

## 1 - INTRODUÇÃO

A produtividade do arroz irrigado, durante os últimos 25 anos aumentou substancialmente após o desenvolvimento pelo International Rice Research Institute (IRRI) na década de 1960, das variedades modernas de arroz de porte baixo (Jennings et al., 1979). Com o advento destas cultivares houve uma mudança positiva não só na filosofia do melhoramento genético, como também a nível de agricultores que passaram a utilizar alta tecnologia no cultivo do arroz.

No Brasil, a substituição nas lavouras, das variedades tradicionais de porte alto pelas modernas de porte baixo, a produtividade duplicou em alguns estados. No Rio Grande do Sul o rendimento aumentou em 15% (Carmona, 1989) e em Santa Catarina em 66% devido o uso das variedades modernas junto com um melhor manejo da cultura (Ishiy, 1985).

Após a criação das variedades modernas de arroz, os ganhos genéticos para produtividade, em cada ciclo de seleção, estão se tornando mais difíceis de serem obtidos. No Brasil, na década de 80 os ganhos genéticos para rendimento no arroz irrigado, quando obtidos, foram de pequena magnitude, apesar dos inúmeros cruzamentos submetidos à seleção (Rangel et al., 1992a; Soares, 1992). Aparentemente a produtividade do arroz irrigado tem alcançado um platô e esforços para aumentar o potencial produtivo das variedades não tem resultado em ganhos expressivos. Aumento da produtividade tem sido obtido, principalmente através da incorporação de resistência as doenças e melhoria do manejo da cultura.

O estreitamento excessivo da base genética das populações utilizadas no melhoramento constitui-se em um dos principais fatores que podem estar limitando a obtenção de variedades de arroz irrigado com potencial produtivo superior ao das cultivares atualmente utilizadas. No Brasil, Rangel et al. (sd) avaliando a base genética das cultivares de arroz irrigado mais utilizadas no Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Tocantins, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e São Paulo, verificaram que apenas sete ancestrais (Deo Geo Woo Gen, Cina, Lati Sail, I Geo Tze, Mong Chim Vang A, Belle Patna e Tetep) constituem a base genética das cultivares. Com exceção de Santa Catarina, cuja contribuição genética é de 31%, nos demais estados, estes ancestrais são responsáveis por mais de 70% do conjunto gênico das variedades. No Rio Grande do Sul, maior produtor de arroz irrigado do Brasil, apenas seis ancestrais (Deo Geo Woo Gen,

<sup>1</sup>Trabalho conduzido conjuntamente com os pesquisadores das seguintes instituições: P.S. Carmona (IRGA); P.R.R. Fagundes (EMBRAPA/EPACT); S. Yokoyama (EPAGRI); A.A. Soares (EPAMIG); P.C. Soares (EPAMIG); V. dos A. Cutrim (EMBRAPA/CNPAF); R. de P. Ferreira (EMBRAPA/CNPAF); A.C.C. Cordeiro (EMBRAPA/CPAF-AC) e J.A. Pereira (EMBRAPA/CPAMN).

<sup>2</sup>Melhoristas de arroz, EMBRAPA/CNPAF, Caixa Postal 179, 74001-970, Goiânia, GO, Brasil.

Cina, Lati Sail, I Geo Tze, Mong Chim Vang A e Belle Patna) contribuem com 86% dos genes das variedades de arroz mais plantadas.

A principal consequência da limitação da diversidade genética é a redução das possibilidades de ganhos adicionais na seleção, uma vez que o melhorista passa a manejar um conjunto gênico de tamanho limitado (Hanson, 1959).

Os programas tradicionais de melhoramento genético de arroz, utilizam, de uma maneira geral, métodos que maximizam a endogamia no desenvolvimento de novas linhagens. Normalmente, após a síntese de uma nova população com os recursos da hibridação entre progenitores, as gerações segregantes são conduzidas recorrendo-se ao processo natural de autofecundação. A endogamia progressiva, no decorrer das sucessivas gerações, reduz de maneira crescente as chances de recombinação pois, com a identidade entre alelos de um mesmo loco, os processos de "crossing-over" tornam-se inefetivos na produção de novos recombinantes.

Assim, os métodos convencionais de melhoramento de arroz apresentam menor potencial de geração de variabilidade do que teria se os intercruzamentos entre unidades de recombinação fossem mais frequentes. Reduzindo a geração de variabilidade, reduzem-se como consequência, a obtenção de ganhos genéticos por seleção.

Uma das alternativas utilizáveis, para se aumentar os ganhos por seleção em arroz consiste em sintetizar populações de base genética mais ampla e conduzi-las por meio da seleção recorrente.

A seleção recorrente é a técnica de melhoramento, que aumenta a frequência dos genótipos favoráveis em uma população através da aplicação cíclica de intercruzamentos e seleção (Ikehashi & Fujimaki, 1980). Esta técnica é amplamente utilizada em plantas alógamas. O uso limitado em plantas autógamias em parte é devido a dificuldade em se fazer cruzamentos para recombinação em cada ciclo de seleção. Em arroz, com a descoberta da mancho-esterilidade genética, que possibilitou o intercruzamento no campo, o uso da seleção recorrente tornou-se viável nos programas de melhoramento (Fujimaki, 1979).

No Brasil, a seleção recorrente está sendo utilizada no melhoramento de populações de arroz irrigado, visando a extração de linhagens com potencial produtivo superior ao das variedades atualmente cultivadas, associado a outras características agrônômicas favoráveis (Rangel et al., 1992b; Rangel, 1992; Rangel, 1994).

## **2 - SELEÇÃO RECORRENTE**

### **2.1 - SINTETIZAÇÃO DA POPULAÇÃO BASE**

Na sintetização da população base segundo Fehr (1987), três pontos devem ser considerados; a) os progenitores que irão compor a população terão que ter um alto comportamento "per se" para os caracteres a serem melhorados e devem ser divergentes geneticamente para maximizar a variabilidade genética; b) utilizar o maior número possível de progenitores sem contudo comprometer a média dos caracteres de interesse; e c) efetuar determinados números de intercruzamentos para propiciar a recombinação gênica e permitir que a população entre em equilíbrio de ligação. Em arroz, Fujimaki (1979) sugere três intercruzamentos na população base antes de iniciar o processo de seleção.

No desenvolvimento das populações base de arroz irrigado, tem-se utilizado como fonte de mancho esterilidade genética, um mutante da cultivar IR36, obtido através de mutagênico químico. Este mutante carrega um gene

recessivo (ms) que em homozigose (msms), induz a esterilidade dos grãos de pólen. Utiliza-se também como fonte de macho esterilidade as plantas macho-estéreis de uma população já criada.

O processo de sintetização caracteriza-se por uma série de cruzamentos manuais entre os progenitores e a fonte do gene ms, seguidos de retrocruzamentos. Os retrocruzamentos são necessários para aumentar a participação dos progenitores no conjunto gênico e permitir que todos os citoplasmas estejam presentes na população.

Uma outra alternativa é, em vez de fazer retrocruzamento, cruza-se o  $F_1$  com o progenitor de número subsequente para diantar a recombinação (Figura 1).

Após esta fase, ter-se-ão progênies férteis, com genótipos homozigóticos (MsMs) ou heterozigóticos (Msms). É preciso então, uma geração de autofecundação, para que genótipos macho-estéreis (msms) possam ser formados. Estes genótipos, que são facilmente identificáveis durante a floração, são necessários para a recombinação no campo.

As sementes obtidas das autofecundações são misturadas para compor a nova população. O plantio destas sementes no campo, permitirá a polinização causada das plantas macho-estéreis (msms) pelas férteis (MsMs ou Msms), o que caracterizara o primeiro ciclo de recombinação. Após três recombinações considera-se, então, sintetizada a nova população, cuja composição final é estabelecida em função da participação percentual de cada progenitor utilizado.

Foram sintetizadas pelo CNPAF/EMBRAPA, quatro populações. São elas:

a) CNA-IRAT 4 - Sintetizadas pela EMBRAPA/CNPAF com o Institut de Recherches Agronomiques Tropicales (IRAT), através do intercruzamento de 10 variedades/linhagens do grupo indica (Tabela 1). Para tanto, nove variedades foram utilizadas como parentais masculinos em cruzamento com a IR 36 (msms), que é a fonte de macho-esterilidade genética. Indivíduos  $F_1$  foram retrocruzados, como parentais masculino, com as variedades, de modo a ter todos os nove citoplasmas representados na população. As sementes  $F_2$  das plantas heterozigotas foram misturadas formando a população CNA-IRAT4/0/0. Esta população sofreu três recombinações que originaram a população CNAa-IRAT4/0/3. Posteriormente a população sofreu uma seleção massal obtendo-se 100 famílias  $S_{0:1}$  das quais foram escolhidas 15 e selecionadas 10 plantas/família. As plantas selecionadas foram intercruzadas, originando a população CNA-IRAT4/1/1. Desta população foram extraídas as populações precoce (CNA-IRAT4PR) e de ciclo médio (CNA-IRAT4ME).

Tabela 1. Progenitores e participação relativa das variedades/ linhagens componentes da população CNA-IRAT 4.

Variedades/ linhagens	Progenitores	Participação relativa (%)
BG 90-2	IR 262/Remadja	8,33
CNA 7	T 141/IR 665-1-1-75-3	8,33
CNA 3815	Cica 4/BG90-2//SML 5617	8,33
CNA 3848	IR 36/Cica 7//5461	8,33
CNA 3887	BG 90-2/Tetep//4440	8,33
Colômbia 1	Napal/Takao Iku 18	8,33
Eloni	IR 454/SML Kapuri//SML 66410	8,33
Nanicão	Cultivar tradicional- Brasil	8,33
UPR 103.80.1.2	IR 24/Cauvery	8,33
IR 36 (msms)	Mutante de IR 36	25,00



b) CNA-IRAT P - Sintetizada pela EMBRAPA/CNPAP junto com o IRAT, através do intercruzamento de plantas macho-estéreis (msms) da população de arroz de sequeiro (grupo japonica) CNA-IRAT5/0/2 com 15 variedades/linhagens de arroz irrigado (grupo indica). As sementes F<sub>2</sub> foram misturadas para formar a CNA-IRATP/0/0 que sofreu duas recombinações originando a CNA-IRATP/0/2. A Tabela 2 mostra os progenitores e a participação relativa das variedades/linhagens componentes da CNA-IRATP.

c) CNA 1 - Esta população foi sintetizada pela EMBRAPA/CNPAP, a partir de 70 plantas macho-férteis precoces colhidas na população CNA-IRAT4/0/5. Sementes em quantidades iguais de cada planta foram misturadas constituindo a população. Nessa população, foi feita a introgressão de genes de três novos genótipos, sendo duas fontes de precocidade (JAVAÉ e CNA 6860) e uma fonte de qualidade de grãos (Bluebelle). Posteriormente, a população foi recombinada originando a CNA1 (Tabela 3).

Tabela 2. Progenitores e participação relativa das variedades/ linhagens componentes da população CNA-IRAT P.

Variedades/linhagens	Progenitores	Participação relativa (%)
CNA 3762	4440/Cica 7//Cica 4	3,57
CNA 5193	-	3,37
IR 13540-56-3-2	-	3,57
CNA 4993	5685//3250/IRAT 8	3,57
Dawn	Century Patna 231/ HO12-1-1	3,57
IAC 120	Iguape Agulha/Nira	3,57
BR IRGA-409	IR 930-2/IR 665-31-2-4	3,57
IET 4094	-	3,57
Metica 1	P 738/P 881//P 738/P 868	3,57
CNA 4899	Sigadis/TN1//IR 24	3,57
CNA 4988	5854//3224/Costa Rica	3,57
CNA 4223	IR 841/4440//IR 36/Cica 7	3,57
CNA 3942	IR 36/Cica 9//Cica 7	3,57
Ciwini	-	3,57
CNA-IRAT 5/0/2	-	50,00
Beira Campo*	Cultivar tradicional- Brasil	5,39
CNA 4097*	63-83/IAC 25	5,39
CNA 4145*	IAC 47/Kinandong Patong	5,39
IRAT 177*	Mutante de 63-83	5,39
IREM 41-1-1-4*	Mutante de Makouta	5,39
Palha Murcha*	Cultivar tradicional- Brasil	5,39
TOX 1011-4-2*	IRAT 13/DP 689//TOX490-1	5,39
CNA 5171*	IAC 47/IRAT 13	2,69
Casca Branca*	Cultivar tradicional- Brasil	0,84
CNA 5179*	IAC 47/IRAT 13	0,84
CNA 770187*	Cultivar tradicional- Brasil	0,84
Comum Crioulo*	Cultivar tradicional- Brasil	0,84
Jaguari*	Cultivar tradicional- Brasil	0,84
L-13*	-	0,84
L 81-24*	IAC 2091/Jaguari//IRAT 10	0,84
Santa América*	Cultivar tradicional- Brasil	0,84

(Continua...)

Tabela 2. Continuação.

Variedades/linhagens	Progenitores	Participação relativa (%)
Cuiabana*	IAC 47/SR 2041-50-1	8,10
IRAT 237*	IAC 25/RS 25	6,73
IAC 165*	Dourado Precoce/IAC1246	2,69
IREM 247*	Mutante de IAC 25	2,50
IAPAR 9*	Batatais/IAC F3-7	1,57
IRAT 112*	Dourado Precoce/IRAT 13	1,47
CNA 4135*	IAC 47/63-83	1,36
IREM 238*	PJ 110/IAC 25	1,35
Arroz de Campo*	Cultivar tradicional- Brasil	1,25
CA 435*	Cultivar tradicional- Brasil	0,84
Palawan*	Cultivar asiática	12,50
IR 36 (msms)*	Mutante de IR 36	12,50

\* Componentes da população CNA-IRAT 5.

Tabela 3. Progenitores e participação relativa das variedades/ linhagens componentes da população CNA 1.

Variedades/linhagens	Progenitores	Participação relativa (%)
BG 90-2*	IR 262/Remadja	6,25
CNA 7*	T 141/IR 665-1-1-75-3	6,25
CNA 3815*	Cica 4/BG 90-2//SML5617	6,25
CNA 3848*	IR 36/Cica 7//5461	6,25
CNA 3887*	BG 90-2/Tetep//4440	6,25
Colômbia 1*	Napal/Takao Iku 18	6,25
Eloni*	IR 454/SML Kapuri//SML66410	6,25
Nanicão*	Cultivar tradicional- Brasil	6,25
UPR 103.80.1.2*	IR 24/Cauvery	6,25
IR 36 (msms)*	Mutante de IR 36	18,75
Javaé	P 3085//IR 5853-118-5/IR19743-25-2-2-3-1	8,33
CNA 6860	Lemont/Q 65101//P 2015-F4-66-B-B	8,33
Bluebelle	CI 9214//Century Patna/CI 9122	8,33

\* Componentes da população CNA-IRAT 4.

d) CNA5 - Esta população foi sintetizada pela EMBRAPA/CNPAF, utilizando como componentes a população CNA1, as variedades comerciais Metica 1, BR-IRGA 409 e CICA 8, as fontes de resistência múltipla a brusone e mancha dos grãos, IRI 342 e Basmati 370 e as variedades tradicionais de arroz de várzea, De Abril, Paga Dívida, Quebra Cacho e Brejeiro. A seleção das variedades tradicionais foi feita através de estudos de divergências genéticas utilizando-se técnicas multivariadas, entre 72 cultivares tradicionais de arroz de várzea úmida analisadas (Rangel et al., 1991). A constituição final da população CNPAF5 após a sintetização é mostrada na Tabela 4.

Tabela 4. Progenitores e participação relativa das variedades/ linhagens componentes da população CNA 5.

Variedades/linhagens	Progenitores	Participação relativa (%)
IR 36 (msms)*	Mutante de IR 36	4,688
BG 90-2*	IR 262/Remadja	1,562
CNA 7*	T 141/IR 665-1-175-3	1,562
CNA 3815*	Cica 4/BG 90-2/SML 5617	1,562
CNA 3848*	5461//IR 36/Cica 7	1,562
CNA 3887*	4440//BG 90-2/Tetep	1,562
Colômbia 1*	Napal/Takao Iku 18	9,062
Eloni*	IR 454/SML Kapuri//SML 66H10	1,562
Nanicão*	Cultivar tradicional - Brasil	1,562
UPR 103-80-1-2*	IR 24/Cauvery	1,562
Bluebelle*	CI 9214//Century Patna/CT 9122	2,082
CNA 6860*	Lemont/Q 65101//P 2015	2,082
Javaé*	P3085//IR 5853-118-5/IR 19743-25-2-2-3-1	2,082
Metica 1	P 738/P 881//P 738/P 868	7,500
BR IRGA-409	IR 665-31-2-4/IR 930-2	7,500
Cica 8	Cica 4//IR 665/Tetep	7,500
De Abril	Cultivar tradicional - Brasil	7,500
Paga Dívida	Cultivar tradicional - Brasil	7,500
Quebra Cacho	Cultivar tradicional - Brasil	7,500
Brejeiro	Cultivar tradicional - Brasil	7,500
IRI 342	Milyang 23/IR 1545	7,500
Basmati 370	Cultivar do Paquistão	7,500

\* Componentes da população CNA 1.

## 2.2 - MELHORAMENTO DA POPULAÇÃO

Com exceção da seleção massal, todos os métodos de seleção recorrente incluem três fases (obtenção, avaliação e recombinação das famílias) conduzidas de maneira repetitiva ao longo dos ciclos de seleção. Dois aspectos são fundamentais para maximizar o sucesso da seleção. São eles: a) amostragem de um número adequado de indivíduos que, representem a variabilidade da população; e b) ensaios de avaliação adequados que permitam identificar as diferenças genéticas entre os indivíduos analisados.

No Brasil, no melhoramento de populações tem-se empregado o Método de Seleção Recorrente em Famílias  $S_{0:2}$  (Rangel, 1992), cujo esquema é mostrado na Figura 2. Os passos são os seguintes:

a) **Ano 1 (safra) - Obtenção das famílias.** As populações originais  $S_0$  segregando 50% de plantas macho-férteis (Msms) para 50 de plantas macho-



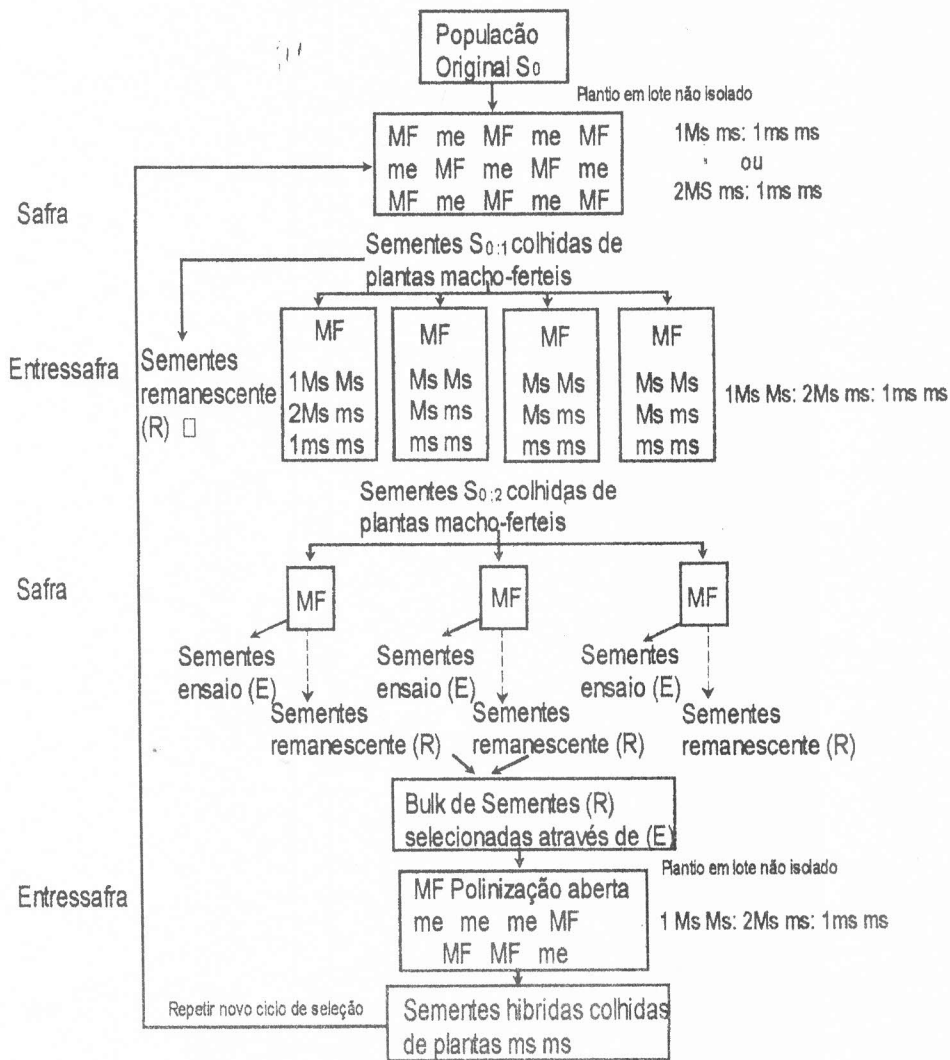


FIG. 2. Esquema de seleção recorrente em famílias  $S_{0.2}$



estéreis (msms), são plantadas para seleção de plantas  $S_{0:1}$  macho-férteis. São colhidas cerca de 250 plantas por população.

b) **Ano 1 (entressafra) - Multiplicação das Famílias.** Parte das sementes  $S_{0:1}$  são armazenadas e parte são plantadas com o objetivo de aumentar a quantidade de sementes para os ensaios de avaliação de rendimento. Simultaneamente com a multiplicação é feita a seleção das 200 melhores famílias considerando-se principalmente resistência as doenças e tipo de grão. Sementes das plantas de cada família são colhidas em "bulk" constituindo as famílias  $S_{0:2}$ . As famílias  $S_{0:1}$  segregam na proporção de 75% de plantas macho-férteis ( $M_s$ ) para 25% de plantas macho-estéreis (msms).

c) **Ano 2 (safra) - Avaliação das famílias  $S_{0:2}$ .** É a fase mais importante do método. As 200 famílias  $S_{0:2}$  são avaliadas em ensaios cujo delineamento experimental são os Blocos Aumentados de Federer. A parcela é constituída de três sulcos de 5m de comprimento. A seleção das famílias superiores é feita baseando-se na produtividade média, resistência as doenças e tipo de grão. A intensidade de seleção utilizada é de 25% nos garantindo um tamanho efetivo de  $N_e = 50$ . Os ensaios são conduzidos na Região I pelo IRGA CPACT e Granja 4 Irmãos no Rio Grande do Sul e pela EPAGRI em Santa Catarina; e na Região II e III pelo CNPAF em Goiás, CPAF/RR em Roraima, CPAMN no Piauí, UNITINS/CNPAF no Tocantins, EPAMIG em Minas Gerais e pelo IAPAR no Paraná. As famílias  $S_{0:2}$  selecionadas em cada local são utilizadas para extração de linhagens para aquele local específico. Das famílias superiores nos vários locais dentro de cada região são misturadas sementes remanescentes  $S_{0:1}$  em quantidades iguais para recombinação.

Na fase de avaliação de famílias, dois pontos devem ser considerados. O primeiro é o tamanho efetivo da população ou seja, o número de indivíduos que contribuem efetivamente com genes para a próxima geração. Este número deve ser tal que permita ganhos por seleção a médio e longo prazo sem perdas consideráveis da variabilidade devido a endogamia e oscilação genética. Pereira (1980), considerando um modelo aditivo, concluiu que o tamanho efetivo para se garantir sucesso no processo seletivo depende da estrutura da população e que seu valor mínimo deveria ser, aproximadamente, de  $N_e = 40$ , para uma população de base genética ampla e frequência alélica intermediária,  $N_e = 25$ , para uma população já mais melhorada, e  $N_e = 50$  para população pouco melhorada.

Segundo ponto a ser considerado é a segregação das famílias para o gene de macho-esterilidade, o que pode subestimar o rendimento de grãos, mascarando os resultados dos ensaios de avaliação. Deve-se considerar entretanto, que todas famílias estão segregando na mesma proporção e que a seleção é feita de maneira trancada, ou seja, seleciona-se as 25% famílias mais produtivas. Além disto a taxa de formação de sementes nestas plantas é de cerca de 12% comparada com os quase 100% das plantas férteis, que são melhoria.

d) **Ano 2 (entressafra) - Recombinação das Famílias Selecionadas.** A recombinação é feita utilizando-se 2100 plantas oriundas em sementes remanescentes  $S_{0:1}$  misturadas, semeadas em lote isolado. Para se ter um bom nível de recombinação, as plantas são transplantadas em três épocas (800 plantas/época) espaçadas uma da outra de sete dias. Na floração as plantas macho-estéreis são identificadas e na maturação as sementes destas plantas são colhidas individualmente. Quantidades iguais de sementes de cada planta macho-estéril são misturadas para formar a população de ciclo 1.

A frequência de plantas macho-estéreis nas famílias é de grande importância para que tenhamos uma boa recombinação. Assim, ao se recombinar famílias  $S_{0:1}$ , temos uma proporção de três plants macho-férteis para uma macho-estéril, o que nos fornece no campo uma boa frequência de plantas estéreis. A recombinação de famílias em gerações de autofecundação mais avançada por

exemplo  $S_{0:2}$ , acarretará em uma redução da frequência de plantas estéreis, o que poderá prejudicar a recombinação.

e) **Ano 3 (safra) - Início de Novo ciclo de Seleção.** A população de ciclo 1 é plantada para seleção de plantas macho-férteis. Inicia-se o próximo ciclo de seleção que é conduzido da mesma maneira dos itens a), b), c) e d) descritos acima.

Com este esquema cada ciclo é completado em dois anos.

### 2.3 - EXTRAÇÃO DE LINHAGENS.

Simultaneamente com o melhoramento da população, inicia-se o processo extração de linhagens. Baseando-se nos ensaios de avaliação de famílias  $S_{0:2}$  que constitui em um teste precoce em gerações segregantes, seleciona-se as famílias que possuem maiores chances de fornecer linhagens superiores, principalmente para rendimento de grãos. As famílias são conduzidas até  $S_{0:7}$  pelo método genealógico. O esquema para extração de linhagens em população segregando para um gene de macho-esterilidade é mostrado na Figura 3. Os passos são os seguintes:

a) **Ano 1 (safra) - Seleção de Plantas Macho - Férteis.** As famílias  $S_{0:2}$  colhidas em bulk no ensaio de avaliação, são plantadas em lote não isolado para seleção de plantas macho-férteis.

b) **Ano 1 (entressafra) - Eliminação do Gene de Macho-Esterilidade e Avanço de Geração.** As sementes das plantas macho-férteis cuja constituição genética para o gene de macho-esterilidade é MsMs e Msms, são plantadas na entressafra mantendo a estrutura de família, ou seja cada planta constitui uma família  $S_{0:4}$ . As famílias segregando para o gene de macho-esterilidade são eliminadas. As famílias que não possuem este gene, são colhidas individualmente em bulk.

c) **Ano 2 (safra) - Seleção.** As famílias  $S_{0:5}$  são submetidas a uma seleção entre e dentro de famílias.

d) **Ano 2 (entressafra) - Avanço de Geração.** As famílias  $S_{0:6}$  são avançadas para  $S_{0:7}$  e simultaneamente multiplica-se sementes para os ensaios de avaliação.

e) **Ano 3 (safra) - Avaliação das Linhagens.** À avaliação das linhagens para rendimento e outras características agrônomicas é feita através das Comissões Técnicas Regionais dentro da Rede Nacional de Avaliação de Arroz Irrigado (RENAI).

## 3 - RESULTADOS DE PESQUISAS

3.1 - Moraes (1992), avaliou 59 famílias  $MIS_{10B}$  e 60 famílias  $IS_{20B}$  (resultantes, respectivamente, da colheita, em "bulk", de famílias de meio-irmãos e de famílias de irmãos  $S_1$  típicas), extraídas da população CNA-IRAT4/0/3, juntamente com os progenitores, em dois experimentos distintos, conduzidos com irrigação por submersão. O objetivo foi avaliar o potencial genético, para fins de melhoramento, da população CNA-IRAT4/0/3 por meio da: a) avaliação da divergência genética das variedades genitoras; b) estimação dos parâmetros genéticos da população; e c) obtenção de estimativas de respostas esperadas à seleção direta e sobre índices de seleção.

Na população estudada, os componentes de variância genética não aditiva não se mostraram relevantes para altura de planta, comprimento de panícula e peso de 100 grãos. Já para produção de grãos e número de panículas por planta, a variância devida a dominância, sob a concepção de frequência gênica

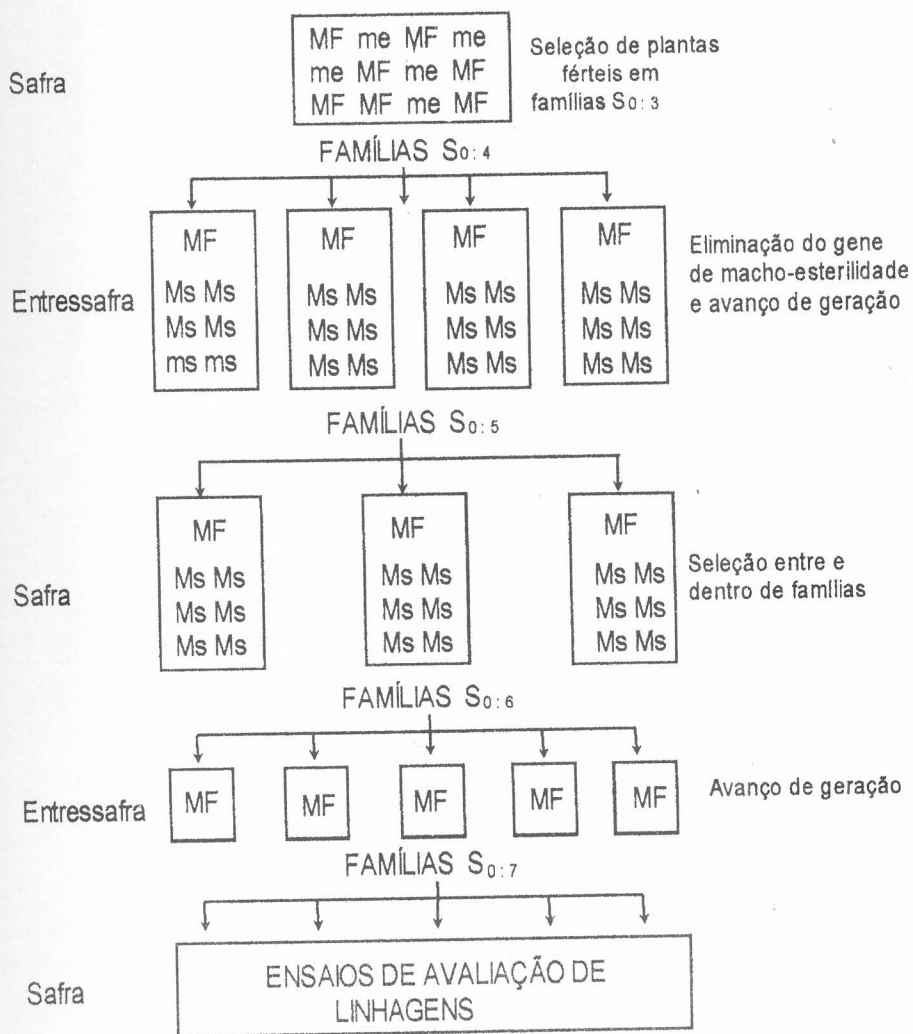


FIG. 3. Esquema para extração de linhagens em população segregando para um gene de macho-esterilidade.

intermediária, mostrou-se, juntamente com a variância aditiva, importante como componente da variância genotípica.

Empregando-se o índice clássico de seleção, foram obtidas estimativas de resposta esperada à seleção entre médias de famílias IS<sub>20B</sub> para produção de grãos semelhantes às obtidas com a seleção direta sobre esta característica, mas conseguindo-se reduzir, simultaneamente, o porte das plantas, que se encontrava positivamente correlacionado com a produção de grãos (Tabela 5).

Baseando-se nos dados obtidos, o autor concluiu que a população CNA-IRAT 4/0/3, mostrou-se promissora para o melhoramento genético, visando, principalmente, maior produtividade, alto perfilhamento e porte adequado para as condições de lavoura irrigada.

3.2 - Visando verificar a possibilidade do uso da seleção recorrente no aumento do potencial produtivo do arroz irrigado, Rangel et al. (sd) avaliaram, independentemente, em Goiânia (GO) e em Formoso do Araguaia (TO) dois grupos de materiais sendo, 164 precoces e 164 de ciclo médio, cada um em dois látices triplos 10x10 e 8x8. Destes, 160 eram famílias S<sub>0;2</sub> (famílias oriundas de plantas S<sub>0</sub> que sofreram duas autofecundações) extraídas das populações, CNA-IRAT4PR/1/1 e CNA-IRAT4ME/1/1. Estimaram-se vários parâmetros genéticos como, variâncias genéticas, coeficiente de variação genética, herdabilidade, correlações genética e ganhos esperados por seleção direta na produção e baseado no índice clássico de seleção, utilizando uma intensidade de seleção de 30%, para os caracteres de produção de grãos (PROD), floração (FLO), brusone na panícula (BP) e mancha parda na folha (MP).

Tabela 5. Médias orginaiais (MO), respostas esperadas em cada características com a seleção<sup>1/</sup> baseada no índice clássico (RS<sub>x</sub>) e respostas esperadas com a seleção direta (RS) entre médias de famílias IS<sub>20B</sub>, para as características produção de grãos (PROD), altura (ALT), comprimento da panícula (CPan), número de panículas (NPan) e peso de 100 grãos (P100).

Características	Mo	RS <sub>x</sub> (%)*	RS(%)*
PROD (g)	12,55	7,65	7,24
ALT (cm)	92,88	-0,29	1,05
CPan (cm)	22,62	0,25	0,57
NPan (nº)	5,62	2,73	2,48
P100 (g)	2,46	1,39	1,12

\*Valores expressos em percentagem da média.

<sup>1/</sup>População selecionada: 32 (53,3%) famílias IS<sup>20B</sup>

- Coeficientes genéticos: PROD = 30; ALT = -1; CPan, NPan e P100 = 0

As produções médias das famílias precoces e de ciclo médio foram de 4649 e 4514 kg/ha, respectivamente. Entretanto, no grupo precoce, seis famílias produziram acima de 6000 kg/ha, e no grupo de ciclo médio, duas famílias apresentaram um rendimento superior a 7000 kg/ha, evidenciando a possibilidade de se conseguir alterar positivamente as médias das populações através da seleção recorrente.

As elevadas estimativas dos coeficientes de variação genética (10% e 11% para as famílias precoces e de ciclo médio respectivamente) e das herdabilidades (52% para as famílias precoces e 55% para as de ciclo médio) para produção, evidenciam a presença de suficiente variabilidade genética e a possibilidade de se obter ganhos genéticos expressivos para esta característica.

A seleção baseada no índice clássico mostrou-se superior à seleção direta na produção apesar dos ganhos de seleção obtidos para rendimento serem similares, já que houve um aumento da resistência a brusone na panícula e a mancha parda nas duas populações melhoradas em relação as populações originais (Tabela 6). Os dados obtidos mostram que a seleção recorrente pode ser eficiente para aumentar a produção de grãos nas populações CNA-IRAT4PR e CNA-IRAT4ME.

Tabela 6. Médias da população original (Mo) e selecionada (Ms), estimativas dos ganhos por seleção direta na produção e indireta nas outras características, e baseada no índice clássico de seleção, expressas em percentagem das médias, referentes a quatro características avaliadas nas famílias precoces e de ciclo médio.

Características	Precoce		Clico Médio		Seleção Direta na Produção		Seleção Baseada no Índice Clássico	
	Mo	Ms	Mo	Ms	Precoce	Ciclo Médio	Precoce	Ciclo Médio
PROD(kg/ha)	4649,08	5525,91	4513,68	5346,44	9,79	11,95	9,61	10,11
FLO(dias)	97,77	97,57	104,54	107,00	-0,10	0,11	-0,03	1,34
BP(nota)	4,52	4,62	3,77	3,66	1,17	2,55	-0,25	-1,10
MP(nota)	3,83	3,87	4,08	3,69	0,18	-1,72	-0,39	-4,61

Coeficientes genéticos: População Precoce, PROD = 1, FLO = -125, BP = -750 e MP = -50; População ciclo médio, PROD = 1, FLO = -1, BP = -1000 e MP = 0.

3.3 - Objetivando avaliar o potencial da população CNA1 para fins de melhoramento Rodrigues (1995), avaliou 97 famílias S<sub>0:2</sub> (famílias oriundas de plantas S<sub>0</sub> que sofreram duas autofecundações) juntamente com as testemunhas BR-IRGA409, JAVAÉ e a CNA1/0/1, em látice triplo 10x10. Foram coletados dados referentes a produção de grãos (PROD), altura (ALT), brusone na folha (BF), floração (FLO), número de espiguetas/panícula (NE/P), percentagem de grãos cheios (%GC) e peso de 100 sementes (P100).

Das 97 famílias avaliadas, sete tiveram maior produção de grãos em comparação à testemunha Javaé e onze superaram a BR-IRGA409, destacando-se uma família com um rendimento de 7540 kg/ha, superando às testemunhas mencionadas em 16% e 38%, respectivamente.

Os maiores ganhos por seleção direta foram obtidos para as características produção de grãos (24%) e altura de planta (-18%).

Os ganhos esperados por seleção direta ou pelo índice clássico para produção de grãos foram de mesma magnitude. Entretanto, na seleção baseada no índice obteve-se resposta favorável para brusone na folha evidenciando a possibilidade de se aumentar simultaneamente a produtividade e a resistência a esta doença, na população melhorada (Tabela 7).

Pelos dados obtidos, o autor concluiu que a população CNA1, mostrou-se promissora para o melhoramento genético, visando, principalmente, maior produtividade.

Tabela 7. Estimativas da média original (Mo) média dos indivíduos selecionados (MIS), resposta esperada em cada característica com a seleção baseada no índice (RS<sub>x</sub>), e resposta esperada com a seleção direta (RS), empregando-se uma intensidade de seleção correspondente a 25%, na população de arroz CNA 1.

Carater		MIS	RS <sub>x</sub> (%)	RS(%)
PROD(kg/ha)	4755,95	6086,13	23,84	23,98
BF(1-9)	1,76	1,75	-0,36	0,45
FLO(dias)	92,99	91,44	-1,04	-1,15
ALT(cm)	123,76	116,88	-5,32	-5,01
NE/P(n <sup>2</sup> )	117,20	119,59	1,00	0,77
%GC	67,16	72,39	4,03	3,03
P100(g)	2,50	2,59	1,13	0,89

Coefficientes genético: PROD = 100, BF = -500, FLO = 0, ALT = 0, NE/P = 0, %GC = 0 e P100 = 0.

#### 4 - REFERÊNCIAS

- CARMONA, P.S. Melhoramento do arroz irrigado na região sul do Brasil. Lav. Arrozreira. 42(387):14-16. 1989.
- FEHR, W.R. Principles of cultivar development. New York, MacMillan Publishing, 1987. 536p.
- FUJIMAKI, H. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. JARQ, 13(3):153-156. 1979.
- HANSON, W.D. Theoretical distribution of the initial linkage block lengths intact in the gametes of a population intermated for generations. Genetics, 44:839-846. 1959.
- IKEHASHI, H. & FUKIMAKI, H. Modified bulk population method for rice breeding. In: INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE (ed). Inovative approaches to rice breeding. Selected papers from the 1979 International Rice Research Conference. Los Baños, Philippines, IRRI, 1980. p.163-182.
- ISHIY, T. O impacto das cultivares modernas de arroz irrigado em Santa Catarina. Lav. Arrozreira. 38(359):10-14. 1985.
- MORAIS, O.P. Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos usando macho-esterilidade. Viçosa, UFV. 1992. 251p. (Tese de Doutorado).
- PEREIRA, M.B. Progresso imediato e fixação de genes em um método de seleção. Piracicaba, USP/ESALQ, 1980. 125p. (Tese de Mestrado).

- RANGEL, P.H.N. La seleccion recurrente mejora el arroz brasileño. Arroz en las Américas, 13(1):4-5. 1992.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P. de C.F. El CNPAF investiga: decrece en Brasil el rendimiento del arroz de riego ?. Arroz en las Américas, 13(1):2-4. 1992a.
- RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F.; MORAIS, O.P. La seleccion recurrente recombina genes en el arroz de riego. Arroz en las Américas, 13(2):2-4. 1992b.
- RANGEL, P.H.N. Seleção recorrente e híbridos, alternativas para aumentar o potencial produtivo das variedades de arroz. s.n.t. Trabalho Apresentado na IX Conferência Internacional de Arroz para a América Latina e Caribe e V Reunião Nacional de Pesquisa de Arroz (RENAPA), Goiás, Brasil, 21-25 de março de 1994.
- RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. Revista Brasileira de Genética (no prelo).
- RANGEL, P.H.N. ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. Aumento do potencial produtivo do arroz irrigado através de seleção recorrente. Pesquisa Agropecuária Brasileira (no prelo).
- RODRIGUES, R.E.S. Estimação de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA1. Goiânia, UFG Escola de Agronomia, 1995. 60p. (Tese de Mestrado).
- SOARES, A.A. Desempenho do melhoramento genético do arroz de sequeiro e irrigado na década de oitenta em Minas Gerais. (ESAL, Lavras, Brasil. 1992. 188p. (Tese de Doutorado).



I TALLER INTERNACIONAL  
SOBRE SELEÇÃO RECORRENTE  
EM ARROZ

13 a 17 de março de 1995  
Goiânia, GO - Brasil

---

EMBRAPA-CNPAF  
CIAT/CIRAD-CA/INGER