

DESEMPENHO DA POPULAÇÃO CNA11 DE ARROZ IRRIGADO NO QUINTO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE

José Manoel Colombari Filho¹; Oneides Antônio Avozani²; Paulo Ricardo Reis Fagundes³; Ariano Martins de Magalhães Júnior³; Orlando Peixoto de Morais¹

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; genética quantitativa; melhoramento populacional; resposta a seleção.

INTRODUÇÃO

O sucesso de um programa de melhoramento genético decorre da escolha das estratégias mais adequadas para a condução das populações a fim de alcançar o progresso genético desejado durante o desenvolvimento de cultivares.

Para caracteres quantitativos, existe a dificuldade de concentrar no curto prazo todos os alelos favoráveis em um único genótipo. Para isso, uma alternativa é acumulá-los gradualmente por meio de seleção recorrente (SR), promovendo o aumento da média da população e manutenção de suficiente variabilidade genética para proporcionar ganhos factíveis em ciclos subsequentes. Nesse sentido, a Embrapa e o IRGA tem desenvolvido, em parceria, um programa de seleção recorrente com cinco populações de SR, visando o progresso genético dos principais caracteres quantitativos de importância econômica.

A CNA11 é uma população de SR sintetizada pela Embrapa em 1995/96, que está no seu quinto ciclo de seleção após uma recombinação e, assim, é denominada como CNA11/5/1. Na sua síntese foram envolvidos genitores com elevado potencial produtivo; resistência a bicheira da raiz, brusone e mancha parda; com tolerância a temperaturas infraótima e à toxidez por ferro e qualidade de grãos (RANGEL et al., 2000). Essa população permite ser recombinada em campo com uso da macho-esterilidade genética proveniente da linhagem IR 36 (SINGH & IKEHASHI, 1981).

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho da população CNA11/5/1 de SR de arroz irrigado, por meio da avaliação das suas progênes S_1 .

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados dos caracteres produção de grãos (PG; kg ha⁻¹), altura de plantas (AP; cm) e dias para o florescimento (DF; DAE) provenientes do ensaio de rendimento de progênes da população CNA11/5/1 de seleção recorrente conduzido na Estação Experimental do Arroz do IRGA, em Cachoeirinha/RS, no ano agrícola 2014/15.

O ensaio foi composto por duas cultivares como testemunhas (IRGA 417 e IRGA 424) e 264 progênes S_1 da população, agrupadas em 44 famílias de 6 progênes. O delineamento experimental adotado foi de blocos aumentados de Federer, sem repetição, com blocos contendo 24 progênes e 2 testemunhas. As parcelas foram constituídas por 7 linhas de 2,8 m de comprimento, espaçadas entre si por 0,17 m e com densidade de 60 sementes m⁻¹.

Os dados foram submetidos à análise estatística, via *proc glm* do aplicativo estatístico SAS[®] 9.2, conforme o seguinte modelo misto (adaptado de DUARTE et al., 2001): $y_{ijm} = \mu + b_j + t_m + g_{i/m} + \varepsilon_{ijm}$, em que, y_{ijm} é a observação do genótipo i no bloco j , sendo o genótipo pertencente ao tipo m ; μ é a média geral; b_j é o efeito fixo de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$); t_m é o efeito fixo de tipo m ($M = 2$, com um grupo das progênes e outro de testemunhas); $g_{i/m}$ é o efeito aleatório de genótipo i (progênes ou testemunhas) dentro do tipo m ($i =$

¹ Doutor, Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, 75375-000, Caixa Postal 179, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br (autor correspondente)

² Mestre, Pesquisador do Instituto Rio Grandense do Arroz, 94930-030, Caixa Postal 29, Cachoeirinha, RS

³ Doutor, Pesquisador da Embrapa Clima Temperado, 96010-971, Caixa Postal 403, Pelotas, RS

1, 2, ..., P, P + 1, P + 2, ..., P + T; sendo P o número de progênies e T o número de testemunhas), assumindo $g_{ijm} \sim NID(0, \sigma_{gm}^2)$; e ε_{ijm} é o erro experimental associado à ijm -ésima parcela, assumindo-se independente e identicamente distribuído, sob $NID(0, \sigma^2)$.

Desse modo, a esperança do quadrado médio do erro (QME) é igual à variância do erro ($\hat{\sigma}^2$); e a esperança do quadrado médio de progênies (QMP) é igual a $\hat{\sigma}^2 + k\hat{\sigma}_p^2$, em que $\hat{\sigma}_p^2$ é a variância genética entre progênies S_1 e k é o valor do coeficiente associado à estimativa desse componente devido ao desbalanceamento no conjunto de dados experimentais, cujo valor foi 1,0009.

Para PG, foi obtida estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, em nível de médias de progênies S_1 (\hat{h}_p^2) e a resposta esperada com a seleção (R_s) pela expressão $R_s = ds \hat{h}_p^2$, em que ds é o diferencial de seleção entre a média das progênies selecionadas e a média da população (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O coeficiente de variação experimental obtido com os dados de produção de grãos (PG) foi igual a 13,42%, o que reflete uma satisfatória precisão experimental considerando-se a cultura, o caráter avaliado, o tamanho da parcela e o delineamento experimental adotado. Foi detectada a ocorrência de diferença significativa pelo teste F ($p \leq 0,05$) para o efeito de progênies, o que indica a presença de variabilidade genética na população para PG, com diferença significativa entre médias de progênies S_1 .

A média geral da população CNA11/5/1 para PG foi 6.458 kg ha^{-1} , enquanto as testemunhas IRGA 417 e IRGA 424 apresentaram médias de 6.264 e 9.026 kg ha^{-1} , respectivamente (Figura 1). Para PG, a média baixa da população decorre principalmente da elevada amplitude da variação fenotípica entre médias de progênies S_1 , que variou de 2.339 a $11.333 \text{ kg ha}^{-1}$, com a mediana muito próxima da média (Figura 2). No entanto, cerca de 15% das progênies apresentaram médias elevadas, superiores ou semelhantes à testemunha de maior PG, IRGA 424 (Figura 1). Cabe ressaltar que dentro das progênies S_1 existe a presença de variância genética (aditiva e dominância), que implica na presença de genótipos com diferentes potenciais produtivos, além da presença do gene de macho-esterilidade que contribui para a redução a expressão do caráter PG.

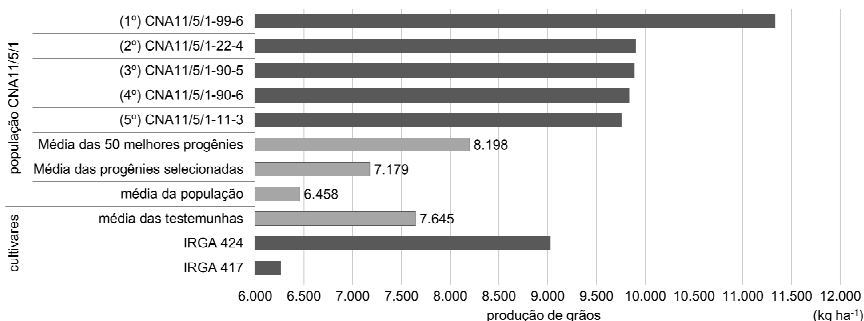


Figura 1. Para o caráter produção de grãos (kg ha^{-1}): média das cinco melhores progênies S_1 da CNA11/5/1; média das 50 melhores progênies; médias das progênies selecionadas; média geral da população; média geral e individual das testemunhas.

No esquema aplicado para condução da população nesse programa de SR, as progênies S_2 são utilizadas como unidade de avaliação em ensaios de rendimento com repetições em diferentes locais alvo. Assim, nessa etapa de progênies S_1 , o objetivo é avançar e selecionar as melhores para aceitação fenotípica, dimensões do grão,

resistência baseada pela severidade de doenças na parcela (escaldadura, mancha parda, brusone de pescoço e mancha de grãos) e produtividade. Com isso, foi praticada uma seleção no campo, estratificada por ascendência, com intensidade de aproximadamente 40%, que resultou em 101 progênies que representaram 32 famílias, ou seja, 32 plantas *msms* ascendentes.

A média das progênies selecionadas foi 7.179 kg ha⁻¹, enquanto a média das 50 melhores dentro deste grupo foi de 8.198 kg ha⁻¹, que representa a quantidade a ser selecionada com base nos dados das progênies S₂. Tais resultados levaram a uma *R*s de 450 kg ha⁻¹ (6,97%) e 1.086 kg ha⁻¹ (16,82%), respectivamente, considerando que a \hat{h}_p^2 foi igual a 62,45% (QMP=2.062.152 e QME=77.4418). Assim, mesmo inflacionados pela interação de progênie x local, esses resultados são muito satisfatórios.

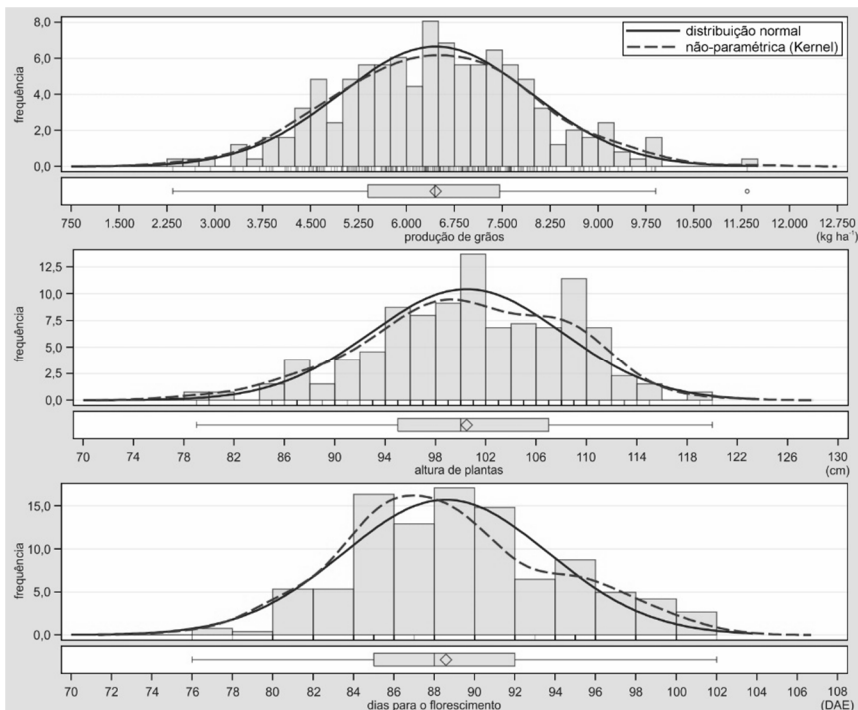


Figura 2. Histogramas e *Boxplots* das médias das progênies S₁ da população CNA11/5/1, para os caracteres: produção de grãos (kg ha⁻¹), altura de plantas (cm) e dias para o florescimento (DAE). Estimativa da densidade paramétrica (distribuição normal, linha contínua) e não paramétrica (função de Kernel, linha tracejada).

Para o caráter altura de plantas (AP), a média da população CNA11/5/1 foi 100,5 cm, a qual é considerada não favorável. No entanto, verifica-se por meio da amplitude de variação desse caráter, igual a 41 cm, que a população apresenta potencial para obtenção de progresso genético para redução do porte das plantas, uma vez que 50% das progênies apresentaram AP abaixo de 100 cm.

Por fim, para o caráter dias para o florescimento (DF), a população CNA11/5/1 apresentou possibilidade de desenvolvimento de linhagens para os diferentes ciclos de maturação, uma vez que as médias das progênies S₁ variaram de 76 (ciclo precoce) a 102

DAE (ciclo tardio), com predomínio de progênies de ciclo médio (88 DAE).

CONCLUSÃO

Pelo desempenho que a população CNA11/5/1 apresentou por meio da avaliação de progênies S₁, é esperado progresso genético para PG e outros caracteres de interesse após a seleção e recombinação das melhores progênies ao final do quinto ciclo de seleção recorrente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

DUARTE, J. B. et al. Estimadores de componentes de variância em delineamento de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 36, n. 9, p. 1155-1167, 2001.

RANGEL, P. H. N.; ZIMMERMANN, F. J. P.; FAGUNDES, P. R. R. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Avances en el mejoramiento poblacional en arroz**. Santo Antônio de Goiás, Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 65-85.

SINGH, R. J.; IKEHASHI, H. I. Monogenic male-sterility in rice: introduction, identification and inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 21, n. 1, p. 286-289, 1981.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.