

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

**IMPLICAÇÕES DA SELEÇÃO RECORRENTE PARA CARACTERES
ADAPTATIVOS DE UMA POPULAÇÃO DE ARROZ IRRIGADO**

Paulo Ricardo Reis Fagundes
Engenheiro Agrônomo, M. Sc. UFPEL

Tese apresentada como um dos
requisitos à obtenção do Grau de
Doutor em Fitotecnia
Área de Concentração Plantas de Lavoura

Porto Alegre (RS), Brasil
Março de 2004

A minha esposa Márcia e as nossas filhas
Paola, Nicole e Luíza pelo amor, compreensão,
dedicação e pelo constante incentivo.

AGRADECIMENTOS

À Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, pela oportunidade de realização deste trabalho.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária por ter me dado a oportunidade de realizar este Curso.

Ao professor José Fernandes Barbosa Neto, pela orientação, ensinamentos, apoio e amizade durante o curso de doutorado e na elaboração deste trabalho.

Aos professores Fernando Irajá Félix de Carvalho, da UFPEL e Suzana Cavalli, da UFRGS, interesse e apoio durante o curso.

Ao professor Antônio da Costa Oliveira pelo interesse e por ter disponibilizado o laboratório de Genômica e Fitomelhoramento, da UFPEL para as análises moleculares.

Ao professor Paulo Djalma Zimmer, da UFPEL, pela orientação nas atividades de laboratório.

Aos demais professores do Departamento de Plantas de Lavoura, da UFRGS, onde desenvolvi minhas atividades acadêmicas, pelos ensinamentos e relacionamento durante o curso.

Aos colegas , Alexandre Wunder Voltz, Cícero Carlos, Cláudia Fernanda Lemons da Silva, Edson Perito Amorim, Mariangela dos Santos, Mara Cristina Barbosa Lopes, Sérgio Delmar dos Anjos e Silva e Sérgio Iraçu Gindri Lopes, companheiros de horas de estudo e boas risadas, cuja convivência fraterna e alegre tornaram essa missão mais agradável.

Aos colegas da Embrapa Clima Temperado, em especial Ariano Martins de Magalhães Jr. e Daniel Fernandez Franco, pela amizade e apoio nos trabalhos de campo.

Aos colegas do laboratório de Genômica e Fitomelhoramento da UFPEL, em especial Eduardo Vieira e Jefferson Coimbra, pela colaboração e auxílio nas análises estatísticas.

À Deus.

IMPLICAÇÕES DA SELEÇÃO RECORRENTE PARA CARACTERES ADAPTATIVOS DM UMA POPULAÇÃO DE ARROZ IRRIGADO

Autor: Paulo Ricardo Reis Fagundes

Orientador: José Fernandes Barbosa Neto

RESUMO

A seleção recorrente tem sido indicada no melhoramento genético como uma estratégia para incrementar o rendimento de grãos de arroz no sul do Brasil. No entanto, o desenvolvimento de populações é um aspecto decisivo para o sucesso desse procedimento. Neste sentido, a população CNA 11 foi desenvolvida para as condições edafoclimáticas da região sul do Brasil. Assim sendo, o objetivo do trabalho foi o de avaliar a aptidão da população CNA 11 para melhoramento dos caracteres ciclo vegetativo e estatura de planta através de um ciclo de seleção recorrente, estimar parâmetros genéticos desses caracteres e verificar possíveis alterações nas frequências alélicas na população. Os trabalhos consistiram de experimentos com oito gerações diferentes da população CNA 11, as quais foram analisadas fenotipicamente e com marcadores moleculares. Os resultados revelaram a eficiência da seleção realizada, uma vez que quatro classes distintas foram desenvolvidas no Ciclo 1: precoce-alta, precoce-baixa, tardia-alta e tardia-baixa. As médias de ciclo variaram em torno de duas semanas entre as classes tardias e precoces. Para a estatura de planta, a diferença média foi de 26 cm entre as classes altas e baixas. O ganho de seleção após um ciclo de seleção recorrente 1 foi ao redor de 6% para ciclo e 15% para estatura. A população CNA 11 revelou qualidade como germoplasma para o melhoramento genético de arroz no sul do Brasil, apresentando variabilidade genética para caracteres adaptativos e rendimento de grãos comparável ao das cultivares recomendadas para cultivo na região. A herdabilidade estimada para os caracteres estudados foi elevada, sugerindo a possibilidade de seleção em gerações precoces. O padrão de frequência para os marcadores moleculares analisados foi similar entre as gerações estudadas, indicando a manutenção da variabilidade genética após um ciclo de seleção.

1 Tese de Doutorado em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (77 p.) Março, 2004.

RECURRENT SELECTION IMPLIATIONS FOR ADAPTATIVE TRAITS IN AN IRRIGATED RICE POPULATION

Author: Paulo Ricardo Reis Fagundes
Adviser: José Fernandes Barbosa Neto

ABSTRACT

The use of recurrent selection has been indicated as a strategy in plant breeding in order to increase rice grain yield in southern Brazil. However, population development is a decisive aspect for the success of this breeding procedure. The population CNA 11 was developed for southern Brazil environment. As a consequence, the objective of the present work was to evaluate CNA 11 aptitude for improvement of flowering time and plant height through a cycle of recurrent selection, to estimate genetic parameters of these traits and to verify possible alterations in allelic frequencies in the population. The works consisted of experiments with eight different generations from the population CNA 11, which were analyzed phenotypically and with molecular markers. The results revealed the efficiency of the selection performed, once four different classes were developed in the Cycle 1: early-tall, early-short, late-tall and late-short. The cycle averages varied around two weeks among the late and early classes. For plant height, the average difference was 26 cm among the tall and short classes. Selection gain after a cycle of recurrent selection was about 6% for cycle and 15% for plant height. The population CNA 11 showed quality as a germplasm for genetic improvement of rice in southern Brazil, presenting genetic variability for adaptative traits and grain yield comparable to the cultivars recommended in this region. The estimated heritability for the studied traits was high, suggesting the possibility of selection in early generations. The frequency pattern for the analyzed molecular markers was similar among the studied generations, indicating maintenance of the genetic variability after a selection cycle.

¹Doctoral thesis in Agronomy, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (77 p.) March, 2004.

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO	01
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	03
2.1. O arroz	03
2.1.1. Origem e evolução	03
2.1.2. Importância sócio-econômica	05
2.1.3. Melhoramento genético do arroz: métodos e efeitos	07
2.1.4. Seleção recorrente em arroz	12
2.1.5. Parâmetros genéticos	15
2.1.6. Ganho ou progresso obtido pela seleção	17
2.1.7. Alterações nas frequências alélicas	19
3. MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1. Local	24
3.2. Germoplasma	25
3.2.1. Obtenção da populações CNA 11-0-0, CNA 1-1-0, CNA 11-2-0 e CNA 11-3-0	25
3.2.2. Obtenção das populações CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA	29
3.2.3. Obtenção das famílias CNA 11-2-1 S _{0:1} e S _{0:2}	31
3.3. Experimentos	31
3.3.1. Avaliação agronômica das populações	31
3.3.2. Avaliação das famílias CNA 11-2-1 S _{0:1} e S _{0:2}	32
3.4. Caracteres agronômicos avaliados	33
3.5. Análises estatísticas	33
3.5.1. Avaliação agronômica das populações	33
3.5.1.1. Análise de variância	33
3.5.1.2. Ganho de seleção realizado	35
3.5.2. Avaliação das famílias CNA 11-2-1 S _{0:1} e S _{0:2}	35
3.5.2.1. Análise de variância	35
3.5.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos	36
3.6. Análise molecular	36

3.6.1.	Germoplasma utilizado	36
3.6.2.	Extração, quantificação e amplificação do DNA	37
3.6.3.	Análise de dados e estimativas dos parâmetros de diversidade genética	38
3.6.4.	Análise de dissimilaridade genética	39
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
4.1.	Estimativa de parâmetros genéticos.....	40
4.2.	Ganho de seleção.....	48
4.3.	Efeito da seleção nas frequências alélicas das populações.....	56
5.	CONCLUSÕES.....	64
6.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	65
7	VITA.....	77

RELAÇÃO DE TABELAS

	Página
1. Principais características dos genitores da população de seleção recorrente CNA 11. Embrapa	26
2. Resumo da análise da variância considerando todos os fatores como aleatórios.....	34
3. Resumo da análise da variância considerando todos os fatores como aleatórios.....	36
4. Quadrados médios para o caráter ciclo vegetativo (dias) nas classes CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA cultivadas em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar nos anos 2001/02 e 2002/03.....	42
5. Quadrados médios para o caráter estatura de planta (cm) nas classes CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA cultivadas em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar nos anos 2001/02 e 2002/03.....	43
6. Ciclo vegetativo (dias) e estatura de planta (cm) para as famílias selecionadas das classes CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA nos anos agrícolas 2001/02 e 2002/03.....	45
7. Variâncias genotípica (σ^2_G) e fenotípica (σ^2_P) e herdabilidade (h^2) para o caráter ciclo vegetativo em famílias selecionadas das populações CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA.....	46
8. Variâncias genotípica (σ^2_G) e fenotípica (σ^2_P) e herdabilidade para o caráter estatura de planta em famílias selecionadas das populações CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA.....	47
9. Resumo da análise de variância para ciclo vegetativo (dias), estatura de planta (cm) e rendimento de grãos (kg ha^{-1}) de oito populações de arroz irrigado, em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.....	49

10	Ciclo vegetativo (dias) de oito populações de arroz irrigado e três testemunhas em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.....	50
11	Estatura média de plantas (cm) de oito populações de arroz irrigado e três testemunhas, em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.....	51
12	Rendimento médio de grãos (kg ha^{-1}) de oito populações de arroz irrigado e três testemunhas, em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.....	53
13	Ciclo vegetativo médio (dias) e ganho de seleção realizado (GS) na população CNA 11-0-0.....	53
14	Estatura média de plantas (cm) e ganho de seleção realizado (GS) na população CNA 11-0-0.....	54
15	Locos de microssatélites, cromossomo abrangido (CR), seqüência de bases nitrogenadas, número de alelos, alelo de maior freqüência e conteúdo informativo de polimorfismo (PIC) observados na população CNA 11-0-0 e em sete populações derivadas.....	57
16	Freqüência alélica de vinte marcadores do tipo microssatélites na população CNA 11.....	58
17	Estimativa dos parâmetros H_0 (diversidade genética de cada loco em cada população), H_{pop} (diversidade genética média de cada loco nas oito populações), $H_{\text{espécie}}$ (diversidade genética de cada loco nas oito populações), $H_{\text{pop}}/H_{\text{espécie}}$ (proporção da diversidade genética presente dentro das populações em cada loco), $(H_{\text{espécie}} - H_{\text{pop}})/H_{\text{espécie}}$ (proporção da diversidade genética presente entre as populações em cada loco).....	59
18	Estimativa da diversidade genética dentro das populações \bar{H}_{pop} ; diversidade genética total ($\bar{H}_{\text{espécie}}$); proporção da diversidade genética dentro das populações ($\bar{H}_{\text{pop}} / \bar{H}_{\text{espécie}}$) e proporção da diversidade genética presente entre as populações ($(\bar{H}_{\text{espécie}} - \bar{H}_{\text{pop}}) / \bar{H}_{\text{espécie}}$).....	62

RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
1. Diagrama da síntese das populações derivadas da população original CNA 11-0-0.....	27
2. Dendrograma de oito populações obtidas a partir da análise de microssatélites utilizando o índice de dissimilaridade de Nei (1978) e o método de agrupamento UPGMA. Coeficiente de correlação cofenética (r) = 0,80.	63

1. INTRODUÇÃO

O incremento do potencial produtivo em novas variedades de arroz irrigado é um dos principais desafios para o melhoramento genético neste milênio. O lançamento de genótipos altamente produtivos e com exigências tecnológicas similares às empregadas em lavouras comerciais é uma alternativa para tornar a cultura do arroz irrigado mais competitiva, tanto nacional, como internacionalmente.

Os programas de melhoramento genético de arroz irrigado da Embrapa Clima Temperado e do Instituto Riograndense do Arroz (IRGA) já mostraram sua eficiência através do lançamento das variedades em uso no sul do Brasil, como BR-IRGA 409, BR-IRGA 410, BRS 6 “Chuí”, BRS 7 “Taim”, IRGA 416, IRGA 417 e BRS Pelotas, entre outras. Contudo, após o grande avanço obtido no início da década de 80, quando as cultivares tradicionais de porte alto foram substituídas pelas modernas de porte baixo e a produtividade de arroz irrigado aumentou cerca de 50% nos estados do sul do País, o potencial produtivo dos novos genótipos não tem sido significativamente alterado e os esforços para superá-lo não têm resultado em ganhos expressivos.

A estreita base genética das populações e os métodos tradicionais

utilizados no melhoramento de arroz irrigado no Brasil talvez sejam aspectos determinantes para a ausência de novos patamares de rendimento de grãos. Estes métodos maximizam a endogamia e reduzem de maneira drástica as oportunidades de recombinação. Uma das estratégias preconizadas para romper este patamar produtivo estabelecido é a utilização da seleção recorrente. Este método de melhoramento incrementa a frequência de alelos favoráveis em uma população através de ciclos de seleção e intercruzamentos, explorando a variabilidade genética e resultando em uma maior probabilidade de obtenção de ganhos genéticos.

Assim sendo, é fundamental a avaliação de populações de base genética ampla, as quais são ideais para entrar em um esquema de seleção recorrente. No sul do Brasil, há a disponibilidade da população CNA 11, desenvolvida especificamente para as condições edafoclimáticas da região. Essa população, apesar de ter sofrido avaliações, ainda carece de maiores informações, principalmente, em relação a caracteres envolvidos com a adaptação ao ambiente. Portanto, o objetivo do trabalho foi de avaliar a aptidão da população CNA 11 para melhoramento dos caracteres ciclo vegetativo e estatura de planta através de um ciclo de seleção recorrente, estimar parâmetros genéticos desses caracteres e verificar possíveis alterações nas frequências alélicas da população.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. O Arroz

2.1.1. Origem e evolução

O arroz cultivado (*Oryza sativa* L.) pertence à divisão das angiospermas, classe monocotiledônea, ordem Glumiflorae e família Poaceae. Essa família engloba duas tribos de importância alimentar, a Zizaneae e a Oryzeae, subfamília *Poideae*. A tribo Zizaneae inclui o gênero *Zizanea*, designado pelos norte-americanos como “wild rice” (arroz selvagem), o qual apresenta uma relação de parentesco com o arroz cultivado no Brasil. O gênero *Zizanea* apresenta quatro espécies, comumente encontradas nas regiões alagadiças dos Estados Unidos da América e do norte da China. A tribo Oryzeae, que contém o gênero *Oryza*, conta com cerca de 23 espécies, com destaque para duas: *Oryza glaberrima* Steud, conhecida como arroz africano, e *Oryza sativa* L., chamado de arroz asiático, mais conhecida por sua importância na alimentação humana (Liscomb et al., 1996; Terres et al., 1999; Magalhães Júnior et al., 2004).

Estudos genéticos, citogenéticos e moleculares demonstram a existência de cinco genomas distintos do gênero *Oryza*, denominados em nível diplóide AA, BB, CC, EE e FF, além de doisanfidiplóides, BBCC e CCDD (Watanabe,

1997). O estabelecimento de um agrupamento de espécies do gênero *Oryza* enfrenta muitas dificuldades, uma vez que muitas espécies foram caracterizadas por descritores morfológicos, os quais variam em função do ambiente. O advento da biotecnologia através do uso da análise de DNA poderá permitir o estabelecimento de novas relações filogenéticas dentro de gênero *Oryza*. Citogeneticamente as espécies *O. glaberrima* e *O. sativa* são diplóides, com número básico de 12 cromossomos ($2n = 24$ cromossomos), mas, apesar da grande semelhança, existem diferenças entre seus genomas e, por isso, o genoma da *Oryza sativa* é representado por AA e o da *Oryza glaberrima* por A⁹A⁹ (Watanabe, 1997). Embora possam apresentar alogamia entre si, dependendo das condições de ambiente, ambas as espécies são predominantemente autógamas.

A espécie *Oryza sativa*, é originária da Ásia, provavelmente do sul da Índia, onde as condições de solo são favoráveis para o seu cultivo. A partir deste local a espécie disseminou-se para China, Coréia, Japão e outros países da Ásia e, mais tarde, para outros continentes, através da expansão do cultivo pelos árabes. A cultura foi introduzida na América pelos espanhóis e no Brasil, pelos portugueses (Tsunoda, 1997). Essa espécie pode ser diferenciada em três subespécies: Indica, Japônica-temperada e Japônica-tropical ou Javânica, considerando a distribuição geográfica e características morfofisiológicas. Diferenças com respeito a caracteres agronômicos e industriais, tais como a tolerância a baixas temperaturas, resistência à seca (no caso de arroz de terras altas) e ao acamamento, longevidade das sementes, eficiência fotossintética das folhas e relação comprimento/largura do grão (Morishima et al. 1981).

Segundo Terres et al. (1999), a subespécie Indica é distribuída, predominantemente, em regiões de clima tropical, inclui plantas mais tolerantes à seca na fase reprodutiva, com tipo e grão longo ou longo-fino-cilíndrico, com baixo teor de amilopectina, também chamado “patna” ou “agulhinha”, não glutinoso. Por outro lado, a subespécie Japônica-temperada ocorre, predominantemente, em regiões de clima subtropical ou temperado. Como regra, as plantas são mais tolerantes ao frio na floração e pré-floração e possuem grãos curtos, da classe japonico ou cateto, com alto teor de amilopectina, sendo por isto conhecido como “glutinosos”. A subespécie Japônica-tropical está geograficamente mais restrita à ilha de Java, na Indonésia. As plantas desta subespécie apresentam tolerância mediana ao frio e à seca na fase reprodutiva e possuem grãos da classe médio-oblonga.

2.1.2. Importância sócio-econômica do arroz

O arroz é a principal fonte de energia para a maioria dos seres humanos, principalmente para as populações pobres dos países de regiões tropicais e subtropicais e dos chamados países emergentes ou em fase de desenvolvimento. Para muitas regiões do globo, especialmente, no continente asiático, esse cereal também é, dentro do setor primário, a principal fonte econômica. A produção mundial de arroz com casca entre os anos 1987 e 2002 variou de 461 a 611 milhões de toneladas com uma média de, aproximadamente, 547 milhões de toneladas de grãos, obtida em uma área de aproximadamente 149 milhões de hectares, sendo que cerca de 85% dessa área foi cultivada no continente asiático. Na safra 2001/02, a produção foi de

576 milhões de toneladas de arroz com casca numa área de 147 milhões de hectares (FAO, 2004).

No Brasil, o arroz é uma das culturas mais importantes dentre os cereais anuais de verão, além de ser um dos principais alimentos básicos, portanto, uma das maiores fontes calóricas da população. O consumo de arroz “per capita” anual, na década de 90, andou ao redor de 45 kg de grãos polidos (ou cerca de 65 kg de grãos com casca). O consumo total (direto, indústria, sementes e perdas) foi de, aproximadamente, de 11,7 milhões de toneladas de grãos com casca no período de 1987 a 1997 (Azambuja et al. 2002).

A produção de arroz irrigado do Rio Grande do Sul é estratégica para o Brasil. O Estado responde por cerca de 52% da produção total de arroz e mais de 77% da produção nacional de arroz agulhinha, preferido nos grandes centros urbanos brasileiros. Com relação ao total de grãos produzidos no país, o arroz gaúcho chega a representar 4,7% e participa com 3,5% do total do PIB agrícola brasileiro e com 0,6% do total do *agribusiness* nacional. Do ponto de vista social, a atividade orizícola no Rio grande do Sul envolve anualmente um contingente expressivo de recursos humanos. Segundo o Sindicato das Indústrias de Arroz do RS (SINDARROZ), esse contingente, em 1978, era de cerca de 110 mil empregados, em 1995, aproximadamente 215 mil (192 mil diretamente na produção e 23 mil no setor agro-industrial) e, atualmente, ao redor de 240 mil (Azambuja et al. 2002).

O bom desempenho da orizicultura gaúcha está associada à predominância da lavoura irrigada artificialmente, que garante o suprimento de água, em propriedades de tamanhos médios ou grandes, com utilização

intensiva de tecnologia, salientando-se a utilização de material genético de alta qualidade e de práticas de manejo que visam maximizar a expressão do potencial genotípico das cultivares liberadas para o cultivo no Estado (genética e manejo).

Contudo, os desafios impostos ao setor orizícola pelos consumidores, produtores e pelos planos governamentais são de diversas ordens. Os consumidores cobram produtos de alto rendimento, de melhor sabor e mais nutritivos, de boa apresentação e com preços acessíveis. Os agricultores buscam materiais que reünam alta produtividade com menor custo de produção. Os planos e estratégias de governo também buscam influir no trabalho de geração de novos genótipos.

2.1.3. Melhoramento genético do arroz: métodos e efeitos

A criação de cultivares superiores é o principal objetivo do melhoramento genético de plantas. O sucesso no alcance deste objetivo depende da habilidade do melhorista em definir claramente quais os caracteres a serem melhoradas, distinguir e planejar os melhores cruzamentos (combinações de pais) entre as numerosas opções que constituem o germoplasma mundial. Um dos aspectos fundamentais para o sucesso no desenvolvimento de novos genótipos é o método de condução das populações segregantes empregado. De maneira geral, é necessário definir o processo de seleção apropriado que deve ser empregado na condução das gerações segregantes. Muitos estudos e propostas têm sido feitos com o objetivo de oferecer métodos seguros para

avaliar e selecionar plantas (Allard, 1971; Fehr, 1987). O sucesso da seleção de plantas está diretamente relacionado com a variabilidade genética e a herdabilidade dos caracteres sob seleção, os quais são, quase sempre, muito influenciados pelas condições de ambiente (Badan, 1999).

Segundo Allard (1971), os métodos de melhoramento mais eficientes para espécies autógamas podem ser agrupados em três categorias: a) seleção de plantas individuais com teste de progênie; b) seleção massal; c) hibridação, sendo as gerações segregantes conduzidas pelos métodos genealógico (*pedigree*), populacional (*bulk*) ou de retrocruzamento. Segundo o mesmo autor, todos esses métodos estão baseados no fato de que autofecundações sucessivas levam à homozigose em poucas gerações.

Inúmeros textos que abordam o melhoramento genético vegetal descrevem detalhadamente os procedimentos gerais, vantagens e desvantagens dos principais métodos utilizados em plantas autógamas (Allard, 1971; Jennings, 1979; Fehr, 1987; Pinto, 1995). Contudo, na cultura do arroz, especificamente, a literatura não relata um grande número de trabalhos que tenham como objetivo principal estabelecer comparações sobre a eficiência dos métodos de melhoramento mais utilizados na espécie. Jennings (1979), discutindo os métodos de melhoramento mais utilizados na cultura do arroz, concluiu que: a) o método de seleção massal não gerava ganhos importantes na produtividade do arroz tropical (Índica), tendo valor limitado quando o objetivo era de aumentar os rendimentos de grãos com cruzamentos que segregavam amplamente para caracteres de baixa herdabilidade. Contudo, um sistema modificado de seleção massal pode ter um bom potencial para o melhoramento

de arroz quando a área ou região de cultivo para a qual a população está sendo desenvolvida, apresenta uma produtividade moderadamente baixa. b) O método de retrocruzamento usado para transferir o caráter de uma cultivar (não recorrente) para outra que apresenta deficiência para o mesmo (recorrente), não tem sido muito utilizado. Contudo, o método poderia ser muito útil na resolução de problemas específicos, cujo caráter é controlado por um ou poucos alelos, de preferência recessivos. Na cultura do arroz o retrocruzamento tem sido utilizado para transferência de resistência a enfermidades e introgressão de genes para qualidade de grãos (Jennings et al., 1979). c) O método genealógico é o mais utilizado. Entre suas muitas vantagens, cabe destacar a possibilidade da avaliação precoce das plantas selecionadas no campo, dando uma base sólida para o descarte de linhas indesejáveis no programa. Entretanto, o método apresenta algumas desvantagens, que devem ser consideradas na sua implementação. Entre elas, as principais são: 1) o excesso de tempo necessário para avaliar periodicamente as linhas e manter os registros atualizados; 2) impossibilidade de utilizar ambientes nos quais a variabilidade genética não é expressa e, 3) permite uma forte influência do ambiente na manifestação fenotípica.

Como regra, o modelo tradicional utilizado no melhoramento genético de arroz sempre esteve baseado na seleção direta para rendimento de grãos, com a utilização intuitiva de conceitos básicos de fisiologia e de observações nas variações morfológicas da planta, que lhe confirmam maiores vantagens adaptativas (Pinheiro, 1999). A relação entre os caracteres morfológicos e o rendimento de grãos tem recebido uma atenção considerável desde os

primeiros trabalhos desenvolvidos por Tsunoda (1962). A idealização de modelos de plantas, ou ideótipo, como método de melhoramento foi proposta por Donald (1968) e, mais recentemente, por Kush et al. (1995), como uma alternativa ao modelo tradicional. Entre os principais caracteres adaptativos da cultura do arroz que devem ser considerados quando do estabelecimento de um ideótipo de planta, três exercem papel fundamental na escolha dos procedimentos a serem utilizados no programa de melhoramento genético: estatura de planta, ciclo e rendimento de grãos. A produtividade elevada das cultivares modernas de arroz estão relacionadas com sua baixa estatura (Pinheiro, 1999). A introdução de alelos que determinam as características das plantas semi-anãs atualmente cultivadas, principalmente, no sistema irrigado por inundação, aumentou notavelmente a capacidade produtiva deste cultivo, devido, em grande parte, a uma melhor resposta à adubação nitrogenada e à resistência ao acamamento.

Outro importante fator adaptativo de uma cultivar é o seu ciclo de desenvolvimento, que compreende o período que vai da emergência das plantas à maturação. Quatro aspectos climáticos estão intimamente relacionados com a definição do ciclo desejável para uma cultivar: o fotoperíodo, pois o ciclo pode variar de acordo com o comprimento do dia entre excessivamente longo ou curto demais; a temperatura, visto que cada fase fenológica da planta apresenta valores críticos, mínimos e máximos; a radiação solar, cuja exigência varia de uma fase fenológica para outra, sendo os maiores incrementos de produtividade para os níveis crescentes de radiação solar, obtidos, respectivamente, nas fases reprodutiva e de maturação; e a necessidade hídrica, associada à época de

semeadura, à precipitação pluviométrica e à evapotranspiração (Steinmetz & Meirelles, 1999). Como exemplo prático da interação destes fatores e sua influência sobre o ciclo das cultivares melhoradas, a ocorrência de chuvas nos meses de setembro (final) ou outubro (início), aliada às baixas temperaturas do solo e do ar, pode retardar a germinação das sementes ou a emergência das plantas em mais de 20 dias. O retardamento da época de semeadura ou mesmo da emergência das plantas, por vezes, pode levar ao atraso no período reprodutivo, o qual poderá determinar uma coincidência da fase crítica de antese com períodos de ocorrência de temperaturas mínimas inferiores a 15°C, levando a decréscimos de rendimento de grãos de até 50% (Terres et al., 1999).

A combinação da utilização de cultivares de arroz modernas, com ciclo curto, baixa estatura de planta, elevado afilhamento, resposta a doses de nitrogênio e resistentes ao acamamento, com práticas de manejo adequadas levou a um ganho de rendimento superior a 30% (Carmona et al., 1994).

Embora apresentem as vantagens já destacadas, os programas tradicionais de melhoramento genético de arroz irrigado utilizam métodos que maximizam a endogamia. No procedimento normal, o incremento da endogamia pelo avanço das gerações segregantes através de autofecundações leva a uma redução drástica nas oportunidades de recombinação, uma vez que com alelos idênticos em um mesmo loco, os processos de intercruzamento não são efetivos para a produção de novas combinações alélicas. Assim, os métodos tradicionais utilizados nos programas de melhoramento de arroz, em especial o genealógico, restringem a obtenção de novas combinações favoráveis de alelos (Martinez et al., 1997).

Segundo Jensen (1970) e Canci et al. (1997), nos sistemas convencionais de melhoramento de espécies autógamas, a utilização de um número limitado de pais resulta na formação de um “pool” gênico pequeno, podendo contribuir para a eliminação de alelos importantes. A principal consequência da limitação da diversidade genética é a redução da possibilidade de ganhos adicionais na seleção devido ao pequeno tamanho do conjunto gênico explorado (Hanson, 1959).

2.1.4. Seleção recorrente em arroz

Métodos de melhoramento utilizados em plantas alógamas podem ser perfeitamente utilizáveis em espécies autógamas, especialmente aqueles que incrementam a possibilidade de intercruzamentos e a probabilidade de recombinação. Esses métodos têm por objetivo incrementar a frequência de alelos favoráveis em uma população, permitindo a seleção de linhas superiores. Nesse sentido, a seleção recorrente, técnica utilizada amplamente em espécies alógamas (Doggett, 1972; Ospina et al., 1997), pode, também, ser aplicado em autógamas (Fujimaki, 1979; Baltenberger et al. 1988; Parlevliet et al. 1988; Prohaska et al., 1981; Ospina et al., 1997), sendo especialmente aplicável a caracteres quantitativos, independentemente do tipo de ação gênica.

A seleção recorrente pode ser definida como um processo cíclico de seleção, a partir de uma população de ampla base genética, dos melhores indivíduos ou progênies, para, posteriormente, recombiná-los e formar uma nova população melhorada (Fehr, 1987; Paterniani et al., 1987). A nova população

obtida é utilizada como base para um novo ciclo de seleção, e assim por diante. Um dos mais importantes componentes de uma população em inter cruzamento é o ganho de variabilidade genética, associada à quebra de blocos de ligação (Canci et al., 1997).

Segundo Rangel et al. (1992) apesar dos inúmeros cruzamentos submetidos à seleção na década de 80, os ganhos genéticos para o rendimento do arroz irrigado têm sido de pequena magnitude. Esse fato pode ser atribuído, em parte, à limitação da diversidade genética encontrada nos programas de melhoramento. No Brasil, sete variedades ancestrais são responsáveis por cerca de 81% do conjunto gênico (Rangel et al., 1996). No Rio Grande do Sul, apenas seis ancestrais (Deo Geo Woo Gen, Cina, Lati Sail, 1 Geo Tse, Mong Chin Vang A e Belle Patna) contribuem com 86% dos genes das cultivares de arroz mais plantadas (Rangel et al., 1996). Como consequência, além do estabelecimento de um patamar de produtividade, ocorreu, também, um menor potencial de geração de variabilidade, resultando em genótipos com alto grau de parentesco e de similaridade de seus caracteres morfo-fenológicos e agronômicos.

A redução da variabilidade genética leva a uma diminuição da possibilidade de ganhos de seleção, notadamente para caracteres quantitativos como rendimento de grãos, pois o melhorista passa a manejar um conjunto gênico de tamanho limitado (Hanson, 1959; Rangel et al., 1998). Assim, para aumentar os ganhos genéticos em produção e outras caracteres agronômicos em arroz irrigado, uma possibilidade é criar populações de ampla base genética e manejá-las pelo método de seleção recorrente.

O processo de recombinação exigido na seleção recorrente é dependente da fecundação cruzada ao acaso e sua aplicação em espécies autógamas depende mais da adaptação da espécie à alogamia do que, propriamente, da adaptação do método a espécies autógamas. Seu uso limitado nestas espécies é devido, em parte, a dificuldade para realizar cruzamentos para a recombinação em cada ciclo de seleção. Uma vez superado este problema, a espécie autógama passa a ter, artificialmente, o comportamento reprodutivo semelhante ao das espécies alógamas. A macho-esterilidade genética em arroz, obtida em um mutante da cultivar IR 36 mediante mutagênico químico (Singh et al., 1981), possibilitou a polinização cruzada a campo, viabilizando o uso da seleção recorrente nos programas de melhoramento (Fujimaki, 1979).

No Brasil, o método de seleção recorrente vem sendo utilizado nos programas de melhoramento populacional de arroz irrigado com o objetivo de gerar linhas de rendimento de grãos superior às cultivares atualmente em cultivo e que apresentem caracteres agrônômicos e industriais favoráveis (Rangel, 1992; Rangel et al., 1992 a; Rangel, 1995; Rangel et al., 1997). No Rio Grande do Sul, mais especificamente em arroz irrigado, os trabalhos utilizando esta metodologia tiveram início a partir de meados da década de 90, com os primeiros trabalhos de avaliação de famílias $S_{0:2}$ originárias das populações CNA1 e CNA-IRAT 4 (Fagundes et al., 1995; Fagundes et al., 1997). Mais recentemente, foi sintetizada a população CNA 11, específica para o sul do Brasil, cuja característica principal é a presença de genes para tolerância ao frio, qualidade de grãos, resistência a brusone (*Pyricularia oryzae*) e tolerância à toxidez por ferro (Rangel et al., 1998).

2.1.5. Parâmetros Genéticos

A estimativa, interpretação e compreensão dos parâmetros genéticos permitem o estabelecimento de procedimentos a serem adotados na condução do processo de melhoramento. O entendimento desses parâmetros possibilitam a tomada de decisões com relação à manutenção de determinadas populações no programa, necessidade de ampliação da variabilidade através da introgressão de novos genótipos e intensidade de seleção a ser tomada. Para um determinado caráter, a efetividade da seleção depende da importância relativa dos fatores genéticos e não genéticos na expressão das diferenças fenotípicas (Fehr, 1987). Essa importância relativa pode ser definida através da estimação de parâmetros como variâncias de ambiente, fenotípica e genotípica (aditividade, dominância e epistasia) e herdabilidade.

Herdabilidade (h^2) é a proporção da variância genotética (σ^2_G), que contribui para a variância fenotípica (σ^2_P). A variância fenotípica pode ser subdividida em componentes de variância atribuídos a fatores que causam diferenças de comportamento entre os indivíduos ($\sigma^2_P = \sigma^2_E + \sigma^2_{GE} + \sigma^2_G$), onde: σ^2_E é a variância do erro experimental ou de ambiente; σ^2_{GE} representa as diferenças entre fenótipos causadas pela interação genótipo x ambiente e σ^2_G é a variância genética. A variância genotípica expressa a variação atribuída a diferenças genéticas entre os indivíduos, sendo composta pela soma das variância aditiva (σ^2_A), de dominância (σ^2_D) e epistática (σ^2_I) (Fehr, 1987).

O conceito de herdabilidade pode ser expresso nos sentido amplo ou restrito. No sentido amplo trata-se da proporção da variância genotípica total,

incluindo as variâncias de dominância, aditiva e epistática, que contribui para a variância fenotípica. A herdabilidade no sentido restrito é a proporção da variância genética aditiva que contribui para variância fenotípica, sendo este o conceito mais útil, porque mede a importância da porção aditiva da variância genotípica que pode ser transmitida aos descendentes (Fehr, 1987).

Os estimadores de herdabilidade são influenciados pela quantidade de variância genotípica presente para um caráter na população estudada e podem variar conforme a população, caráter avaliado, método de estimativa, tamanho da amostra, número e tipo de ambientes e unidades experimentais consideradas (Badan, 1999). O número de pais e a diversidade genética destes exercem um efeito direto sobre a quantidade de variação genética presente. A quantidade de autopolinização na população influencia a variância genética entre os indivíduos. Com o aumento da endogamia, ocorre o aumento da variância genética entre os indivíduos. Assim, a herdabilidade pode variar em função da geração em que se encontram os indivíduos (Nyquist, 1991).

Na literatura existe uma extensa lista de trabalhos em que os autores buscaram estimar e discutir os parâmetros genéticos de populações de arroz (Badan, 1999; Lopes, 2002). Segundo Badan (1999), as discussões que acompanham os resultados destas estimativas, de modo geral, estão relacionadas com a eficiência da seleção para determinado caráter, sua implicação sobre o método de melhoramento utilizado; tipo de herança e efeito gênico (aditivo, dominante, epistático) ou, ainda, mais freqüentemente, abordagem sobre estimativas de herdabilidade de um dado caráter e suas alterações de uma geração para outra.

Para o caráter ciclo vegetativo os valores de h^2 variaram de 47,7%, em estudo conduzido com a população de arroz irrigado CNA-IRAT 4me/1/1 (Santos et al, 1997) a 98,2%, para três linhas macho-estéreis de arroz e seus híbridos (Saravanan et al., 1997). Valores elevados de h^2 para este caráter também foram relatados por Datke et al. (1997), Almeida et al. (1998), Badam (1999) e Lopes (2002). Para estatura de planta foram encontrados valores de h^2 variando de 32,7% (Santos et al., 1997) a 95,6% para famílias $S_{0.1}$ selecionadas da população de arroz irrigado CNA 1 (Rodriguez et al., 1998). Datke et al. (1997), Mehetre et al. (1996), Saravanan et al.(1997), Badam (1999) e Lopes (2002) corroboram com as observações de valores elevados, acima de 80%, para estatura de planta.

2.1.6. Ganho ou progresso obtido pela seleção

O ganho ou progresso de seleção (GS) é um aspecto de fundamental importância em programas de melhoramento. Sua estimativa fornece uma oportunidade de correlacionar ganhos alcançados com os métodos de melhoramento empregados, permitindo a alteração dos objetivos propostos inicialmente (Russell, 1977). Segundo Rangel (2001), além de estimar os ganhos esperados, os melhoristas devem avaliar os ganhos observados a fim de proceder a uma análise crítica da eficiência dos procedimentos adotados e planejar estratégias a serem usadas nos períodos subseqüentes.

Diversos métodos são utilizados para medir o progresso genético. Um dos mais empregados é a comparação de cultivares de diferentes épocas em ambientes comuns, como os realizados nas culturas do trigo (Cox et al., 1988;

Franco et al. 1988; Nedel, 1994), feijão (Abreu et al., 1994), aveia branca (Barbosa Neto et al., 2000) e soja (Costa et al., 1981; Rubin, 1996). Outro método muito utilizado está baseado em ensaios de competição de genótipos (linhagens e cultivares), o qual utiliza dados já existentes, não necessitando de experimentos específicos para coleta de dados (Soares et al., 1992; Santos et al. 1999).

O ganho de seleção alcançado de geração em geração é uma das maneiras de medir a eficiência da seleção no desenvolvimento de novos genótipos. A informação sobre ganho de seleção para os caracteres ciclo vegetativo e estatura de planta é rara na cultura do arroz. Contudo, a literatura relata uma série de resultados para estes caracteres em outras espécies de interesse agrônomo. Em trigo, Ehdaie et al. (1989) relataram ganhos de seleção de 5,9% para ciclo vegetativo e 11,4% para estatura de planta em linhas puras de trigo selecionadas a partir de variedades crioulas (*landraces*). Reis et al. (2000), estudando o potencial genético de duas populações de milho submetidas a 10% de pressão de seleção, obtiveram um ganho de seleção de 11,2% para o caráter estatura de planta. Da mesma forma, Chalik et al. (2001) obtiveram ganhos de seleção de 9,3% e 12,1%, para estatura de planta em duas populações sintéticas de milho, respectivamente, em dois ciclos de seleção. Em soja, Oliveira et al. (1999), trabalhando com uma população F_2 , obtiveram ganhos de seleção de 7,6% e 25,6% para ciclo vegetativo e estatura de planta, respectivamente.

O advento da seleção recorrente em arroz irrigado como uma forma sistemática de obtenção de ganhos, notadamente para produção de grãos,

qualidade de grãos e resistência a pragas e doenças, exige que sejam adotadas metodologias para estimação do progresso genético, entre as quais as propostas por Falconer (1981), Fehr (1987), Paterniani et al. (1987) e Ramalho et al. (1993) encontram-se entre as mais utilizadas.

Diversos trabalhos com arroz irrigado têm sido realizados com o objetivo de avaliar o potencial de populações para fins de melhoramento. O primeiro estudo desta natureza foi conduzido por Morais (1992) na população CNA-IRAT 4/0/3, que obteve ganhos de 7,2% por ciclo de seleção para rendimento de grãos. Através da estimativa de outros parâmetros (herdabilidade, coeficiente de variação genética e índice de variação), o autor concluiu que a população possuía potencial genético para fins de melhoramento, desde que manejada adequadamente. Rangel et al. (1998), avaliando a população de arroz irrigado CNA 1, verificaram que de um ciclo de seleção para outro, havia uma redução de 4,6% para 3,3% nos ganhos genéticos. Mais tarde, Rangel et al. (1998) relataram que após três ciclos de seleção recorrente na população de arroz irrigado CNA-IRAT 4 foi obtido um ganho médio de seleção para rendimento de grãos de 4,6% em relação à média das famílias do primeiro ciclo.

2.1.7. Alterações nas frequências alélicas

As populações são caracterizadas por frequências alélicas e genotípicas, as quais, segundo a teoria de Hardy e Weinberg, sob condição de polinização cruzada ao acaso permanecem em equilíbrio de geração para geração, na ausência de migração, mutação, deriva genética e seleção (Hallauer et al.,

1981). Desta forma, as populações em processo de recombinação sem seleção, obedecendo as premissas citadas, devem ter freqüências alélicas e genotípicas semelhantes às da população original, salvo pequenos desvios causados por erros de amostragem. Contudo, a maioria dos programas de melhoramento tem como objetivos o aumento da produtividade e a manutenção ou a melhoria de caracteres adaptativos, que permitam a expressão do potencial produtivo, atendendo as necessidades dos agricultores, da indústria e dos consumidores. Para atingir estes objetivos, o melhorista de plantas lança mão de procedimentos de seleção das melhores plantas, provocando alterações nas freqüências alélicas das populações com que desenvolve seu programa. A perfeita percepção do tipo de cultivar desejada, do ambiente alvo e a escolha criteriosa dos genitores, com ampla variabilidade genética que não comprometam a média da população e que se complementem para caracteres importantes, são procedimentos fundamentais para o sucesso de um programa de melhoramento. Outro aspecto importante, sob o ponto de vista da variabilidade genética, é estabelecer o número de ciclos de seleção-recombinação (intercruzamento) que permitam a exploração do potencial máximo da população.

Vários autores estabeleceram a utilidade de ciclos de recombinação para melhorar o desempenho médio e manter uma variabilidade suficiente nas gerações segregantes de espécies autógamas. Marin-Garavito (1994), determinou o efeito de três ciclos de recombinação sobre a variabilidade genética de populações de arroz. Os resultados mostraram que não houve diferenças significativas entre ciclos para os caracteres floração, estatura de

planta, rendimento de grãos, número de panículas por metro quadrado, número de grãos cheios por panícula e peso de 1000 grãos. Isto indicou que tanto os materiais selecionados ao acaso na população básica (ciclo 0), como os dos outros três ciclos foram similares para estas características. Não houve mudanças nas frequências alélicas e, por consequência, na variabilidade genética, à medida que se incrementaram os ciclos de seleção e intercruzamentos. Resultados semelhantes foram obtidos por Cabezas-Santacruz (1995), que sugeriu que utilizar gerações de recombinação antes de iniciar a seleção de fato era uma prática de pequena eficiência sob o ponto de vista da liberação de variabilidade genética, além de retardar o processo de melhoramento e consumir um montante considerável de recursos.

A variabilidade genética e o relacionamento genético existente entre populações de arroz têm sido estudadas através de marcadores morfológicos (Morishima, 1969; Morishima et al., 1990), que são caracteres fenotípicos de variação discreta; marcadores enzimáticos, principalmente isoenzimas (Glaszmann, 1986 e Glaszmann, 1987; Moltalvan et al., 1995; Buso et al., 1998; Bonow et al., 2001) e marcadores de DNA (Ni et al., 2002; Garris et al., 2003; Lopes, 2002; MacCouch et al., 2004). Ni et al. (2002), utilizando 111 marcadores de microssatélites distribuídos por todo o genoma, avaliaram 38 cultivares e duas espécies selvagens de arroz. Os autores detectaram 753 alelos, variando de 1 a 17, com média de 6,8 alelos por loco, sendo que os marcadores empregados foram suficientes para distinguir todos os genótipos. Os grupos resultantes corresponderam exatamente às subespécies Indica e Japônica, com a japônica dividida nos tipos tropical e temperada. Da mesma forma, MacCouch

et al. (2004) separaram, com auxílio de marcadores tipo microssatélites, 236 linhas puras de arroz em cinco populações bem definidas, correspondendo aos tipos indica, australiano, aromático e japônicas tropical e temperada. Em outro trabalho utilizando marcadores do tipo microssatélite Garris et al. (2003) identificaram heterogeneidade genética entre 114 genótipos de arroz para o loco xa5, que codifica para resistência raça específica à moléstia denominada de Mancha parda. Além desses trabalhos, os marcadores microssatélites têm sido utilizados para quantificar a variabilidade genética em *Oryza sativa* na Austrália (Garland et al., 1999) e no Brasil (Lopes et al., 2002).

A divergência genética entre e dentro de populações pode ser obtida através de medidas de similaridade ou dissimilaridade entre os genótipos. Entre os métodos mais utilizados que caracterizam a diversidade genética (percentagem de polimorfismo e número de alelos por loco) encontram-se os de Nei (1973), Nei (1978), Nei e Li (1979). Mais recentemente, tem sido utilizada a metodologia proposta por Lewontin (1972), que utiliza para a mensuração da diversidade genética a função de Shannon-Wiever. Esta metodologia foi inicialmente empregada em estudos de genética humana por ser apropriada à análise de dados caracterizados pela presença-ausência de bandas, como os obtidos por marcadores dominantes, como RAPD. Vieira et al. (2004), utilizando a função de Shannon-Wiever, baseados em dados de RAPD, revelaram que 98% da variabilidade genética observada em quatro populações de azevém anual estava contida dentro das populações. Por outro lado, Busato et al. (2004), utilizando marcadores tipo RFLP, detectaram que 88% da diversidade genética entre populações de *Spodoptera frugiperda* foi mantida dentro da

população e 12% entre as populações. Outros autores têm empregado este método no estudo de espécies vegetais (Yun et al., 1998; Whitkus et al., 1998; Aga et al., 2003).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local

As etapas de avaliação, seleção de plantas e síntese do germoplasma utilizado nesse trabalho foram realizadas na Estação Experimental de Terras Baixas (ETB) da Embrapa Clima Temperado (Embrapa / CPACT), localizada no município de Capão do Leão, na região Litoral Sul do Rio Grande do Sul. As plantas selecionadas foram recombinaadas no inverno no Campo de Apoio à Pesquisa e Desenvolvimento do Formoso do Araguaia (CPDFA), no Estado do Tocantins, de propriedade da Embrapa Arroz e Feijão (EMBRAPA / CNPAF). Os experimentos para avaliação agrônômica das populações foram conduzidos no período de outubro a março, em dois anos agrícolas consecutivos (2001/02 e 2002/03), nos campos experimentais da ETB na Embrapa Clima Temperado, em Capão do Leão, e na Granja do Salso, em Santa Vitória do Palmar, ambos no Rio Grande do Sul. Os procedimentos de biologia molecular foram realizados no Laboratório de Genômica e Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, pertencente à Universidade Federal de Pelotas - UFPel, Rio Grande do Sul, Brasil.

3.2. Germoplasma

Neste trabalho foram utilizadas oito populações de arroz irrigado tomando-se como base a população CNA 11, sintetizada pela Embrapa Arroz e Feijão através da metodologia apresentada por Rangel et al. (1997). Essa população é constituída de genótipos superiores para rendimento de grãos, resistência à bicheira da raiz (*Oryzophagus oryzae*), à brusone (*Pyricularia grisea*), tolerância ao frio e à toxidez por ferro, precocidade, grãos de boa qualidade e macho-esterilidade (Tabela 1).

3.2.1. Obtenção das populações CNA 11-0-0, CNA 11-1-0, CNA 11-2-0 e CNA 11-3-0

A população CNA 11 foi submetida a três ciclos de seleção massal para eliminação das plantas fora de padrão (Figura 1). A população base (original) foi denominada de População de Ciclo Zero (CNA 11-0-0), ou seja, sem seleção e sem recombinação. As demais populações, com um, dois e três ciclos de recombinação, foram chamadas de Populações CNA 11 de Ciclo Um (CNA 11-1-0), Ciclo Dois (CNA 11-2-0) e Ciclo Três (CNA 11-3-0), respectivamente. Cada ciclo foi caracterizado pela amostragem de plantas e recombinação da amostra, seguindo a metodologia apresentada por Rangel et al. (1997).

TABELA 1. Principais características dos genitores da população de seleção recorrente CNA 11. Embrapa.

Genótipos	Genitores	Participação Relativa (%)	Características
BR-IRGA 409	IR 930-53/IR 665-31-2-4	6,25	Ampla adaptação; rendimento de grãos
CICA 8	CICA 4//IR 665/TETEP	6,25	Rendimento de grãos; tol. toxidez por ferro
CYPRESS	USA	6,25	Qualidade de grão
INI TACUARI	NEW BONNET/NEW REX L79	6,25	Qualidade de grão; precocidade
CL SEL. TY 12	Seleção TY 12 (Japônica)	6,25	Tolerância ao frio
IAS 12-9 FORMOSA	KAOSHSIUNG 21	6,25	Tolerância ao frio
L 202	USA	6,25	Tolerância ao frio
CL SEL. 251	Seleção RU8003005	6,25	Resistência à bicheira da raiz
CL 44-CA ₂ -16	RS 129/T1	6,25	Resistência à bicheira da raiz
IRI 342	MILYANG 23/IRI 1545	6,25	Resistência à brusone
KATY	USA	6,25	Resistência à brusone
CL SEL. 694-1	CAMPONI	6,25	Resistência à brusone
CNA 1	Macho-esterilidade (IR 36)	25,00	Alelo para macho-esterilidade

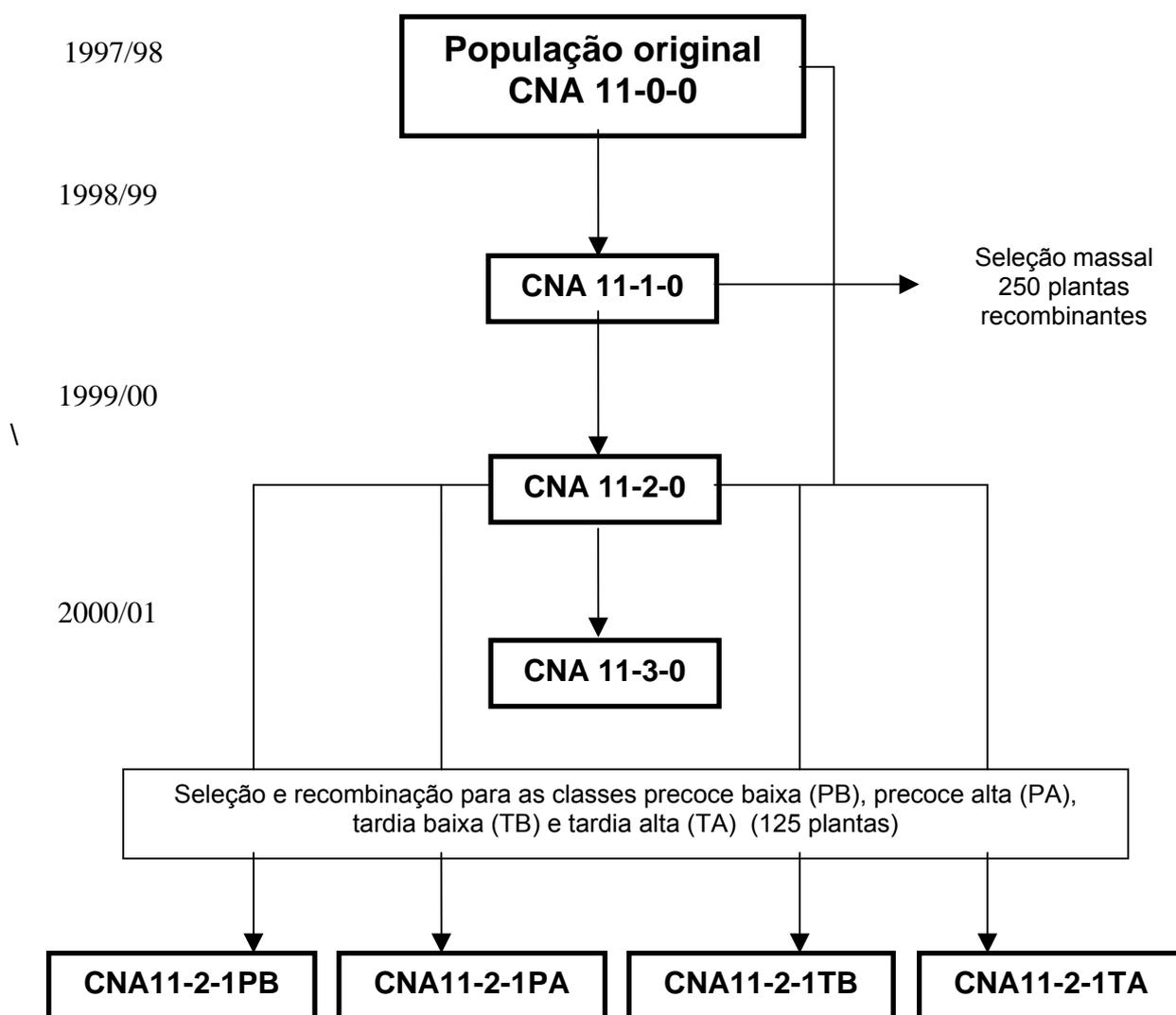


Figura 1. Diagrama da síntese das populações derivadas da população original CNA 11-0-0.

As populações CNA 11-0-0, CNA 11-1-0 e CNA 11-2-0 foram desenvolvidas previamente, nos anos agrícolas de 1997/98, 1998/99 e 1999/00, de acordo com o cronograma proposto no Subprojeto “Melhoramento Genético do Arroz Irrigado Para Alta Produtividade e Tolerância ao Frio Utilizando Seleção Recorrente”, vinculado ao Projeto “Melhoramento Genético de Arroz Irrigado” da Embrapa.

A população CNA 11-1-0 resultou da recombinação das plantas da população CNA 11-0-0. Para a recombinação da população foram retiradas, em 1999, aleatoriamente, 250 plantas da população CNA 11-0-0, as quais tiveram suas sementes (50 por planta selecionada) misturadas, formando um “bulk”, e semeadas no campo experimental da Embrapa Clima Temperado, no ano agrícola 1998/99. No procedimento de recombinação foram utilizadas 2100 plantas oriundas das sementes misturadas, semeadas em lote isolado. Para se ter um bom nível de recombinação, as plantas foram transplantadas em três épocas (700 plantas/época), espaçadas uma da outra em sete dias. Na floração, as plantas macho-estéreis foram identificadas e, na maturação, as sementes destas plantas foram colhidas individualmente. Quantidades iguais de sementes de cada planta macho-estéril foram misturadas para formar a população CNA 11-1-0.

Para a síntese da população CNA 11-2-0 foi utilizado o mesmo método descrito para a CNA 11-1-0, com as 250 plantas sendo retiradas desta última população no ano agrícola 1999/2000. A recombinação foi realizada no período compreendido entre maio e setembro de 2000 no CPDFA, da Embrapa Arroz e Feijão, em Formoso do Araguaia, Tocantins.

No ano agrícola 2000/01, a população CNA 11-2-0 foi implantada no Campo Experimental da ETB, sendo utilizada uma parcela contendo cerca de 4500 plantas. Inicialmente, a semeadura foi realizada em casa de vegetação, em caixas de madeira (58 cm x 28 cm x 4,5 cm), contendo 2 cm de solo de mato, sobre o qual foram colocadas aproximadamente 800 sementes (15 g), totalizando 4800 sementes distribuídas em seis caixas. As sementes foram cobertas com uma camada de 1 cm de solo. Após a semeadura, as caixas foram irrigadas abundantemente, empilhadas e cobertas com uma lona preta até a emergência das plântulas. A seguir, as caixas foram colocadas em um viveiro com irrigação, boa drenagem, boa ventilação e cobertura com sombrite (70%), onde estiveram até as mudas atingirem o estágio ideal para o transplante, 15 a 18 cm de estatura.

O transplante foi manual na época recomendada para a semeadura de arroz irrigado no Rio Grande do Sul, em área previamente sistematizada, adubada e inundada. A parcela da população foi constituída de 30 linhas de 25 metros de comprimento, com espaçamento de 0,50 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. Nesta população foi realizada uma amostragem de 250 plantas cujas sementes foram misturadas em proporções iguais e recombinadas, no campo CPDFA, para dar origem à população CNA 11-3-0.

3.2.2. Obtenção das populações CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA

Na safra 2000/01, paralelamente à recombinação na população CNA 11-2-0 e ormação da população CNA 11-3-0, foram selecionadas cerca de 500 plantas na população CNA 11-2-0, 125 de cada combinação das características

de ciclo precoce (P-subperíodo emergência-início da floração menor do que 85 dias) e tardio (T-subperíodo emergência-início da floração maior do que 90 dias) com estatura de planta baixa ($B < 90$ cm) e alta ($A \geq 90$ cm). Para cada combinação de ciclo com estatura de planta (classe), as sementes de cada planta foram misturadas, em proporções iguais e recombinadas conforme o método descrito para obtenção das populações CNA 11-1-0, CNA 11-2-0 e CNA 11-3-0. Esse procedimento deu origem a quatro novas populações CNA 11-2-1PB (população de ciclo 2, com 1 recombinação da classe precoce/baixa); CNA 11-2-1PA (população de ciclo 2, com 1 recombinação, da classe precoce/alta); CNA 11-2-1TB (população de ciclo 2, com 1 recombinação da classe tardia/baixa) e CNA 11-2-1TA (população de ciclo 2, com 1 recombinação da classe tardia/alta).

As sementes de todas as populações foram beneficiadas e conservadas em câmara fria, com temperatura de -15°C , pertencentes aos bancos de germoplasma Embrapa Arroz e Feijão e na câmara de conservação de sementes de arroz da Embrapa Clima Temperado.

3.2.3. Obtenção das famílias CNA 11-2-1 $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$

No ano agrícola 2000/01 as sementes remanescentes de cada uma das 125 plantas selecionadas para cada combinação de ciclo e estatura foram mantidas individualizadas. De cada planta foram retiradas cinco sementes para autofecundação. Após serem autofecundadas no CPDFA, deram origem a 500 famílias $S_{0:1}$ (125 Precoces Baixas, 125 Precoces Altas, 125 Tardias Baixas e 125 Tardias Altas). As famílias foram avaliadas para os caracteres ciclo

vegetativo e estatura de planta, sendo que houve a eliminação das famílias que deixavam dúvida sobre a classificação. A distribuição final das famílias de acordo com a classe foi: 114 famílias precoce baixa (CNA 11-2-1PB); 108 famílias precoce alta (CNA 11-2-1PA); 117 famílias tardia baixa (CNA 11-2-1TB) e 141 famílias tardia alta (CNA 11-2-1TA), perfazendo um total de 480 famílias.

As famílias $S_{0:2}$ foram obtidas a partir da seleção ao acaso de 20 plantas de cada família $S_{0:1}$ em 2001/02. As sementes de cada família foram trilhadas individualmente e misturadas para formar um "bulk".

3.3. Experimentos

3.3.1. Avaliação agrônômica das populações

As populações foram avaliadas para caracteres agrônômicos em dois locais (Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar) durante dois anos agrícolas (2001/02 e 2002/03). Os oito tratamentos, definidos pelas populações CNA 11-0-0, CNA 11-1-0, CNA 11-2-0, CNA 11-3-0, CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA, foram distribuídos em parcelas de 7,2 m², contendo nove linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas de 0,2 m entre si; seguindo o delineamento de blocos casualizados com três repetições. A área útil da parcela foi representada pelas cinco fileiras centrais, sendo eliminadas 0,5 m de cada extremidade, perfazendo um total de 3,0 m². A densidade de semeadura foi de 60 sementes aptas por metro linear.

3.3.2. Avaliação de famílias CNA 11-2-1 S_{0:1} e S_{0:2}

Nos dois anos de execução do experimento, as 480 famílias foram distribuídas em dez blocos com 48 famílias em cada bloco. O delineamento experimental foi o de blocos aumentados de Federer, usando como testemunhas as cultivares BRS Ligeirinho, BRS 6 “Chuí” e BRS 7 “Taím”.

As parcelas experimentais foram constituídas por uma fileira de quatro metros de comprimento, espaçadas de 0,2 m. A densidade de semeadura foi de 60 sementes viáveis/metro linear. A semeadura foi realizada, nos dois anos, no mês de novembro. A adubação, tratamentos culturais e o controle de insetos-fitófagos, doenças e plantas invasoras, bem como o manejo de água, foram realizados de acordo com as práticas, doses e épocas recomendadas para o cultivo do arroz irrigado no Rio Grande do Sul (IRGA, 2001).

A colheita foi realizada manualmente e as sementes trilhadas em trilhadeira estacionária para parcelas e secas, ao sol, até atingirem a umidade constante de 13%.

3.4. Caracteres agronômicos avaliados

Durante o ciclo de desenvolvimento e crescimento da cultura foram avaliados e anotados os dados dos seguintes caracteres para as populações e famílias.

a) Ciclo Vegetativo (CICVEG) – número de dias decorridos da emergência (50% das plantas) até o florescimento (50% das plantas da parcela com panículas emitidas).

b) Estatura de Planta (ESTPLAN) – distância, em centímetros, do solo ao ápice da panícula, medida na fase de maturação (100 plantas nas populações e 20 plantas nas progênies).

c) Rendimento de Grãos (RENDGR) – baseado na área útil definida para cada parcela ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$).

3.5. Análises estatísticas

As análises de variância dos caracteres fenotípicos foram realizadas com o programa SAS (SAS USER GUIDE, 1988), pelo procedimento GLM (Modelos Lineares Generalizados).

3.5.1. Avaliação agronômica das populações

3.5.1.1. Análise de variância

Os dados de todos os caracteres avaliados foram submetidos à análise da variância conforme o modelo $Y_{ijk} = \mu + G_i + L_j + A_k + GL_{ij} + GA_{ik} + LA_{jk} + GLA_{ijk} + e_{ijk}$, onde μ = média geral; G_i = efeito do i -ésimo genótipo; L_j = efeito do

j-ésimo local; A_k = efeito do k-ésimo ano; GL_{ij} = efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo local; GA_{ik} = efeito da interação do i-ésimo genótipo com o k-ésimo ano; LA_{jk} = efeito da interação do j-ésimo local com o k-ésimo ano; GLA_{ijk} = efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo local e o k-ésimo ano e e_{ijk} = erro experimental com distribuição $N(0, \sigma^2)$ (Tabela 2).

Para comparar as médias dos caracteres CICVEG, ESTPLAN e RENDGR dentro dos anos e entre anos foram aplicados os testes Tukey e de F, respectivamente.

TABELA 2. Resumo da análise da variância considerando todos os fatores como aleatórios.

Causa da Variação	GL	Quadrado Médio Esperado
Bloco	$r-1$	
Genótipo (G)	$g-1$	$\sigma^2 + r\sigma_{gla}^2 + rl\sigma_{ga}^2 + ra\sigma_{gl}^2 + rla\sigma_g^2$
Local (L)	$l-1$	$\sigma^2 + r\sigma_{gla}^2 + rg\sigma_{la}^2 + ra\sigma_{lg}^2 + rga\sigma_l^2$
ANO (A)	$a-1$	$\sigma^2 + r\sigma_{gla}^2 + rgl\sigma_{ia}^2 + rlo\sigma_{ga}^2 + rgl\sigma_g^2$
G x L	$(l-1)(g-1)$	$\sigma^2 + r\sigma_{gla}^2 + ar\sigma_{ga}^2$
G x A	$(a-1)(g-1)$	$\sigma^2 + r\sigma_{gla}^2 + lr\sigma_{ga}^2$
L x A	$(a-1)(l-1)$	$\sigma^2 + r\sigma_{gla}^2 + lr\sigma_{la}^2$
G x L x A	$(a-1)(l-1)(g-1)$	$\sigma^2 + r\sigma_{gla}^2$
Resíduo	$a(r-1)(g-1)(l-1)$	σ^2
Total	$algr-1$	

3.5.1.2. Ganho de seleção realizado (GS)

O ganho de seleção realizado (GS) foi calculado, para cada ano e para a média dos dois anos, com base nos valores obtidos para a população CNA 11-0-0, utilizando-se a fórmula $GS = (X_{p_i} - X_{p_o}) \times 100$, onde X_{p_i} = média da população derivada i e X_{p_o} = média da população original (CNA 11-0-0)

3.5.2. Avaliação de famílias CNA 11-2-1 $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$

3.5.2.1. Análise de variância

A análise de variância foi realizada para cada experimento individualmente e em conjunto para cada ano, uma vez que as gerações eram diferentes conforme o ano ($S_{0:1}$ em 2001/02 e $S_{0:2}$ em 2002/03). A análise conjunta seguiu o modelo: $Y_{ijk} = \mu + G_i + L_j + GL_{ij} + e_{ijk}$, onde μ = média geral; G_i = efeito do i-ésimo genótipo; L_j = efeito do j-ésimo local; GL_{ij} = efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo local; e_{ijk} = erro experimental com distribuição $N(0, \sigma^2)$ (Tabela 3).

TABELA 3. Resumo da análise da variância considerando todos os fatores como aleatórios.

Causa da Variação	G.L.		Quadrado Médio Esperado
Bloco	b-1		
Genótipo (G)	g-1	QMG	$\sigma^2 + b\sigma_{lg}^2 + b\sigma_g^2$
Local (A)	L-1	QML	$\sigma^2 + b\sigma_{lg}^2 + b\sigma_l^2$
G x A	(L-1)(g-1)	QMGL	$\sigma^2 + b\sigma_{lg}^2$
Resíduo	L(r-1)(g-1)	QME	σ^2
Total	Lgr-1		

3.5.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos

A partir das estimativas dos quadrados médios dos genótipos foi possível estimar a variância genética, a qual permitiu estimar a herdabilidade para cada caráter, definida pela expressão $h^2 = (\sigma^2_G) / (\sigma^2_P)$, onde σ^2_G é a variância genética

($\sigma^2_G = (QMG - QMGL) / b$) e σ^2_P é a variância fenotípica ($\sigma^2_P = QMG/b$).

3.6. Análise molecular

Para análise molecular foram utilizados vinte marcadores moleculares microssatélites, selecionados com base em um estudo realizado por Chen et al. (1997) e utilizados por Lopes (2002), cobrindo os doze cromossomos do arroz.

3.6.1. Germoplasma utilizado

Para os procedimentos de análise molecular foram tomadas amostras de 10 plantas representativas da população CNA 11-0-0 e das sete populações derivadas, perfazendo um total de 80 plantas. As plantas foram coletadas individualmente e mantidas, inicialmente, em gelo seco e depois transferidas para um ultrafreezer à -96°C para preservação dos tecidos até o momento da extração de DNA.

3.6.2. Extração, quantificação e reação de amplificação do DNA

O tecido foliar de cada um dos dez genótipos amostrados nas populações foi triturado em um triturador elétrico “Pick-lic” para extração do DNA, conforme o protocolo do CTAB (Dallaporta et al, 1973). A quantificação do DNA foi realizada através de gel de agarose (0,8%) corado com brometo de etídio, onde a concentração foi estimada pela comparação com o padrão de marcador de massa molecular conhecido Low DNA Mass Ladder (*Invitrogen Life Techenologies*).

As amplificações foram realizadas em um volume de 20 µl contendo 1,8 µl de solução de DNA (20 ng de DNA genômico); 2,0 µl de tampão PCR 10X (200 mM de Tris-HCL com pH 8,0 e 500 mM KCl); 2,5 µl de dNTP(1,25 mM); 0,12 µl (0,6 unidades) de *Taq* polimerase (*Invitrogen*); 2,2 µl de cada um dos “primers” (0,2 µM) (*Forward* e *Reverse*); 0,45 µl de cloreto de magnésio (50 mM); 0,4 µl de gelatina; completando o volume com 8,33 µl de água ultrapurificada. As reações de PCR foram conduzidas em um termociclador “MJ Research PTC-100™” programado para 1 ciclo a 94°C por cinco minutos seguidos de 35 ciclos a 94 °C por um minuto, 45 °C por um minuto, 72 °C por 1,5 minutos e 72 °C por cinco minutos para a extensão final.

A eletroforese para separação dos produtos da amplificação foi realizada em gel de poliacrilamida a 5% e a revelação foi feita com nitrato de prata (Promega Corporation, 1986).

3.6.3. Análise de dados e estimativa dos parâmetros de diversidade genética

Para mensuração da variabilidade genética foi empregada a função de Shannon-Wiever $H' = - \sum P_i \log_2 (P_i)$ onde P_i corresponde à frequência do alelo i , em uma analogia à metodologia proposta por Lewontin (1972), na qual P_i se refere à frequência da classe i (presença ou ausência da banda i).

Na estimativa da variabilidade genética foram calculados:

a) Índices de diversidade dentro das populações:

H_0 – diversidade genética de cada alelo em cada população;

H_{pop} – diversidade genética média de cada alelo nas oito populações, através da média aritmética dos H_0 de cada alelo nas oito populações;

\bar{H}_{pop} – diversidade genética dentro da população, através da média aritmética dos H_{pop} de todos os alelos estudados.

b) Índices de diversidade entre as populações:

$H_{espécie}$ – diversidade genética de cada loco nas oito populações, com base na frequência do alelo nas populações;

$\bar{H}_{espécie}$ - diversidade genética total, através da média aritmética dos $H_{espécie}$ de todas os alelos.

c) Proporções da diversidade genética:

$(H_{pop}/H_{espécie})$ – diversidade genética dentro das populações em cada alelo;

$(\bar{H}_{pop}/\bar{H}_{espécie})$ – diversidade genética em todos os alelos estudados;

$(H_{espécie} - H_{pop}) / H_{espécie}$ – diversidade genética entre as populações em cada um dos alelos;

$(\bar{H}_{espécie} - \bar{H}_{pop}) / \bar{H}_{espécie}$ – diversidade genética entre as populações em todos os alelos estudados.

3.6.4. Análise de dissimilaridade genética

Os dados da frequência dos alelos obtidos na análise de microssatélites foram utilizados para o cálculo da dissimilaridade genética com o auxílio do programa de computador NTSYS (Rohlf, 1989). Para o cálculo da dissimilaridade foi adotado o método proposto por Nei (1978). Com base na matriz de dissimilaridade gerada foi obtido um dendrograma através do método do agrupamento UPGMA. O ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado foi testado pelo coeficiente de correlação cofenética (r).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Estimativa de parâmetros genéticos

A efetividade da seleção para um determinado caráter depende da importância relativa dos fatores genéticos e não genéticos na expressão das diferenças fenotípicas entre os genótipos de uma dada população (Fehr, 1987). Essa importância relativa pode ser definida através da estimação de parâmetros como variâncias de ambiente, fenotípica e genotípica (aditividade, dominância e epistasia) e herdabilidade de um caráter.

Através da seleção para os caracteres ciclo vegetativo (CICVEG) e estatura de planta (ESTPLAN) na geração $S_{0:1}$ da população CNA 11-2-0 foram obtidas 480 famílias divididas em quatro classes, assim distribuídas: 114 precoces baixas (CNA 11-2-1PB), 108 precoces altas (CNA 11-2-1PA), 117 tardias baixas (CNA 11-2-1TB) e 141 tardias altas (CNA 11-2-1TA). Desta forma, foi exercida uma pressão de seleção total da ordem de 10%, sendo que para cada classe foram selecionados 2,5% do total de plantas da população original.

Nas Tabelas 4 e 5 são apresentados os resultados das análises de variância com base nas médias das classes de famílias para os caracteres

CICVEG e ESTPLAN, respectivamente. A variação quanto aos graus de liberdade está relacionada com o número de famílias avaliadas e com o número de blocos necessários em cada classe. Para o caráter CICVEG foram evidenciadas diferenças entre locais, famílias e interação família x local, com exceção da classe precoce alta (CNA 11-2-1PA), revelando que os locais e as famílias mostraram comportamentos diferenciados conforme alterações de ambiente (Tabela 4). Da mesma forma, para ESTPLAN ocorreram diferenças entre as famílias avaliadas em cada uma das classes nos dois anos em que foram conduzidos os experimentos. A presença da interação família x local para o caráter ESTPLAN nas quatro classes de famílias, com exceção da classe precoce alta no ano 2002/03, indica o comportamento diferenciado das famílias nos dois ambientes avaliados (Tabela 5). Assim, a seleção de famílias que mostrem um comportamento mais uniforme para esses caracteres nos diferentes locais de avaliação é uma estratégia de seleção correta a ser adotada para o manejo destas populações. Em alguns casos, a seleção em um único local pode levar à superestimativa dos valores para os parâmetros genéticos e fenotípicos, uma vez que os componentes de variação associados à interação família x local não podem ser avaliados (Hallauer et al., 1988).

A presença da interação família x local está de acordo com os resultados obtidos por Lopes (2002) e pode ser explicada pela grande variabilidade genética entre as famílias provenientes da população CNA 11-0-0, as quais foram originadas de um amplo processo de recombinação, envolvendo um grande número de genitores e apresentando um grande número de alelos para diversos locos.

TABELA 4. Quadrados médios para o caráter ciclo vegetativo (dias) nas classes CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA cultivadas em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar nos anos 2001/02 e 2002/03.

Causas da Variação	GL	Quadrado Médio	
		2001/2002	2002/03
CNA 11-2-1PB			
Bloco	2	0,25	1,50
Local	1	56,52 **	179,73 **
Família	116	58,90 **	53,74 **
Família x Local	116	11,49 *	13,94 **
Erro	10	3,41	0,43
Total	245		
CNA 11-2-1PA			
Bloco	2	2,08	14,08
Local	1	292,25 **	0,42
Família	110	34,36	28,66
Família x Local	110	2,01	3,20
Erro	5	8,08	2,98
Total	228		
CNA 11-2-1TB			
Bloco	2	0,08	0,83
Local	1	4,53	3,41
Família	119	70,99 **	47,94 **
Família x Local	119	10,28 **	10,51 **
Erro	5	1,28	0,88
Total	246		
CNA 11-2-1TA			
Bloco	3	0,17	0,50
Local	1	1,72 **	62,13 **
Família	143	97,46 **	80,68 **
Família x Local	143	13,89 **	12,45 **
Erro	10	0,79	0,25
Total	300		

** , * Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

TABELA 5. Quadrados médios para o caráter estatura de planta (cm) nas classes CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA cultivadas em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar nos anos 2001/02 e 2002/03.

Causas da Variação	GL	Quadrado Médio	
		2001/02	2002/03
CNA 11-2-1PB			
Bloco	2	4,50	0,33
Local	1	753,14 **	1725,13 **
Família	116	80,19 **	45,63 **
Família x Local	116	17,02 **	13,18 **
Erro	10	2,70	1,13
Total	245		
CNA 11-2-1PA			
Bloco	2		
Local	1	874,14 **	264,81 **
Família	110	214,95 **	118,44 **
Família x Local	110	79,51 *	24,56
Erro	5	11,95	10,08
Total	228		
CNA 11-2-1TB			
Bloco	2	0,33	1,33
Local	1	1725,13 **	1341,12 **
Família	119	55,64 **	54,94 **
Família x Local	119	13,19 **	15,47 **
Erro	5	1,13	0,53
Total	246		
CNA 11-2-1TA			
Bloco	3	0,66	1,72
Local	1	2635,48 **	3475,82 **
Família	143	249,80 **	146,99 **
Família x Local	143	78,55 **	21,51 **
Erro	10	27,22	5,67
Total	300		

** , * Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

Os coeficientes de variação dos experimentos, tanto na comparação das classes dentro de cada ano (coluna) como para comparação de ano dentro de cada classe (linha), não divergiram dos que são freqüentemente relatados na literatura (Morais et al., 1992) e demonstram precisão para as avaliações de ambos os caracteres (Tabela 6). O ciclo vegetativo médio variou de 75 a 91 dias entre a emergência a 50% de emissão das panículas (Tabela 6). As famílias que apresentaram CICVEG igual ou inferior a 85 dias foram consideradas precoces, enquanto aquelas que foram superiores a este valor foram classificadas como tardias, conforme critérios adotados por ocasião do lançamento de novas cultivares de arroz irrigado da EMBRAPA (Terres et al., 1999). O teste de Tukey separou as classes em precoces (CNA 11-2-1PB e CNA 11-2-1PA) e tardias (CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA) em ambos os anos. O teste F, ao contrário do esperado, identificou efeito do ano sobre as famílias da classe precoce baixa, o que pode ser explicado pelo valor muito reduzido do CV% para este experimento, que permite ao teste executado identificar variações mínimas no comportamento das famílias. A estatura de planta variou de 86,79 e 119,36 cm (Tabela 6). A seleção para este caráter foi eficiente como demonstra o teste de Tukey, que separou as populações em baixas (CNA 11-2-1PB e CNA 11-2-1TB) e altas (CNA 11-2-1PA e CNA 11-2-1TA). O teste F mostrou o efeito de ano nas famílias das classes das populações altas (CNA 11-2-1PA e CNA 11-2-1TA), o que pode ser atribuído à época de semeadura mais tardia no ano agrícola 2002/03, que resultou no encurtamento do período vegetativo destas populações.

TABELA 6. Ciclo vegetativo (dias) e estatura de planta (cm) para as famílias selecionadas das classes CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA nos anos agrícolas 2001/02 e 2002/03.

Classes	2001/02	2002/03	CV(%)
Ciclo vegetativo			
CNA 11-2-1PB	75,13 a B ¹	77,82 a A	1,86
CNA 11-2-1PA	79,44 a A	78,91 a A	3,51
CNA 11-2-1TB	90,60 b A	90,88 b A	3,42
CNA 11-2-1TA	90,69 b A	90,82 b A	4,77
CV (%)	4,51	3,98	
Estatura de planta			
CNA 11-2-1PB	86,79 a A ¹	87,70 a A	5,87
CNA 11-2-1PA	115,98 b A	112,10 b B	6,16
CNA 11-2-1TB	87,78 a B	88,85 a A	4,85
CNA 11-2-1TA	119,36 b A	112,77 b B	6,09
CV (%)	6,14	5,98	

¹ Médias seguidas da mesma letra maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferiram entre si pelo testes de Tukey e F, respectivamente, à 5% de probabilidade.

As estimativas das variâncias genotípica e fenotípica e da herdabilidade para os caracteres CICVEG e ESTPLAN, nos anos agrícolas 2001/02 e 2002/03, permitem estabelecer quais as constituições genéticas que poderão resultar nos maiores ganhos de seleção de acordo com os objetivos pretendidos. Esses parâmetros foram obtidos a partir de valores fenotípicos observados para as famílias selecionadas das populações, os quais, como ressaltaram Carvalho et al. (2001), são as expressões condicionadas pelos genes dos indivíduos sob condições específicas de ambiente.

As diferenças nos valores fenotípicos são causadas por fatores genéticos, de ambiente e pela interação destes. A variância genética diz respeito às diferenças genéticas entre os indivíduos e tem como componente principal para um programa de melhoramento seu efeito aditivo, que quantifica a proporção da variância genética que pode ser transmitida para os descendentes. Com base

na observação dos dados para o caráter CICVEG (Tabela 7) e ESTPLAN (Tabela 8), foi possível verificar nas quatro classes de famílias que as estimativas para as variâncias genotípicas foram elevadas nos dois anos de avaliação, indicando que a maior parte da variação fenotípica para estes caracteres poderia ser atribuída a efeitos genéticos, corroborando com os trabalhos conduzidos por Lopes (2002) e Geraldi et al. (2000). Além disso, novamente em consonância com Geraldi et al. (2000), foi observada, também, uma tendência de redução da variância genotípica de um ano para o outro, indicando uma diminuição da variabilidade genética nas famílias selecionadas. Essa redução pode ser atribuída a um pequeno efeito de seleção realizada inadvertidamente, considerando que a semente utilizada na geração $S_{0:2}$ (2002/03) foi originada das plantas $S_{0:1}$ (2001/02) retiradas ao acaso, para os caracteres avaliados, em cada classe de família. Neste sentido, houve uma pequena alteração nas médias das famílias dentro de cada classe, diminuindo a variância genética entre as famílias da classe e, por consequência, a h^2 . De certa forma, este resultado é justificável, uma vez que a redução da variabilidade entre as médias das progênies, em gerações avançadas, determina decréscimos em valores estimados para a herdabilidade do caráter (Carvalho et al., 1981).

TABELA 7. Variâncias genotípica (σ^2_G) e fenotípica (σ^2_P) e herdabilidade (h^2) para o caráter ciclo vegetativo em famílias selecionadas das populações CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA.

Famílias	2001/02			2002/03		
	σ^2_G	σ^2_P	h^2	σ^2_G	σ^2_P	h^2
CNA 11-2-1PB	22,94	27,33	0,8393	19,26	23,97	0,8127
CNA 11-2-1PA	15,52	17,03	0,9113	12,49	16,03	0,7791
CNA 11-2-1TB	29,84	33,47	0,8918	18,39	22,06	0,8336
CNA 11-2-1TA	42,39	47,46	0,8931	33,23	37,42	0,8880

TABELA 8. Variâncias genotípica (σ^2_G) e fenotípica (σ^2_P) e herdabilidade para o caráter estatura de planta em famílias selecionadas das populações CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA.

Famílias	2001/02			2002/03		
	σ^2_G	σ^2_P	h^2	σ^2_G	σ^2_P	h^2
CNA 11-2-1PB	30,56	36,68	0,8332	15,70	20,23	0,7761
CNA 11-2-1PA	75,01	86,37	0,8684	45,06	52,46	0,8589
CNA 11-2-1TB	23,86	27,73	0,8604	19,40	23,35	0,8308
CNA 11-2-1TA	92,77	103,48	0,9022	61,13	69,25	0,8827

O conceito de herdabilidade tem sido definido, modificado e ampliado ao longo dos anos por diversos autores (Allard, 1971; Fehr, 1987; Nyquist, 1991; Falconer, 1989; Carvalho et al., 2001). Uma das principais funções da herdabilidade é o seu papel preditivo, expressando a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genético (Falconer, 1989). No presente estudo, os valores estimados de herdabilidade podem ser considerados no sentido restrito, uma vez que há uma predominância de variância aditiva em ambas as gerações estudadas ($VG(S_{0:1}) = 1/2VA + 1/4VD$ e $VG(S_{0:2}) = 3/2VA + 1/8VD$). Essa interpretação pode ser apoiada por trabalhos de diversos autores, os quais apontam uma predominância de efeitos aditivos na cultura do arroz, principalmente para caracteres qualitativos, como ESTPLAN e CICVEG, tornando a estimativa da h^2 mais confiável (Morais, 1992; Verma et al., 1994). No entanto, é importante considerar que as estimativas realizadas possam estar inflacionadas por uma fração da variância de dominância.

Os valores de h^2 encontrados para os caracteres CICVEG e ESTPLAN foram elevados em ambos os anos de avaliação. Isto sugere que esses caracteres sofrem pouca influência do ambiente e, portanto, podem ser selecionados com segurança, mesmo em uma fase inicial do programa,

reduzindo custos e mão-de-obra. Resultados similares foram encontrados por Badan (1999) e Lopes (2002), reforçados pelos trabalhos realizados por Datke et al. (1997); Saravanan et al. (1997) e Verma et al. (1994), para ambos os caracteres, e por Mehtre et al. (1996) para ESTPLAN e Sharma et al. (1997) e Almeida et al. (1998) para CICVEG.

4.2. Ganho de Seleção

A análise do progresso ou ganho de seleção (GS) é um aspecto de fundamental importância em um programa de melhoramento, permitindo ao melhorista dimensionar o sucesso do programa e correlacioná-lo com os métodos e processos utilizados. A população CNA 11-0-0 deu origem às populações CNA 11-1-0, CNA 11-2-0 e CNA 11-3-0, derivadas de três recombinações sucessivas, sem seleção, da população original e às populações CNA 11-2-1PB, CNA 11-2-1PA, CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1TA, selecionadas na população CNA 11-2-0 e recombinadas com base nos caracteres ciclo vegetativo (CICVEG) e estatura de planta (ESTPLAN). Estas sete populações foram avaliadas e comparadas com a população original durante dois anos, 2001/02 e 2002/03, e em dois locais, Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar.

Os valores baixos dos coeficientes de variação indicam a precisão dos experimentos para avaliar os caracteres CICVEG e ESTPLAN (Tabela 9). Para o rendimento de grãos (RENDGR), os coeficientes de variação dos experimentos conferem uma precisão aceitável, semelhante aos encontrados por Lopes (2002), Rangel et al. (1998a) e Rangel et al. (1998b) e um pouco

superiores ao encontrado por Cordeiro (2001). A análise de variância mostrou diferenças no caráter CICVEG para as fontes de variação genótipo (população) e para as interações genótipo x local e genótipo x ano, evidenciando uma forte influência dos fatores ligados ao ambiente (ano e local) sobre o ciclo das populações avaliadas (Tabela 9). A presença destas interações pode levar a dificuldades na seleção para esse caráter, pois nem sempre as melhores populações em um local ou ano serão as mesmas quando estes variarem.

TABELA 9. Resumo da análise de variância para ciclo vegetativo (dias), estatura de planta (cm) e rendimento de grãos (kg ha^{-1}) de oito populações de arroz irrigado, em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.

Causas da variação	GL	Quadrado médio		
		Ciclo vegetativo	Estatura de planta	Rendimento de grãos
Bloco	2			
Local (L)	1	2,18	19,62	33342484,02 **
Ano (A)	1	2,73	80,21 **	31028945,47 **
Genótipo (G)	7	709,69 **	1501,67 **	3433589,45 **
G X L	7	6,44 **	8,53	283920,63
G X A	7	11,31 **	9,97	844637,20
L X A	1	0,61	10,42	7897449,12 **
G X L X A	7	2,29	7,45	265724,53
Resíduo	63	2,42	7,93	769670,72
Média		85	87,81	5153
CV%		1,83	3,21	17,02

** , * Significativo a 1% e 5% de probabilidade por Teste F, respectivamente.

O caráter ESTPLAN foi afetado significativamente pelas fontes de variação genótipo e ano, indicando um comportamento diferenciado das populações em função de suas características herdáveis (Tabela 9). O rendimento de grãos variou significativamente conforme o genótipo, porém não

foi influenciado pela interação G x E (Tabela 9), sugerindo que a seleção para o caráter, entre as populações estudadas, possa ser feita com segurança.

O ciclo vegetativo médio das populações (Tabela 10) variou de 81 dias na população precoce CNA 11-2-1PA a 94 dias na população tardia CNA 11-2-1TA. O teste de Tukey, aplicado às médias de CICVEG, indicou que as populações CNA 11-2-1TA e CNA 11-2-1PA não diferiram entre si e foram comparáveis à testemunha de ciclo mais tardio BRS Taim. No outro extremo, as populações CNA 11-2-1PB e CNA 11-2-1TB não diferiram da testemunha precoce BRS Chuí. Finalmente, as populações CNA 11-0-0, CNA 11-1-0, CNA 11-2-0 e CNA 11-3-0 formaram um grupo intermediário, uma vez que não sofreram seleção para o caráter. Em Capão do Leão, confirmando a existência da interação genótipo x local, houve uma inversão na ordem do grupo das populações mais tardias, porém os grupos precoces e tardios permaneceram discriminados.

TABELA 10. Ciclo vegetativo (dias) de oito populações de arroz irrigado e três testemunhas em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.

População	2001/02		2002/03		Média
	Capão do Leão	S.V.do Palmar	Capão do Leão	S.V.do Palmar	
CNA 11-2-1TA	92 ab	93 a	96 a	97 a	94 a ¹
CNA 11-2-1TB	90 abc	92 a	92 ab	94 a	92 a
BRS Taim	94 a	92 a	92 ab	89 b	91 a
CNA 11-1-0	88 bc	89 b	88 bcd	86 bc	88 b
CNA 11-0-0	87 bcd	87 bc	86 bcde	84 c	87 bc
CNA 11-2-0	86 cd	85 cd	85 cde	84 c	85 bcd
CNA 11-3-0	86 cd	86 c	84 de	83 c	84 cde
BRS Chuí	84 cd	82 de	83 de	83 c	83 def
CNA 11-2-1PB	83 d	82 de	82 de	81 c	82 ef
CNA 11-2-1PA	83 d	81 e	81 e	82 c	81 f
BRS Ligeirinho	64 e	66 f	65 f	66 d	65 g
CV%	2,04	1,15	2,29	1,86	1,56

¹ Médias seguidas da mesma letra não diferiram entre si pelo teste Tukey a 5% de probabilidade.

Os valores médios para o caráter ESTPLAN variaram de 75,2 cm, na CNA 11-2-PB, a 106,5 cm, na CNA 11-2-1TA (Tabela 11). A seleção para o caráter foi eficiente, uma vez que houve separação entre as populações de estatura alta CNA 11-2-1PA e CNA 11-2-1TA e as populações de estatura baixa CNA 11-2-1PB e CNA 11-2-1TB. As duas primeiras diferiram das testemunhas BRS Taim e BRS Chuí, que pertencem ao grupo de cultivares do tipo moderno-filipino, para o qual uma das principais características é a estatura inferior a 90 cm (Terres et al., 1999). Por outro lado, as populações CNA 11-2-1TB e CNA 11-2-1PB apresentaram estatura igual ou inferior às testemunhas, sendo que a última, considerando-se os quatro experimentos individualmente, não diferiu da testemunha de menor porte, BRS Ligeirinho. Não houve diferenças significativas entre as estaturas das populações que não sofreram seleção, sendo a estatura média superior às testemunhas e inferior às populações de porte alto, exceto da população CNA 11-2-0, que foi semelhante a BRS Taim.

TABELA 11. Estatura média de plantas (cm) de oito populações de arroz irrigado e três testemunhas, em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.

População	2001/02		2002/03		Média
	Capão do Leão	S.V.do Palmar	Capão do Leão	S.V.do Palmar	
CNA11-2-1TA	104,7 a	104,2 a	109,6 a	107,6 a	106,5 a
CNA11-2-1PA	105,0 a	102,6 ab	104,0 a	103,2 a	103,7 a
CNA11-0-0	91,1 b	92,6 abc	93,5 b	92,0 b	92,3 b
CNA11-3-0	90,8 b	91,5 bc	92,2 bc	91,5 b	91,5 b
CNA11-1-0	92,6 b	83,1 cd	92,1 bc	92,0 b	90,7 bc
CNA11-2-0	89,6 bc	87,9 cd	89,0 cd	89,1 bc	88,9 cd
BRS Taim	82,8 c	83,9 cd	86,5 cd	87,6 bc	85,1 de
CNA11-2-1TB	82,7 c	82,3 cd	83,2 d	83,0 cd	82,8 e
BRS Chuí	81,2 cd	79,3 de	82,6 d	82,7 cd	81,4 e
CNA11-2-1PB	74,5 de	77,0 de	74,1 e	75,3 de	75,2 f
BRS Ligeirinho	68,5 e	67,5 e	68,9 e	69,9 e	68,7 g
CV%	2,69	2,47	4,78	3,03	2,45

1 Médias seguidas da mesma letra não diferiram entre si pelo teste Tukey a 5% de probabilidade.

As oito populações não apresentaram diferenças quanto ao caráter rendimento médio de grãos (Tabela 12). O menor rendimento de grãos, em termos de valores absolutos, das populações em relação às testemunhas pode ser atribuído à elevada variabilidade genética dentro das populações, à presença de genes de macho-esterilidade ou ainda, ao estágio inicial em que se encontram no programa de seleção recorrente, tendo situação semelhante sido observada por Rangel et al. (2001). O teste de Tukey aplicado às médias de RENDGR, dentro de cada local, mostrou diferenças apenas em Santa Vitória do Palmar em 2001/02. Nos quatro locais a cultivar BRS Taim foi a mais produtiva, embora não tenha diferido significativamente da maioria das populações. As populações de estatura de planta mais baixas, CNA 11-2-1PB e CNA 11-2-1TB, demonstraram uma tendência de apresentar RENDGR superior às de estatura alta, CNA 11-2-1TB e CNA1 1-2-1TA, concordando com o fato de que o rendimento de grãos elevado está relacionado com a baixa estatura das plantas (Pinheiro, 1999).

A seleção para os caracteres ciclo vegetativo e estatura de planta foi eficiente na população CNA 11, permitindo o estabelecimento de quatro classes bem definidas. Uma das maneiras para medir a eficiência da seleção é estimar o ganho genético de geração para geração. Assim, usando os valores da população CNA 11-0-0 para CICVEG e ESTPLAN foi possível determinar o progresso genético obtido com a seleção. Houve um ganho de seleção médio de 6% para o caráter CICVEG nas quatro populações selecionadas e uma pequena variação entre as populações oriundas da recombinação da população

TABELA 12. Rendimento médio de grãos (kg ha⁻¹) de oito populações de arroz irrigado e três testemunhas, em Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, safras 2001/02 e 2002/03.

População	2001/02		2002/03		Média
	Capão do Leão	S.V.do Palmar	Capão do Leão	S.V.do Palmar	
BRS Taim	6.714 a	5.486 a	6.609 a	6.400 a	6.302 a
BRS Chuí	6.190 a	4.914 ab	6.438 a	5.962 a	5.876 ab
BRS Ligeirinho	5.571 a	4.705 abc	5.591 a	5.038 a	5.221 abc
CNA11-2-1 PB	5.190 a	3.895 abcd	6.152 a	5.485 a	5.181 abc
CNA11-2-1 TB	5.353 a	4.447 abcd	5.556 a	5.228 a	5.145 abc
CNA11-2-0	5.381 a	4.133 abcd	5.981 a	4.933 a	5.145 abc
CNA11-2-1 TA	5.114 a	3.505 abcd	5.981 a	5.304 a	5.107 abc
CNA11-1-0	5.304 a	3.171 bcd	5.905 a	5.315 a	4.976 abc
CNA11-0-0	5.409 a	2.647 d	6.181 a	5.514 a	4.685 bc
CNA11-2-1 PA	4.743 a	2.943 cd	5.419 a	5.038 a	4.536 bc
CNA11-3-0	4.600 a	3.286 bcd	5.067 a	4.790 a	4.436 c
CV%	19,00	16,90	13,76	12,96	14,04

1 Médias seguidas da mesma letra não diferiram entre si pelo teste Tukey a 5% de probabilidade.

original (Tabela 13). Em soja, Oliveira et al. (1999) estimaram um GS elevado (7,6%), semelhante ao encontrado para o arroz neste trabalho, atribuído à eficiência da seleção direta e à alta herdabilidade para o caráter número de dias para o florescimento.

TABELA 13. Ciclo vegetativo médio (dias) e ganho de seleção realizado (GS) na população CNA 11-0-0.

População	Média		GS (%)		Médio
	2001/02	2002/03	2001/02	2002/03	
CNA 11-2-1 TA	92	96	5,74	10,34	8,04
CNA 11-2-1 PA	81	81	6,89	6,89	6,89
CNA 11-2-1 TB	92	93	5,74	6,89	6,32
CNA 11-2-1 PB	82	81	5,75	6,89	6,31
CNA 11-0-0	87	87	-	-	-
CNA 11-1-0	89	87	1,14	0	0,57
CNA 11-2-0	85	85	2,29	2,29	2,29
CNA 11-3-0	85	84	2,29	3,44	2,86

O ganho de seleção médio para o caráter ESTPLAN nas populações resultantes da seleção para combinação de ciclo com estatura foi de 14,99% (Tabela 14), sendo que as seleções para os extremos, ou seja, CNA 11-2-1PB e CNA 11-2-1TA, representaram um ganho de seleção de cerca de 20% sobre o valor médio da população original. Para as demais populações, que não sofreram seleção, os valores foram de pequena magnitude, sendo que para a população CNA 11-2-0 houve uma pequena redução na estatura de planta.

TABELA 14. Estatura média de plantas (cm) e ganho de seleção realizado (GS) na população CNA 11-0-0.

População	Média		GS (%)		Médio
	2001/02	2002/03	2001/02	2002/03	
CNA 11-2-1 TA	104,5	108,6	13,83	17,15	15,49
CNA 11-2-1 PA	103,8	103,6	13,07	11,75	12,41
CNA 11-2-1 TB	82,6	83,1	10,02	8,96	9,49
CNA 11-2-1 PB	75,7	74,7	17,53	19,41	18,47
CNA 11-0-0	91,8	92,7	-	-	-
CNA 11-1-0	89,1	92,2	0,64	0,54	0,59
CNA 11-2-0	88,7	89,1	3,37	3,88	3,62
CNA 11-3-0	91,1	91,9	1,08	0,86	0,97

A informação sobre GS para esses caracteres é rara na cultura do arroz, porém os resultados obtidos no presente trabalho podem ser comparados com os obtidos em outras espécies. Chalyk et al. (2001) obtiveram GS semelhantes (9,1% no primeiro ciclo e 12,1% no segundo ciclo) para o caráter estatura de planta em populações sintéticas de milho. Reis et al. (1999) também obtiveram, na cultura do milho branco, ganho de seleção, para o caráter ESTPLAN, equivalente ao encontrado para arroz neste trabalho. Em trigo, ganho de seleção semelhante para ESTPLAN (11,25%) foi encontrado por Ehdaie et al. (1989).

A população original CNA 11-0-0 apresentou ampla variabilidade genética para os caracteres abordados no presente estudo, sendo a herdabilidade também elevada. Estes resultados são reforçados pelos trabalhos de Lopes (2002), Verma et al. (1994), Datke (1997) e Saravanan et al. (1997). Geraldi et al. (2000) indicaram que nos primeiros ciclos de seleção em um programa de seleção recorrente, como ocorre no presente estudo, encontra-se uma ampla variabilidade genética entre as famílias, sendo que à medida que sucedem os demais ciclos de seleção e recombinação, a variância genotípica vai diminuindo e, por conseqüência, reduzindo a herdabilidade e a possibilidade de ganho de seleção. Considerando-se que o ganho de seleção é uma função direta da herdabilidade, multiplicada por um diferencial de seleção e inversamente proporcional ao erro padrão fenotípico, à medida que a seleção é exercida, há uma redução na variabilidade das populações e uma redução do ganho de seleção. Sendo assim, os resultados obtidos para ganho de seleção concordam com Morais et al. (1998), que sugeriram que caracteres que apresentassem elevados valores de herdabilidade (CICVEG e ESTPLAN no presente trabalho) teriam melhores chances de atingir um maior GS nas primeiras gerações. Na literatura sobre o tema, há controvérsias, como as discutidas por Badan (1999); que relatou dificuldades para a seleção de genótipos superiores de plantas autógamas, em gerações precoces, devido aos baixos valores de herdabilidade, que podem estar associados a forte presença de efeitos de dominância dos genes ou a efeitos de ambiente.

4.3. Efeito da seleção nas freqüências alélicas das populações

A população CNA 11-0-0 e as outras sete populações derivadas foram analisadas com marcadores moleculares para verificar a ocorrência de alterações nas freqüências alélicas em função de terem sofrido ou não seleção para os caracteres CICVEG e ESTPLAN. Os vinte *primers* SSR utilizados neste estudo identificaram 125 alelos distribuídos em vinte locos, cobrindo os doze cromossomos do arroz (Tabela 15). Houve polimorfismo para todos os locos nas populações avaliadas e o número de alelos por loco variou de quatro a quinze, sendo que o número médio de alelos por loco foi de 6,25. Estes resultados são semelhantes aos encontrados em arroz por Lopes (2002 a), Lopes (2002 b) e Ni et al. (2002), que encontraram médias de 5,73, 5,60 e 6,80 alelos por loco. Todos os *primers*, com destaque para o RM 241, revelaram um elevado conteúdo de informação de polimorfismo (PIC), evidenciando que foram eficientes na detecção de polimorfismo, o que era esperado, uma vez que estes foram escolhidos com base nos resultados obtidos por Lopes (2002 a). Para este autor, o grau de polimorfismo depende, também, do número de genótipos estudados e da distância genética entre eles. Sendo assim, a ocorrência de um PIC elevado, por si só, não é um indicativo de alta variabilidade genética.

O alelo mais freqüente esteve associado ao loco RM 81 (Tabela 16), o qual apresentou um dos menores conteúdos de informação, o que pode ser, em parte, atribuído à elevada freqüência deste alelo, diminuindo a freqüência dos demais e levando ao desequilíbrio da freqüência alélica para este loco. Os outros locos avaliados evidenciaram um maior equilíbrio na freqüência alelica.

TABELA 15. Locos de microssatélites, cromossomo abrangido (CR), seqüência de bases nitrogenadas, número de alelos, alelo de maior freqüência e conteúdo informativo de polimorfismo (PIC) observados na população CNA 11-0-0 e em sete populações derivadas.

Primer	CR	Seqüência (5'-3')	Número de alelos	PIC
RM 55	3	CCGTCGCCGTAGTAGAGAAG TCCCGGTTATTTTAAGGCG	4	0,6842
RM81	1	GAGTGCTTGTGCAAGATCCA CTTCTTCACTCATGCAGTTC	4	0,6199
RM202	11	CAGATTGGAGATGAAGTCCTCC CCAGCAAGCATGTCAATGTA	6	0,7126
RM207	2	CCATTCGTGAGAAGATCTGA CACCTCATCCTCGTAACGCC	4	0,7323
RM210	8	TCACATTCCGGTGGCTATTG CGAGGATGGTTGTTCACTTG	7	0,7922
RM212	1	CCACTTTCAGCTACTACCAG CACCCATTTGTCTCTCATTATG	5	0,7772
RM219	9	CGTCGGATGATGTAAAGCCT CATATCGGCATTTCGCCTG	5	0,7566
RM220	1	GGAAGGTAAGTGTTCACAC GAAATGCTTCCCACATGTCT	4	0,6621
RM222	10	CTTAAATGGGCCACATGCG CAAAGCTTCCGGCCAAAAG	7	0,8014
RM223	8	GAGTGAAGCTTGGGCTGAAAC GAGGCAAGTCTTGGCACTG	4	0,7078
RM225	6	TGCCCATATGGTCTGGATG GAAAGTGGATCAGGAAGGC	7	0,7770
RM232	3	CCGGTATCCTTCGATATTGC CCGACTTTTCCTCCTGACG	7	0,7436
RM233	5	CCAAATGAACCTACATGTTG GCATTGCAGACAGCTATTGA	6	0,7464
RM234	7	ACAGTATCCAAGGCCCTGG CACGTGAGACAAAGACGGAG	8	0,8028
RM235	12	AGAAGCTAGGGCTAACGAAC TCACCTGGTCAGCCTCTTTC	7	0,7896
RM241	4	GAGCCAAATAAGATCGCTGA TGCAAGCAGCAGATTTAGTG	15	0,8507
RM242	9	GGCCAACGTGTGTATGTCTC TATATGCCAAGACGGATGGG	7	0,7798
RM247	12	TAGTGCCGATCGATGTAACG CATATGGTTTTGACAAAGCG	7	0,7612
RM249	5	GGCGTAAAGGTTTTGCATGT ATGATGCCATGAAGGTCAGC	5	0,7464
RM261	4	CTACTTCTCCCCTTGTGTCTG TGTACCATCGCCAAATCTCC	6	0,7107

TABELA 16. Frequência alélica de vinte marcadores do tipo microsátélites na população CNA 11.

Primer	Alelos														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
RM 55	0,28	0,44	0,19	0,09											
RM81A	0,49	0,35	0,11	0,05											
RM202	0,27	0,41	0,06	0,21	0,04	0,02									
RM205	0,16	0,03	0,06	0,38	0,07	0,16	0,14								
RM207	0,22	0,16	0,34	0,28											
RM210	0,09	0,09	0,35	0,22	0,12	0,06	0,08								
RM212	0,19	0,26	0,17	0,28	0,09										
RM219	0,35	0,19	0,21	0,20	0,06										
RM220	0,43	0,35	0,15	0,06											
RM222	0,06	0,23	0,08	0,16	0,20	0,26	0,01								
RM223	0,16	0,31	0,38	0,14											
RM232	0,10	0,10	0,32	0,35	0,10	0,01	0,01								
RM233A	0,11	0,33	0,06	0,34	0,06	0,10									
RM234	0,08	0,15	0,29	0,26	0,04	0,16	0,01	0,03							
RM235	0,21	0,23	0,28	0,07	0,01	0,18	0,03								
RM241	0,27	0,03	0,04	0,12	0,01	0,03	0,02	0,10	0,21	0,03	0,05	0,01	0,03	0,05	0,02
RM242	0,08	0,28	0,03	0,13	0,33	0,08	0,08								
RM247	0,31	0,10	0,02	0,14	0,33	0,01	0,10								
RM249	0,26	0,34	0,11	0,23	0,06										
RM261	0,44	0,26	0,16	0,04	0,06	0,04									

A diversidade genética nos locos detectada nas diferentes populações (H_0) variou de 1,141 até o valor máximo de 3,122 (Tabela 17). Por ser um marcador co-dominante, a análise da diversidade genética de cada loco, em cada população (H_0), levou em conta o número e a proporção dos alelos detectados em cada loco, diferindo do usual para marcadores dominantes, como RAPD e AFLP, que utilizam dados binários (presença x ausência de bandas). Veira (2004), utilizando marcadores do tipo RAPD em populações de azevém anual, encontrou uma grande variabilidade genética, com H_0 variando de 0,08 até 1,00. Por outro lado, Kubik et al. (2001), usando marcadores microsátélites em azevém perene, encontraram valores bem inferiores, entre 0,53 a 0,58. Isto pode ser atribuída ao fato das espécies apresentarem ciclo de vida contrastante (anual x perene) e o uso de metodologias distintas para o cálculo de H_0 .

TABELA 17. Estimativa dos parâmetros H_0 (diversidade genética de cada loco em cada população), H_{pop} (diversidade genética média de cada loco nas oito populações), $H_{espécie}$ (diversidade genética de cada loco nas oito populações), $H_{pop}/H_{espécie}$ (proporção da diversidade genética presente dentro das populações em cada loco), $(H_{espécie} - H_{pop})/H_{espécie}$ (proporção da diversidade genética presente entre as populações em cada loco).

Primer	H_0								H_{pop}	H_{esp}	$\frac{H_{pop}}{H_{esp}}$	$\frac{(H_{esp}-H_{pop})}{H_{esp}}$
	CNA 11-0-0	CNA 11-1-0	CNA 11-2-0	CNA 11-3-0	CNA 11-2-1PB	CNA 11-2-1PA	CNA 11-2-1TB	CNA 11-2-1TA				
RM 55	1,578	1,739	1,743	1,743	1,684	1,802	1,369	1,713	1,6714	1,7823	0,9377	0,0623
RM81A	1,675	1,441	1,369	1,675	1,544	1,361	1,460	1,188	1,4652	1,5926	0,9201	0,0799
RM202	1,881	1,846	1,675	1,815	1,648	1,685	1,458	1,439	1,6809	1,9667	0,8547	0,1453
RM205	1,926	1,858	1,680	1,295	1,971	2,166	2,148	2,271	1,9144	2,5734	0,7439	0,2561
RM207	1,782	1,971	1,720	1,971	1,802	1,485	1566	1839	1,7671	1,9459	0,9082	0,0918
RM210	1,846	1,915	1,720	2,213	1,141	2,115	1,713	2,122	1,8482	2,5289	0,7308	0,2692
RM212	2,261	1,337	1,595	1,915	1,739	2,126	2,009	1,953	1,8669	2,2210	0,8405	0,1595
RM219	1,743	1,985	1,904	2,090	1,684	0,881	1,458	2,133	1,7348	2,1506	0,8067	0,1933
RM220	1,578	1,485	1,680	1,883	1,234	1,382	1,461	1,953	1,5822	1,7160	0,9221	0,0779
RM222	1,883	2,078	2,228	1,766	2,133	1,977	2,304	2,226	2,0745	2,4590	0,8437	0,1563
RM223	1,513	1,861	1,441	1,782	1,841	1,439	1,481	1,802	1,6449	1,8748	0,8773	0,1227
RM232	1,458	1,772	1,953	1,539	1,802	1,861	2,604	2,084	1,8840	2,2178	0,8495	0,1505
RM233A	2,078	1,722	2,009	1,983	1,843	2,146	1,946	2,088	1,9695	2,2269	0,8844	0,1156
RM234	2,159	1,671	1,601	2,264	2,105	2,020	2,271	1,761	1,9815	2,5432	0,7791	0,2209
RM235	1,513	1,739	1,871	2,185	1,846	2,148	1,926	2,346	1,9469	2,3932	0,8135	0,1865
RM241	2,104	2,146	2,595	2,180	1,711	1,695	2,571	3,122	2,2656	3,1828	0,7118	0,2882
RM242	1,353	1,461	1,601	1,720	2,115	1,513	2,041	2,384	1,7735	2,4417	0,7263	0,2737
RM247	1,675	1,813	2,126	2,304	2,226	2,466	1,915	1,522	2,0058	2,2943	0,8742	0,1258
RM249	1,881	2,246	1,923	1,941	2,228	1,458	1,458	1,648	1,8478	2,1084	0,8764	0,1236
RM261	1,926	2,041	2,158	2,346	1,406	1,579	1,941	1,290	1,8292	2,0886	0,8758	0,1242

Os resultados obtidos quanto à diversidade genética de cada loco dentro das populações (H_{pop}), calculado a partir da média da diversidade genética de cada loco nas oito populações, variaram de um mínimo de 1,4652 a um valor máximo de 2,2656 no loco mais polimórfico. Os locos RM 241, RM 222, RM 247 e RM 234, pela ordem, foram os que apresentaram maior diversidade genética nas populações estudadas, o que pode ser explicado pelo elevado PIC e uma frequência balanceada dos alelos nas populações. Os locos RM 55, RM 81 e RM 220, por sua vez, apresentaram os menores valores de diversidade genética, tendo ficado entre aqueles com menor número de alelos, semelhantes aos locos RM 207 e RM 223, porém, com uma frequência menos balanceada (Tabela 16).

A diversidade genética total de cada banda (H_{esp}) variou de um mínimo de 1,5926, no loco menos informativo, até um valor máximo de 3,1828, no loco mais polimórfico. A proporção da diversidade genética dentro das populações (H_{pop}/H_{esp}) foi elevada, tendo variado de 71,18% no loco RM 241 a 93,77%, no RM 55. Por outro lado, a diversidade genética entre as populações foi baixa, variando de 6,23% no RM 55 a 28,82%, no loco RM 241. Os locos que apresentaram a maior diversidade genética entre as populações ($H_{espécie} - H_{pop} / H_{espécie}$) foram RM 241, RM 242, RM 210, RM 225 e RM 224, os quais foram capazes de detectar diferenças genéticas entre as populações de, aproximadamente, 29%, 27%, 26%, 25% e 22%, respectivamente (Tabela 17). Estes valores são similares aos encontrados por Vieira (2004) para as bandas que detectaram maiores diferenças genéticas entre as populações de azevém anual estudadas. O fato de não terem sido detectadas diferenças maiores entre

as diferentes populações indica que a seleção realizada para os caracteres ciclo vegetativo e estatura de planta não foram eficientes para modificar as frequências alélicas da população original. Isso pode ter ocorrido devido a não associação dos marcadores aos genes determinantes de ambos os caracteres selecionados, não significando que as regiões cromossômicas associadas à herança dos dois caracteres não tenham sofrido alterações em suas frequências alélicas.

O valor da diversidade genética dentro das populações (\bar{H}_{pop}), quando considerados todas os 20 locos simultaneamente, representou aproximadamente 83% da diversidade total $\bar{H}_{espécie}$, mostrando que as populações de arroz estudadas apresentam altos índices de variabilidade genética e que apenas parte da variabilidade genética, cerca de 17% da variação total, está distribuída entre as populações estudadas (Tabela 18).

Os marcadores moleculares tipo SSR ocorrem em regiões não adaptativas e somente são alvos de seleção quando ligados a genes de interesse. Desta forma, o valor baixo de diversidade contido entre as populações pode ser explicado pelo fato de que as populações somente sofreram seleção artificial para os caracteres ciclo vegetativo e estatura de planta, resultando que apenas os genes selecionados e outros genes ligados a estes tivessem suas frequências alteradas.

TABELA 18. Estimativa da diversidade genética dentro das populações \bar{H}_{pop} ; diversidade genética total ($\bar{H}_{espécie}$); proporção da diversidade genética dentro das populações ($\bar{H}_{pop} / \bar{H}_{espécie}$) e proporção da diversidade genética presente entre as populações ($(\bar{H}_{espécie} - \bar{H}_{pop}) / \bar{H}_{espécie}$).

Parâmetros	Estimativas
\bar{H}_{pop}	1,8377
$\bar{H}_{espécie}$	2,2154
$\bar{H}_{pop} / \bar{H}_{espécie}$	0,83
$(\bar{H}_{espécie} - \bar{H}_{pop}) / \bar{H}_{espécie}$	0,17

O dendrograma, obtido através do método proposto por Nei (1978), confirma a observação de que a variabilidade genética encontrada no presente trabalho está organizada, principalmente, dentro das populações, uma vez que o dendrograma (Figura 2) demonstrou a existência de pequenas diferenciações entre as populações de acordo com sua origem. Utilizando a dissimilaridade genética média (15,5%) entre todos os possíveis pares como ponto de corte, foi possível separar as populações em três grupos, um primeiro, formado pela população CNA 11-0-0, outro pela população CNA 11-2-1PA e um terceiro, pelas demais populações. O coeficiente de correlação cofenética (r) de 0,80, evidenciou a existência de um bom ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma obtido.

A comparação dos resultados das avaliações fenotípicas com os obtidos na análise molecular sugerem uma inconsistência. A análise fenotípica discriminou perfeitamente o efeito da seleção, separando as populações em quatro classes: precoce baixa, precoce alta, tardia baixa e tardia alta. Por outro

lado, a análise molecular, com base em marcadores do tipo microssatélites utilizados, não foi suficiente para identificar alterações significativas nas freqüências alélicas dos caracteres sob seleção, uma vez que a maior parte da variabilidade detectada esteve presente dentro das populações e não entre as mesmas. Possivelmente, o uso de marcadores moleculares associados aos caracteres sob seleção permitissem a identificação e detecção destas alterações.

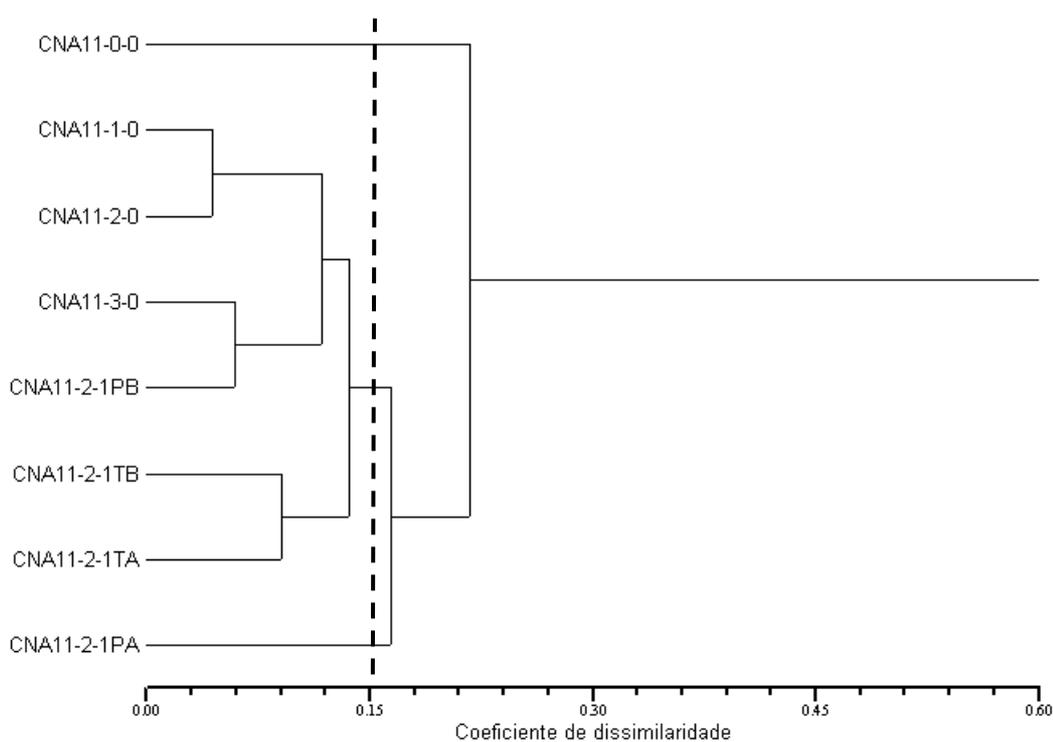


FIGURA 2. Dendrograma de oito populações obtidas a partir da análise de microssatélites utilizando o índice de dissimilaridade de Nei (1978) e o método de agrupamento UPGMA. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,80.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nas avaliações fenotípicas da população CNA 11 e suas populações derivadas permitem concluir que a metodologia de seleção recorrente comprovou sua utilidade em programas de melhoramento de arroz irrigado, uma vez que apenas um ciclo de seleção foi suficiente para separar quatro classes distintas de combinações dos caracteres ciclo vegetativo (CICVEG) e estatura de planta (ESTPLAN). Da mesma forma, a população CNA 11-0-0 é um germoplasma de valor para o melhoramento genético de arroz no sul do Brasil, uma vez que apresenta variabilidade genética para permitir o ajuste de caracteres adaptativos e revela rendimento de grãos similar ao das cultivares atualmente recomendadas para o cultivo na região.

A herdabilidade estimada para os caracteres estudados foi elevada, suportando a idéia de que existe variabilidade genética para a seleção em gerações precoces, com ganhos de seleção elevados. A análise com marcadores moleculares mostrou que a população CNA 11 apresenta variabilidade genética para a obtenção de ganhos de seleção significativos em ciclos de melhoramento posteriores, porém não houve uma resposta a seleção devido aos marcadores microssatélites não estarem ligados aos caracteres sob seleção.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A.F. de B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; MARTINS, L.A. Progresso no melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n.1, p. 105-112, 1994.

AGA, E. et al. Genetic diversity of forest Arabica coffee (*Coffea Arabica* L.) in Ethiopia as revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis. **Hereditas**, Umea, v.138, p.36-46, 2003.

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgar Blucher, 1971. 381 p.

ALMEIDA et al. Análise genética de famílias S0:2 de arroz irrigado. **Genetics and Molecular Biology**, [São Paulo], v. 21, n.3, p. 209, 1998

AZAMBUJA, I. H. V. et al. **Situação da cultura do arroz no mundo e no Brasil**. In: Série Culturas, Arroz. Estado do Rio Grande do Sul, Assembléia Legislativa. Comissão de Agricultura, Pecuária e Cooperativismo. P. 11-22, 2002

AZAMBUJA, I. H. V. et al. Contribuição do cultivo do arroz irrigado na economia brasileira. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 3 e REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 25., 2003, Balneário Camboriú, SC. **Anais**, ... Itajaí: EPAGRI, 2003, p.674-676.

BADAN, A.C.C. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de arroz de sequeiro e suas implicações para o melhoramento**. Piracicaba : ESALQ, 1999. 51 f. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz, ESALQ, Universidade de São Paulo, Piracicaba 1999.

BALTENBERGER et al. Recurrent selection for tolerance to barley yellow dwarf virus in oat. **Crop Science**, Madison, v. 28, p. 477-480, 1988.

BARBOSA NETO, J.A.F. et al. Progresso genético no melhoramento da aveia-branca no sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1605-1612, 2000.

BARBOSA NETO, J. F. et al. E. Precision of genetic relationship estimates based on molecular markers. **Euphytica**, Dordrecht, v. 98, p. 59-67, 1997.

BONOW, S. et al. Caracterização isoenzimática de genótipos de arroz. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n.2, p.291-300, 2001.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1998.

BUSATO et al. Análise da estrutura e da diversidade genética de populações de *Spodoptera frugiperda* (J.E.Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) com a utilização de marcadores AFLP. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 1, p. 203-208, 2004. (No prelo)

BUSO, G.S.C. Analysis of genetic variability of South american wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isoenzymes and RAPD markers. **Molecular Ecology**, Oxford, v.7, n.1, p.107-117, 1998.

CABEZAS-SANTACRUZ, J.D. **Analisis de la variabilidad genética entre líneas de arroz (*Oryza sativa* L.) derivadas de la población CNA-IRAT 2, en diferentes ciclos de recombinación**. Palmira : Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira, 1995. 63 f Monografía (Graduação) - Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira. Universidad Nacional de Colombia, Palmira, 1995.

CANCI, P.C. et al. Implementação da seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas através da macho-esterilidade. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 27, n.3, p. 505-512, 1997.

CARMONA P.S. et al. Avaliação crítica dos projetos do PNP-Arroz na área de melhoramento genético, no período 1980 a 1990: Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. In: EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (Goiânia, GO). **A pesquisa do arroz no Brasil, nos anos 80: Avaliação crítica dos principais resultados**. Goiânia, 1994. p.269-275. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 40).

CARVALHO, F.I.F. de et al. Herdabilidade do caráter estatura de planta de trigo: Estimativa através do coeficiente de regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 16, n. 1, p. 55-67, 1981.

CARVALHO, F.I.F. de et al. Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção. Pelotas: **Ed. da UFPel**, 2001. 99 p.

CARVALHO, H.W.L. de. et al. Estimativa de parâmetros genéticos em dois ciclos de seleção entre e dentro de progênes meios-irmãos na população de milho CMS 453, de alta qualidade proteica. **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 6, n.1, p. 77-84, 2001.

CHALIK, S.T. et al. **Using maternal haploid plants in recurrent selection**. Disponível em: <http://www.maizegdb.org/mnl/73/53chalyk.html>

CHEN, et al. Development of microsatellites framework map providing genome-wide coverage in rice, *Oryza sativa* L. **Theoretically and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 95, p.233-257, 1997.

CORDEIRO, A.C.C. **Número de inter cruzamentos na eficiência da seleção recorrente na cultura do arroz**. Lavras : UFLA, 2001. 149 f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001

COSTA, J.A. et al. Rendimento de genótipos de soja de lançamento recente e fora de recomendação. In: REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO SUL, 9, 1981, Passo Fundo. **Contribuição do departamento de fitotecnia da Faculdade de Agronomia, UFRGS**. Porto Alegre, [s.n.], 1981. 3 f. (mimeografado).

COX, T.S. et al. Genetics improvement in agronomic traits of hard red winter wheat cultivars from 1919 to 1987. **Crop Science**, Madison, v. 28, p. 756-760, 1988.

DATKE et al. Study on variability in advanced generations of paddy strains. **Journal of Soils and Crops**, [Madison], v.7, n.2, p. 190-195, 1997. Resumo disponível em CAB Abstracts on CD-ROM, 1996-98.

DELLAPORTA et al. A plant minepreparation. Versão II. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.1, p. 19-20, 1983.

EHDAIE, B. et al. Genetic variation, heritability and path analysis in landraces of bread wheat from southwestern Iran. **Euphytica**, Dordrecht, v. 41, p.183-190, 1989.

FAGUNDES, P.R.R. et al. Melhoramento Genético do Arroz Irrigado na EMBRAPA - CPACT. IV. Seleção Recorrente. In: REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 21, Porto Alegre, 1995. **Anais...** Porto Alegre, IRGA, 1995. p 82-85

FAGUNDES, P.R.R. et al. Melhoramento Genético do Arroz irrigado na EMBRAPA - CPACT. 5. Seleção Recorrente: Avaliação de famílias $S_{0:2}$ e extração de linhagens 1995/96 e 1996/97. In: REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 22, Camboriu, 1997. **Anais ...** Itajaí, EPAGRI, 1997. 580 p..3.6.

FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetic**. 3. ed. Harlow: Longman Scientific and Technical, 1989. 463p.

FAO: FAOSTATE DATABASE RESULTS. Site: <http://apps1.fao.org/servlet/aceso:08/01/04>, 15:29.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York : Macmillan, 1987. v.1, 536 p.

FRANCO, F. DE A. Progresso genético no rendimento do trigo e sua associação com diferentes caracteres sob variações ambientais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 22, n.3, p. 311-321, 1987.

FUJIMAKI, H. Recurrent selection by use genetic male sterility for rice improvement. **Japanese Agricultural Research**, [Tokyo], v. 13, n.3, p. 153-156, 1979.

GARLAND, S. H. et al. The use of microsatellite polymorphism for the identification of Australian breeding lines of rice (*Oryza sativa* L.). **Euphytica**, Dordrecht, v. 108, n. 1, p. 53-56, 1999.

GARRIS et al. Population structure and its effects on haplotype diversity and linkage disequilibrium surrounding the *xa5* locus of rice (*Oryza sativa* L.). **Genetics**, Baltimore, v.165, p. 759-769, 2003.

GLASZMANN, J.C.A. A varietal classification of Asian cultivated rice (*Oryza sativa* L.) based on isozyme polymorphism. In: RICE GENETICS, 1985, Manila, Phillipines. **Proceedings ...** Manila: International Rice Research Institute, 1986. P. 183-190

GLASZMANN, J.C.A. Isozymes and classification of Asian rice varieties. **Theoretical and Applied Genetics**, Heindelberg, v. 74, n.1, p.21-30, 1987.

GERALDI, I.O. et al. Muestreo genético para programas de melhoramento poblacional. In: GUIMARÃES, E.P. (Ed.) **Avances en el mejoramiento poblacional en arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. P. 9-19.

HALLAUER, A.R. et al. **Quantitative genetic in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1981. 468 p.

HANSON, W.D. The breakup of initial linkage blocks under selected mating systems. **Genetics**, Baltimore, v. 44, p. 857 - 868, 1959.

IRGA. **Recomendações técnicas da pesquisa para o sul do Brasil**. Porto Alegre: IRGA, 2001. 87 p.

JENNINGS, P.O.R. et al. **Rice improvement**. Los Baños: International Rice Research Institute, 1979. Cap. 10, p.186-189.

JENSEN, N.F. A diallel selective mating system for cereal breeding. **Crop Science**, Madison, v. 10, p.629-635, 1970.

KUBIK et al. Genetic diversity in seven perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) cultivars based on SSR markers. **Crop Science**, Madison, v.41, p. 1565-1572, 2001.

KUSH, G.S. et al. Aumento do potencial genético do rendimento do arroz: perspectivas e métodos . In: CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE ARROZ PARA A AMÉRICA LATINA E O CARIBE, 9, 1994, Goiânia, GO. **[Anais]**: Arroz na América Latina: perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1995. v.1, p.13-29. (EMBRAPA-CNPAF. Documento, 60.)

LOPES, M.C.B. **Caracterização fenotípica e molecular de genótipos de arroz irrigado.** 2002. 80 f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002 a.

LOPES, S.I.G. **Avaliação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA 11 e da divergência genética entre os genitores** 2002. 92 f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002 b.

LEWONTIN, R.C. The apportionment of human diversity. **Evolutionary Biology**, Chicago, v.6, p.381-398.

LISCOMB, S.D. et al. Rice Breeding - genetic improvement of rice for Louisiana production. In: ANNUAL Research Report-Rice Research Station. Crowley, Louisiana : Louisiana State University. Agricultural Center : Louisiana Agricultural Experiment Station, 1996. p.3-26.

MAcCOUCH, S. et al. Genetic diversity and population structure in rice. In: PLANT AND ANIMAL GENOMES CONFERENCE, 12., 2004, San Diego, CA. **Proceedings...** San Diego: Town and Country Convention Center, 2004. p. 12-16.

MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. de; et al. Aspectos genéticos, morfológicos e de desenvolvimento de plantas de arroz irrigado. In: GOMES, A da S. ; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. de (eds.). **A cultura do Arroz Irrigado no Sul do Brasil.** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004.

MARIN-GARAVITO, J.M. **Efecto del número de ciclos de recombinación en la variabilidad de poblaciones de arroz (*Oryza sativa* L.).** Palmira: Universidad Nacional de Colombia, 1994. 50 f. Monografía (Graduação) - Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira, Universidade Nacional de Colombia, Palmira, 1994.

MARTINEZ, C.P. et al. Uso de Selección Recurrent en Combinación com Cultivo de Anteras en el Programa de Arroz de Riego del CIAT. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Selección recurrente en arroz.** Cali, Colombia: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p. 139-149.

MEHTRE, S.S. et al. Variability, heritability, correlation, path analysis and genetic divergency studie in M₂ generation of gamma-irradiated upland rice. **International Rice Research Notes**, Manila, v. 21, n. 2-3, p. 56-58, 1996. Resumo em CAB Abstracts on CD-ROM, 1996-98.

MONTALVAN, R. et al. Phenetic distance of geographical distribution of brazilian rice varieties (*oryza sativa* L.) using seed protein polimorphism. **Breeding Science**, Tokyo, v.45, n.3, p.275-280, 1995.

MORAIS, O.P. de. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de inter cruzamentos, usando macho-esterilidade**. Viçosa: UFV, 1992. 251 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1992.

MORAIS, H. et al. Primeiro ciclo de seleção recorrente na população CG2. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DO ARROZ, 6., 1998, Goiânia. **[Anais...]**: Perspectivas para a cultura do arroz nos ecossistemas de várzeas e terras altas. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998. p. 201-203. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 85).

MORISHIMA, H. Phenetic similarity and phylogenetic relationship among strains of *Oryza perennis*, estimated by methods of numerical taxonomy. **Evolution**, Laurence, KS, v. 23, p. 429-443, 1969.

MORISHIMA, H. et al. Philogenetic differentiation of cultiveted rice. XXVII Numerical Evaluation of the Indica-Japonica differentiation. **Japan Journal Breeding**, Tokyo, v. 31, p. 402-413, 1981

MORISHIMA, H. et al. Mating system and genetic structure of natural populations in wild rice *Oryza rufipogon*. **Plant Species Biology**, Carlton South, AUS, v. 5, p. 31-39, 1990.

NEDEL, J.L. Progresso genético no rendimento de grãos de cultivares de trigo lançadas para o cultivo entre 1940 e 1992. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n.10, p. 1565-1570, 1994.

NEI, M. The theory and estimation of genetic distance. In: MORTON, N.E (ed.) **Genetic Structure of Populations**. Honolulu: University of Hawaii Press, 1973. p. 45-51.

NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations . **Proceedings of National Academy of Science from the USA**, Washington, DC, v.70, n.12., p.3321-3323, 1978

NEI, M. et al. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of National Academy of Science from the USA**, Washington, DC, v.76, p.5269-5273, 1979.

NI, J. et al. Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellite markers. **Crop Science**, Madison, v. 42, n.2, p. 601-607, 2002.

NYQUIST, W.E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant population. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Amsterdam, v. 10, p. 235-322, 1991.

OSPINA, Y. et al. Ciclos de Intercruzamientos y Variabilidad Genética en Poblaciones de Arroz. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Selección recurrente en arroz**. Cali, Colombia: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p. 139-149.

OLIVEIRA, A. C. B. de et al. Select for later flowering in soybean (*Glycine max* L. Merrill) F2 populations cultivated under short day conditions. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 22, n. 2, 1999.

PARLEVLIET, J. E. et al. Recurrent selection for grain yield in early generations of two barley populations. **Euphytica**, Dordrecht, v. 38, p. 175-184, 1988.

PATERNIANI, et al. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, et al. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas, BR : Fundação Cargill, 1987. p. 217-274.

PINHEIRO, B. da S. Características morfofisiológicas da planta relacionadas à produtividade. In: VIEIRA, N. R. de A. et al. (eds.). **A cultura do arroz no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. p. 117-148.

PINTO, R.J.B. **Introdução ao Melhoramento Genético de Plantas**, Maringá: EDUEM, 1995. 275 p.

PROHASKA, K.R. et al. Recurrent selection for resistance to iron deficiency chlorosis in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 21, p. 524-526, 1981.

PROMEGA CORPORATION. **Silver sequence™ DNA sequencing system technical manual**. Madison: Promega, 1986. 19p.

RAMALHO, M.A.P. et al. **Genética quantitativa**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

RANGEL, P.H.N. Seleção recorrente e híbridos: Alternativas para aumentar o potencial Produtivo das variedades de arroz. In: PINHEIRO, B.S.; GUIMARÃES, E.P. (Eds.). **Arroz na América Latina**: Perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo.. Goiânia, GO : EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão, 1995. v.1,37-48. (EMBRAPA.CNPAF.Documento, 60). Trabalho apresentado na IX Conferência Internacional de Arroz para a América Latina e o Caribe y V Reunião Nacional de Pesquisa de Arroz, Goiânia, GO, Brasil, 21 - 25 de marzo de 1994.

RANGEL, P.H.N. Origem e evolução do arroz. In: CURSO INTERNACIONAL DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE ARROZ. **[Apostila]**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1998. 8 f. .

RANGEL, P.H.N. et al. CNPAF investiga - decrece en Brasil el rendimiento de arroz de riego. **Arroz en las Americas**, Cali, v.13, p.2-4, 1992.

RANGEL, P.H.N. et al. La selección recurrente recombina genes en el arroz de riego. **Arroz en las Américas**, Cali, v. 13, n.2, p. 5-7, 1992 a.

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, v. 31, p.349-57, 1996.

RANGEL, P.H.N. et al. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Selección Recurrente en Arroz**. Cali : CIAT, 1997. p. 349-357. (Publicación CIAT, 267).

RANGEL,P.H.N. et al. Ganhos de produtividade de grãos no melhoramento populacional de arroz de várzea. In: RENÍÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 6., Goiânia, 1998. **[Anais...]**: Perspectivas para a cultura do arroz nos ecossistemas de várzeas e terras altas. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1998a. p. 174-176.

RANGEL, P. H. N. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e respostas à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.6, p.905-912, 1998 b.

RANGEL, P.H.N. et al. **Ganhos observados para produtividade de grãos em três ciclos de seleção recorrente na população CNA-IRAT 4**. [S.l.] : Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2001. Resumo disponível em [http:// www.sbmp.org.br/cbmp](http://www.sbmp.org.br/cbmp) <<http://www.sbmp.org.br/cbmp>>. Acesso em 2001.

REIS, et al. Potencial genético de duas populações de milho branco. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23, 2000. Uberlândia: ABMS, 2000.

RODRIGUEZ, R.E.S. et al. Estimativa de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA 1. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 5, p. 685-691, 1998.

ROGER, M. Measures of genetic similarity and genetic distance. In: STUDIES IN GENETICS. University of Texas Publications., 7213, 1972, p. 145-153.

ROHLF, F.J. **NTSYS - PC**: numerical taxonomy and multivariate analysis system. Versão 2.10 m. New York: Exeter Software, 2000. 1 CD.

RUBIN, S. de A.L. et al. Progresso no melhoramento genético da soja no Estado do Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v. 2, n.2, p. 139-147, 1996.

RUSSELL, W.A. Comparative performance for maize hybrids representing different eras of maize breeding. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 29., 1977, Chicago. **Proceedings** . . . Washington: American Seed Trade Association, 1977. p. 81-101.

SANTOS, P.G. Avaliação do progresso genético obtido em 22 anos no melhoramento do arroz irrigado em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 10, p.1889-1896, 1999.

SANTOS, P.G. et al. Estimates of genetic and phenotypic parameters in a segregant population of rice irrigated by continuous flooding. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, BR, v. 20, n.3, p.429-433, 1997.

SARAVANAN, R. et al. Genotypic and phenotypic variability, heritability and genetic advance in some important traits in rice. **Madras Agricultural Journal**, Tamil Nadu, India, v. 84, n. 5, p. 276-277, 1997.

SAS Institute. **System for information**. Versão 8.0. Cary, 2000.3 CD-ROM.

SHARMA, B. D. et al. Yield attributes of rice (*Oryza sativa* L.) under acidic, low-phosphorous and high iron soils of north-eastern region of India. **India Journal of Agricultural Science**, [s.l.], v. 67, n.12, p.580-582, 1997. Resumo em CAB Abstracts on CD-ROM, 1996-98.

SINGH, R.J. et al. Monogenic male sterility in rice: Induction, identification and Inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 21, p. 286-289, 1981.

SOARES, A.A . **Desempenho do melhoramento genético do arroz de sequeiro e irrigado na década de oitenta, em Minas Gerais**. Lavras : UFL,1992. 188 f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1992.

STEINMETZ, S. Clima. In: VIEIRA, N. R. de A. et al. (eds.). **A cultura do arroz no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. p. 58-87.

TERRES. A.L.S. et al. **Arroz Irrigado no Rio Grande do Sul** : generalidades e cultivares. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 1999. 58 p. (Embrapa Clima Temperado. Circular Técnica, 14).

TSUNODA, S. The growth and production system for the maximum yield. **Recent Advances Breeding**, [s.l.], v.3, p. 89-93, 1962.

TSUNODA, S. Differentiation of Ecotypes in Cultivated Rice-I Origin and Differentiation of Rice/Chapter 3.4. Variou Ecotypes. 2. Ecological characteristics of pland rice. In: **SIENCE of the Rice Plant**. Tokio : Food Agriculture Policy Research Center, 1997. v.3: Genetics, p. 135-143.

VERMA et al. Genetics of harvest index and grain characters eliminating and allowing the inadequacy of testers using selfing generation of triple test cross in rice. **Annals of Biology Ludhiana**, v.10, n.2, p.216-222, 1994. Resumo disponível em CAB Abstract on CD-ROM, 1996-98.

VIEIRA, E.A. et al. Análise da estrutura genética de populações de azevém nual (*Lolium multiflorum*) estimada por RAPDS. **Scientia Agrícola**, Piracicaba. No prelo.

WATANABE, Y. Genomic Constitution of Genus *Oryza* - I. Origin and Differentiation of Rice/Chapter 1. 1. Phylogeny and geographical distribution of genus *Oryza*. In: SCIENCE of the Rice Plant. Vol 3. Genetics. Tokio : Food Agriculture Policy Research Center, 1997. v.3: Genetics, p. 29-39.

YUN, R. et al. Study on DNA diversity of Liaodong populations at Dongling mountain region. **Acta Botanica Sinica**, [s.l.], v. 40, p.169-170, 1998.

WHITKUS, et al. A genetic diversity and relationship on Cacao (*Theobroma cacao* L.) in southern Mexico. **Theoretically and applied Genetics**, Heidelberg, v.96, p. 621-627, 1998.

7. VITA

Paulo Ricardo Reis Fagundes, filho de Hélio Robaldo Fagundes e Wilma Maria Reis, nasceu em 30 de maio de 1960, em Pelotas, Rio Grande do Sul.

Completo o ensino de primeiro grau no Colégio Gonzaga e o segundo no Colégio Diocesano, ambos em Pelotas.

Em agosto de 1979 ingressou na Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, graduando-se como Engenheiro Agrônomo em Janeiro de 1984.

Em 1984 ingressou como estagiário da EMBRAPA-CPATB e no ano seguinte foi contratado para trabalhar como pesquisador da área de melhoramento genético de soja, onde exerceu suas atividades até 1993, quando passou a dedicar-se exclusivamente ao melhoramento de arroz irrigado.

Em Março de 1988 ingressou no curso de Mestrado em Ciências, área de Concentração em Fitomelhoramento, da Universidade Federal de Pelotas, recebendo o título de Mestre em Ciências/Fitomelhoramento em setembro de 1990.

