-1-B	C5 N 7511	60   CNAx15042-B-42-1-B	C5 N 6971
15   CNAx15042-B-32-1-B	C5 N 8118	38   CNAx15041-B-21-1-B	C3 N 7473	110   <b>BRS Tropical</b>	<b>T N 6099</b>
16   CNAx15042-B-15-1-B	C5 N 8089	39   CNAx15043-B-8-1-B	C4 N 7464	115   <b>SCSBRs Tio Taka</b>	<b>T N 6064</b>
17   CNAx15042-B-30-1-B	C5 N 8088	40   CNAx15041-B-49-1-B	C3 N 7445	132   <b>BRS Formoso</b>	<b>T N 5825</b>
18   CNAx15041-B-1-1-B	C3 N 8081	41   CNAx15039-B-64-1-B	C1 M 7416	141   <b>IRGA 424</b>	<b>T N 5596</b>
19   CNAx15042-B-22-1-B	C5 N 8045	42   CNAx15043-B-17-1-B	C4 N 7383	182   <b>CNA 8502</b>	<b>T N 4791</b>
20   CNAx15042-B-50-1-B	C5 N 8026	43   CNAx15043-B-9-1-B	C4 N 7376	204   <b>BRS 7 Taim</b>	<b>T N 4479</b>
21   CNAx15042-B-44-1-B	C5 N 8018	44   CNAx15043-B-87-1-B	C4 M 7368	227   <b>BRS Pampa</b>	<b>T N 4127</b>
22   CNAx15043-B-40-1-B	C4 N 7973	45   CNAx15040-B-21-1-B	C2 N 7342	244   <b>IRGA 417</b>	<b>T N 3850</b>
23   CNAx15041-B-16-1-B	C3 N 7941	46   CNAx15043-B-3-1-B	C4 N 7321	264   <b>CNA 10928</b>	<b>T M 3210</b>

<sup>1</sup>C: Cruzamentos biparentais de origem das progênies F<sub>3,5</sub> (1 - SCSBRs Tio Taka/CNA 10928; 2 - IRGA 417/CNA 10928; 3 - BRS Alvorada/CNA 10928; 4 - CNAx10888RC3-6-2-1-B/CNA 10928; e 5 - CNAx11086RC3-4-5-1-B/CNA 10928), T: testemunhas, N: panícula normal e M: panícula com espiguetas agrupadas.

## CONCLUSÃO

Neste estudo, foram identificadas progênies F<sub>3,5</sub>, devidadas de cruzamentos biparentais envolvendo o acesso com espiguetas agrupadas da Embrapa, com potencial produtivo superior aos cultivares utilizados como testemunhas, porém poucas entre estas herdaram esse fenótipo peculiar de arquitetura de panícula.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Org.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Science, 1963. p. 53-93.
- DUARTE J. B. et al. Estimadores de componentes de variância em delineamento de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n.9, p. 1155-1167, set. 2001.
- DURÃO, R.S. **Mapeamento genético de região genômica associada ao controle de arquitetura de panícula de arroz (*Oryza sativa* L.)**. 2008. 118 p. Dissertação (Mestrado em em Ciências Genômicas e Biotecnologia) - Universidade Católica de Brasília, Brasília, 2008.
- SAS Institute. **SAS Technical report SAS/STAT Software**. Cary Nc, SAS Institute. 2012.
- STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. L. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw Hill, 1960. 666 p.
- YOKOYAMA, S.; ISHIY, T.; BACHA, R. E. Multi-espiguetas, genótipo em potencial para uso em melhoramento. In: Congresso Brasileiro de Arroz Irrigado, 1., 1999, Pelotas. **Anais...** Pelotas: Embrapa, 1999. p. 111-111.