

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE QUALIDADE DE GRÃO E CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Renan Honorato Fernandes¹; José Fernandes Barbosa Neto²; Rubens Marschalek³; Ester Wickert⁴;

Palavras-chave: variabilidade genética, herdabilidade, *Oryza sativa* L., qualidade de grão

INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos alimentos mais importantes para a nutrição humana e o principal alimento para mais da metade da população mundial, desempenhando importante papel tanto em âmbito social e econômico, quanto cultural.

Depois do trigo e do milho, o arroz é o cereal mais produzido no mundo. É cultivado em todos os continentes, sendo que o asiático tem a maior concentração, com destaque para China e Índia, responsáveis por 30,2% e 21,3% da produção mundial, respectivamente. O Brasil ocupa o 8º lugar, com 1,9% da produção mundial se destaca como o maior produtor fora do continente Asiático e está entre os dez principais produtores mundiais de arroz, produz cerca de 13,3 milhões de toneladas para um consumo de 12,8 milhões de toneladas base casca. (Agostini, 2012).

A produção deste cereal no Brasil é originária, principalmente, das lavouras irrigadas do Rio Grande do Sul (RS) e de Santa Catarina (SC), sendo que a cultura do arroz no RS está entre as poucas exceções cujo aumento da produção decorre, não só do acréscimo da área cultivada, mas também do incremento da produtividade.

Estima-se que aproximadamente 50% do aumento do rendimento das principais culturas seja devido ao melhoramento genético. Essa contribuição tende a aumentar em decorrência do crescimento populacional e, sobretudo, pela necessidade de redução dos efeitos ambientais atribuídos aos insumos utilizados na produção agrícola. Não somente altas produtividades são desejadas no cultivo do arroz. Parâmetros de qualidade do grão, como desempenho industrial, qualidade culinária entre outros passam a ter grande importância, pois são os que em última análise vão determinar o preço que a indústria deverá pagar ao produtor.

Conhecimento de natureza e magnitude da variação genética que governa a herança de caracteres quantitativos como rendimento e qualidade de grãos são essenciais para efetuar o melhoramento genético. Seleção para melhorar componente como, a renda de engenho, são essenciais em programas de melhoramento genético projetados para atender os padrões da indústria e características requeridas pelos consumidores no mercado interno e externo.

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em populações em estágio avançado de endogamia é essencial no direcionamento de programas de melhoramento, principalmente no que se refere ao processo seletivo das linhagens mais promissoras.

MATERIAL E MÉTODOS

A população utilizada neste estudo é constituída de 147 linhagens recombinantes de arroz (*Oryza sativa* L.), obtida pelo método descendente de uma única semente ou SSD

¹ Eng. Agr., Epagri, Caixa Postal 88701-260, Tubarão, SC, renanfernandes@epagri.sc.gov.br.

² Eng. Agr., Dr., Departamento de Plantas de Lavoura UFRGS, Caixa Postal 776, 91540-000, Porto Alegre, RS, jfbn@ufrgs.br.

³ Dr.sc.agr, Epagri – Estação Experimental de Itajaí, Itajaí, SC, rubensm@epagri.sc.gov.br.

⁴ Dr.sc.agr, Epagri – Estação Experimental de Itajaí, Itajaí, SC, esterwickert@epagri.sc.gov.br.

(Single Seed Descent), oriundo do cruzamento entre Nipponbare/BRS Atalanta. As 147 linhagens endogâmicas recombinantes, juntamente com três testemunhas (Nipponbare, BRS Atalanta e IRGA 417), foram avaliadas em ensaios de campo conduzidos na Estação Experimental de Arroz (EEA) do Instituto Rio Grandense de Arroz (IRGA), em Cachoeirinha (latitude 29° S), nas safras 2013/14. As parcelas experimentais foram constituídas de duas linhas espaçadas em 0,20 m de 3 m de comprimento. A densidade de semeadura foi realizada para obter-se uma população de 300 plantas por metro quadrado. A parcela útil constará das duas linhas com 2,5 m de comprimento, totalizando de 0,5 m². O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com três repetições.

Foram avaliados 13 caracteres fenotípicos a campo e nos laboratórios de Biologia Molecular e de Fisiologia Vegetal do Departamento de Plantas de Lavoura, da Faculdade de Agronomia da UFRGS, em Porto Alegre – RS, e no laboratório do Melhoramento Genético de Arroz, na Estação Experimental da EPAGRI, em Itajaí – SC.

Foram realizadas análises de variância, considerando os efeitos das linhagens e blocos como aleatórios. Após a análise de variância foi realizado a estimativa das variâncias fenotípicas e genotípicas, herdabilidade e ganho esperado com seleção para os caracteres observado neste trabalho. Todas as análises de variância foram realizadas no programa estatístico R Development Core Team (R Foundation for Statistical Computing, 2010).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média das 147 linhagens endogâmicas recombinantes para a característica ciclo até a floração (FLOR80) foi de 74 dias (TABELA 1), sendo caracterizado como ciclo precoce. Os progenitores BRS Atalanta (69 dias) e Nipponbare (71 dias) apresentaram ciclo um pouco mais curto e são considerados como cultivares de ciclo super-precoce. Embora os progenitores sejam de ciclo super-precoce, houve linhagens recombinantes com ciclo precoce e médio, apresentando amplitude de 69 dias à 88 dias.

A estatura de planta (ESTAT) é outra característica importante, pois está associada, principalmente, à resistência ao acamamento, ao grau de resposta à aplicação de nitrogênio e ao alto potencial de rendimento. A média das linhagens recombinantes foi de 91,6 cm (TABELA 1), sendo considerado como planta de porte baixo, porém superior aos progenitores Nipponbare (85 cm) e BRS Atalanta (91 cm).

Poucas linhagens apresentaram o número de panículas por m² (N^oPAN) semelhante ao progenitor Nipponbare (35 panículas/m²) que obteve o maior número, ficando a média da população com o progenitor BRS Atalanta (25 panículas/m²) (TABELA 1). Como a população é proveniente de um cruzamento entre progenitores muito divergentes (subespécie índica e japônica), provavelmente, o menor número de panículas por m² das linhagens em relação ao progenitor Nipponbare, característica altamente correlacionada com produtividade (Badu *et al*, 2012), é devido a recombinação ou rearranjo dos genes.

Quanto ao caráter índice de centro branco (CB), a média das linhagens foi semelhante aos progenitores com índice 2, tendo amplitude de 1 a 3 (TABELA 4.1). Comparando estes resultados com os dados relacionados a característica ciclo até a floração das linhagens e dos progenitores, em que os progenitores tiveram o ciclo mais precoce que grande parte das linhagens e, com isso, coincidindo com altas temperaturas após a floração ocorrido no início de fevereiro de 2014, está de acordo com trabalhos anteriores (Martinez & Cuevas, 1989), em que temperaturas altas após a floração aumentam e temperatura amenas diminuem ou eliminam o centro branco.

A renda de engenho é outra característica importante para qualidade de grãos, que vai definir a aceitação da cultivar pela indústria. A média das linhagens para esta característica ficou abaixo dos progenitores com 65,6%, porém, com índices aceitáveis e a amplitude entre 44,2% a 71% (TABELA 1).

As estimativas de variância genética aditiva (VA), variância fenotípica (VP) e herdabilidade no sentido restrito podem ser observadas na TABELA 1. A variância fenotípica foi maior para todas as características que a variância genotípica aditiva, demonstrando a influência

ambiental na expressão dos caracteres (Dutta *et al.*, 2013). Neste trabalho, a herdabilidade foi considerada sendo no sentido restrito devido à população estar em estágio avançado de endogamia. No entanto, não se deve esquecer a presença da interação genótipos e ambiente existente na estimativa da variância genética aditiva e, conseqüentemente, na herdabilidade, quando se utiliza apenas um ano de experimentação (Vencovsky, 1992).

Alta variância fenotípica, variância genética aditiva e herdabilidade no sentido restrito (Akinwale *et al.*, 2011) foi observada para ciclo até a floração (FLOR80) (TABELA 1), indicando que a expressão dos genes que controlam essa característica não são influenciados marcadamente pelas condições ambientais.

Em relação às características peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), centro branco (CB), comprimento do grão (CG) e relação comprimento/largura do grão (C/L), a diferença entre variância fenotípica e variância genética aditiva foram maiores, em relação à característica ciclo até a floração (FLOR80), apresentando herdabilidades no sentido restrito intermediárias.

Para as características ângulo da folha bandeira (AFB), comprimento da folha bandeira (CFB), número de panículas por m² (NºPAN), largura do grão (LG), largura da folha bandeira (LFB), estatura de plantas (ESTAT) e espessura do grão (EG) obtiveram as maiores diferenças entre variância fenotípica, variância genética aditiva e menores herdabilidades, respectivamente.

TABELA 1 - Estimativa de parâmetros genéticos para características fenotípicas de 147 linhagens de arroz irrigado, oriunda do cruzamento Nipponbare/BRS Atalanta em comparação com três cultivares testemunhas em Cachoeirinha-RS, safra 2013/2014.

Característica	Média	Nipponbare	BRS Atalanta	IRGA 417	VA	VF	h ²
FLOR80 (dias)	74	69	71	73	16,04	20,65	0,91
ESTAT (cm)	91,6	85	91	89,3	13,42	109,28	0,3
CFB (cm)	26,5	24	25,7	24,3	-0,66	43,14	0
LFB (mm)	13,9	13,7	14	13,7	0,37	3,69	0,25
AFB	2	2	3	2	-0,0067	0,62	0
NºPAN	25	175	125	26	2,11	38,33	0,15
P1000G (g)	25,6	33	25	23,4	0,81	5,6	0,34
RENDENG (%)	65,6	70,9	69,5	69,1	9,09	43,4	0,44
CB	2	2	2	2	0,08	0,41	0,42
CG (mm)	5,43	4,8	5,44	5,73	0,09	0,62	0,34
LG (mm)	1,79	1,88	1,73	1,75	0,0013	0,019	0,18
EG (mm)	2,4	2,72	2,35	2,30	0,013	0,1	0,3
C/L	3,07	2,56	3,19	3,31	0,06	0,39	0,35

Variância aditiva (VA), variância fenotípica (VP) e herdabilidade no sentido restrito (h²).

CONCLUSÃO

A população de linhagens recombinantes apresenta alta variabilidade genética para todos os caracteres avaliados, o que possibilita seleção de linhagens com características requeridas pelo mercado, a partir de genitores divergentes.

As características ciclo até a floração, renda de engenho e índice de centro branco apresentam os maiores valores de herdabilidade, facilitando a seleção e a obtenção de progressos nestas características.

AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, pela bolsa de mestrado concedida. A equipe de melhoramento genético do IRGA pelo apoio e suporte na condução dos ensaios. A equipe do projeto arroz da Epagri por disponibilizar o laboratório de melhoramento genético para as avaliações.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGOSTINI, I.; VIEIRA, L.M. **Síntese Anual da Agricultura de Santa Catarina**. Florianópolis: Epagri/Cepa, 2012.
- AKINWALE, M. G.; GREGORIO, G. Heritability and correlation coefficient analysis for yield and its components in rice (*Oryza sativa* L.). **African Journal of Plant Science**. v. 5, p. 207-212, 2011.
- BADU, V. R.; SHREYA, K. Correlation and Path Analysis Studies in Popular Rice Hybrids of India. **International Journal of Scientific and Research Publications**. v.2, 2012.
- DUTTA, P.; BORUA, P.K. Morphological traits as Selection Indices in Rice: A Statistical view. **Univ. J. Agric. Res**. p.85-96, 2013.
- MARTINEZ, C.; CUEVAS, F. **Evaluación de La calidad culinária y molinera Del arroz**. Guia de estudo do Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT, 1989.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>, 2010.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.