



# **SELEÇÃO RECORRENTE EM ARROZ IRRIGADO NO BRASIL**

**GUIA PRÁTICO**

 **EMBRAPA**

Ministério da Agricultura, do Abastecimento e da Reforma Agrária



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA  
Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão - CNPAF  
Goiânia, GO

**SELEÇÃO RECORRENTE EM ARROZ IRRIGADO  
NO BRASIL  
GUIA PRÁTICO**

*Paulo Hideo N. Rangel  
Péricles C.F. Neves*

Goiânia, GO  
1995

**EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 53.**

**EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão**

**Caixa Postal 179**

**Fone: (062) 212-1999**

**Telex: 622241**

**Fax: (062) 212-2960**

**Endereço eletrônico (E-mail): [ainfo@cnpaf.embrapa.br](mailto:ainfo@cnpaf.embrapa.br)  
74001-970 Goiânia, GO**

**Comitê de Publicações**

**Pedro A. Arraes Pereira (Presidente)**

**Editoração**

**Antônio Carlos Naves (Consultoria PROMOAGRO)**

**Desenhos**

**Sebastião J. de Araújo**

**Catálogo na fonte**

**Ana Lúcia D. Faria**

**Tiragem: 300 exemplares.**

**RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F. Seleção recorrente em arroz irrigado no Brasil: guia prático. Goiânia, EMBRAPA-CNPAF, 1995. 24p. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 53).**

**ISSN 0101-9716**

**1. Arroz Irrigado - Seleção Recorrente. 2. Arroz Irrigado - Melhoramento. I. NEVES, P.C.F., colab. II. EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (Goiânia, GO). III. Título. IV. Série.**

**CDD 633.183**

**EMBRAPA © 1995**

## SUMÁRIO

1. Introdução .....	5
2. O gene de macho-esterilidade genética .....	6
3. Sintetização de uma população com gene ms de esterilidade masculina .....	7
4. Melhoramento da população .....	8
5. Manutenção do gene ms de esterilidade masculina na população .....	12
6. Introdução de nova variabilidade em uma população com gene ms de esterilidade masculina .....	14
7. Extração de linhagens da população .....	16
8. Populações disponíveis no CNPAF .....	18
9. Sistema de nomenclatura no CNPAF .....	19
9.1. Nomenclatura de populações .....	19
9.2. Nomenclatura de linhagens .....	23
10. Referências bibliográficas .....	23

# SELEÇÃO RECORRENTE EM ARROZ IRRIGADO NO BRASIL: GUIA PRÁTICO

Paulo Hideo N. Rangel<sup>1</sup>  
Péricles C.F. Neves<sup>2</sup>

## 1. INTRODUÇÃO

A PRODUTIVIDADE do arroz durante os últimos 25 anos aumentou substancialmente após o desenvolvimento pelo International Rice Research Institute (IRRI), na década de 60, das variedades modernas de arroz. A IR 8, primeira variedade semi-anã para os trópicos, foi a responsável pela “revolução verde do arroz”, por causa dos seus altos rendimentos e rápida adoção pelos agricultores. De porte baixo, colmo forte, folhas eretas e alto perfilhamento, foi utilizada como progenitor na obtenção de milhares de cultivares de elevada produtividade.

Após a criação destas variedades modernas de porte baixo (Jennings et al., 1979), os ganhos genéticos em produtividade em cada novo ciclo de seleção foram se tornando mais difíceis de ser obtidos. No Brasil, na década de 80, os ganhos genéticos em rendimento no arroz irrigado, quando obtidos, foram de pequena magnitude, apesar dos inúmeros cruzamentos submetidos à seleção (Rangel et al., 1992a; Soares, 1992). De acordo com Vergara et al. (1990), a produtividade do arroz irrigado nas duas últimas décadas tem aparentemente alcançado um platô, e esforços para aumentar o potencial produtivo das variedades não têm resultado em ganhos aparentes.

Os dois principais fatores, do ponto de vista genético, que podem estar limitando o potencial produtivo das variedades de arroz irrigado no Brasil são o estreitamento excessivo da base genética das populações e a utilização dos métodos convencionais de melhoramento (Rangel et al., s.d.; Rangel et al., 1992b).

Uma das opções para ampliar a base genética e aumentar as chances de recombinação nos programas de melhoramento genético seria através da sintetização de populações de ampla base genética e condução destas através de seleção recorrente.

---

<sup>1</sup> Pesquisador, Dr., EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP), Caixa Postal 179, 74001-970 Goiânia, GO.

<sup>2</sup> Pesquisador, M.Sc., EMBRAPA-CNPAP.

O objetivo da seleção recorrente é aumentar ao máximo possível a frequência dos genes favoráveis na população por meio da aplicação cíclica de inter cruzamentos e seleção. As principais características da seleção recorrente, segundo Doggett (1972), são: a) ocorre continuamente o rearranjo dos grupos de ligação; b) não é necessário o uso de grandes populações segregantes, porque as chances de recombinação dos caracteres aumentam por causa dos inter cruzamentos que ocorrem após cada ciclo de seleção; e c) pode-se utilizar um grande número de progenitores na formação da população-base, tendo-se, portanto, melhor amostragem da variabilidade genética disponível na cultura.

No arroz irrigado, a seleção recorrente está sendo utilizada no melhoramento de populações, visando à extração de linhagens com potencial produtivo superior ao das cultivares atuais associado a outras características agrônômicas favoráveis.

## **2. O GENE DA MACHO-ESTERILIDADE GENÉTICA**

O uso da seleção recorrente no melhoramento do arroz só se tornou viável após a descoberta da macho-esterilidade genética, condicionada por um gene recessivo (*ms*).

Introduzindo este gene na população pode-se fazer a recombinação no campo de maneira simples e econômica. Colhendo-se somente as sementes produzidas pelas plantas macho-estéreis assegura-se a obtenção de sementes oriundas de cruzamentos com as plantas férteis da população e a conservação do gene *ms* na mesma (Taillebois & Guimarães, 1987).

A fonte de macho-esterilidade genética utilizada no programa de seleção recorrente é um mutante da cultivar IR-36, obtido através de mutagênico químico. Este mutante carrega um gene recessivo (*ms*) que em homozigose (*msms*) induz à esterilidade dos grãos de pólen (Singh & Ikehashi, 1981).

As plantas macho-estéreis (*msms*) são facilmente identificadas no campo. Elas têm meiose normal e só produzem sementes quando fecundadas por pólen (*Ms* ou *ms*) de plantas férteis (*MsMs* ou *Msms*), fazendo com que a população se comporte como uma população panmítica. As flores das plantas estéreis abrem-se

normalmente na antese, e as anteras são opacas esbranquiçadas e os estigmas ficam totalmente expostos. As panículas ficam parcialmente envolvidas pela folha-bandeira e continuam a emitir perfilhos que permanecem verdes mesmo após os primeiros perfilhos terem chegado à maturação.

A taxa de produção de sementes por polinização cruzada das plantas estéreis dentro de uma população situa-se em torno de 15%. Esta taxa tem sido satisfatória para permitir a recombinação da populações em condições naturais no campo.

### **3. SINTETIZAÇÃO DE UMA POPULAÇÃO COM GENE *ms* DE ESTERILIDADE MASCULINA**

A sintetização de uma nova população inicia-se com a escolha dos progenitores que irão compor o conjunto gênico desta população. Ao mesmo tempo, deve-se escolher a fonte portadora do gene *ms* de esterilidade masculina, que pode ser a linhagem IR 36 (*msms*) ou plantas macho-estéreis de uma população já criada.

Seja, por exemplo, a sintetização da população CNA 5, cujos componentes são os seguintes:

#### Progenitores

- Três cultivares comerciais, sendo uma de ciclo curto (BR-IRGA 409) e duas de ciclo médio (METICA 1 E CICA 8). Esta variedades são amplamente cultivadas no Brasil.
- Quatro variedades tradicionais (De Abril, Paga Divida, Quebra Cacho e Brejeiro).
- Duas variedades com resistência múltipla à brusone e à mancha-do-grãos (Basmati 370 e IRI 342).

#### Fonte do gene *ms*

Optou-se por utilizar diferentes plantas macho-estéreis (*msms*) da população CNA 1.

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 das variedades no conjunto gênico da nova população. Desse modo, quanto maior for a participação requerida, maior o número de retrocruzamentos a ser realizado. Ao mesmo tempo, permite que todos os citoplasmas das novas variedades estejam presentes na população.

No caso da população CNA 5, em vez de fazer um retrocruzamento, optou-se por cruzar o  $F_1$  com a variedade de número subsequente para adiantar 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 devem ser misturadas para compor a nova população. O plantio destas sementes no campo permitirá a polinização cruzada das plantas macho-estéreis (*msms*) pelas férteis (*Msms* ou *MsMs*), o que caracterizará o primeiro ciclo de recombinação. Após três recombinações, considera-se, então, sintetizada a nova população, cuja constituição final deverá ser estabelecida em função da participação percentual de cada variedade utilizada. Em arroz, segundo Fujimaki (1979), são necessários pelo menos dois ou três ciclos de recombinação na população-base antes de iniciar o processo de seleção.

#### 4. MELHORAMENTO DA POPULAÇÃO

No melhoramento das populações tem-se empregado o Método de Seleção Recorrente em Famílias  $S_{0:2}$  (famílias oriundas de plantas  $S_0$  que sofreram duas autofecundações), cujo esquema é mostrado na Figura 2. Os passos são os seguintes:

- a) Ano 1 (safra) - as populações originais ( $S_0$ ) segregando 50% de plantas macho-férteis (*Msms*) e 50% de plantas macho-estéreis (*msms*) são plantadas para seleção de plantas  $S_{0:1}$  macho-férteis.



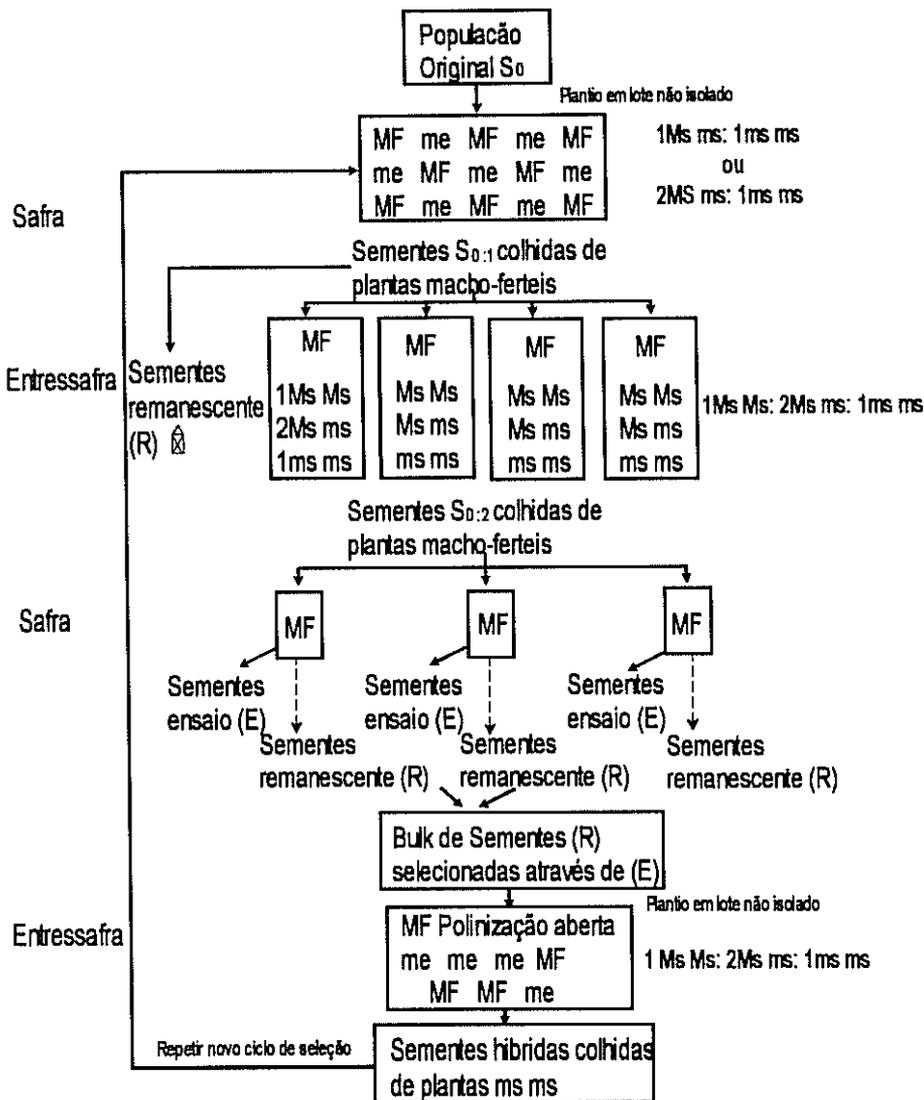


FIG. 2. Esquema de seleção recorrente em famílias  $S_{0,2}$  de arroz irrigado.

- b) Ano 1 (entressafra) - parte das sementes  $S_{0:1}$  é armazenada e parte é plantada na entressafra, com o objetivo de aumentar a quantidade de sementes para os ensaios de avaliação de rendimento. 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) - as famílias  $S_{0:2}$  são avaliadas em ensaios conduzidos pelas diversas instituições de pesquisa. Os ensaios têm como delineamento experimental os Blocos Aumentados de Federer e a parcela é constituída de três sulcos de 5,0 m de comprimento. São avaliadas, por ciclo, 200 famílias de cada população. A seleção das famílias superiores é feita baseando-se na produtividade média<sup>3</sup>, resistência às doenças e tipo de grão. A intensidade de seleção utilizada é de 25%, o que garante um tamanho efetivo  $N_e = 50$ . As famílias  $S_{0:2}$  selecionadas em cada local podem ser utilizadas para extração de linhagens para aquele local específico. Das famílias superiores nos vários locais dentro de cada região, são misturadas as sementes remanescentes  $S_{0:1}$  em quantidades iguais para recombinação.
- d) Ano 2 (entressafra) - a recombinação da população é feita utilizando-se 2.100 plantas oriundas de sementes remanescentes misturadas, plantadas em lote isolado. Para ter um bom nível de recombinação, as plântulas são transplantadas em três épocas (800 plantas/época) espaçadas uma da outra em 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. Quando se faz apenas uma recombinação, a população de ciclo 1 segregará na proporção de duas plantas macho-férteis ( $M_{sms}$ ) para uma macho-estéril (msms), e quando são feitas duas recombinações a proporção é de uma  $M_{sms}$  para uma msms.
- e) Ano 3 (safra) - 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 anteriormente.

Com este esquema, cada ciclo é completado em dois anos.

---

<sup>3</sup> A produtividade média das famílias pode estar subestimada, em decorrência de elas estarem segregando para o gene de macho-esterilidade.

## 5. MANUTENÇÃO DO GENE *ms* DE ESTERILIDADE MASCULINA NA POPULAÇÃO

Para manter o alelo *ms* na população durante a aplicação de um esquema de seleção recorrente, é preciso estar atento à sua frequência em cada fase de recombinação.

Desenvolver um esquema de seleção recorrente, como o próprio nome sugere, implica utilizar a recombinação após cada fase de seleção. Para que a recombinação se processe no campo, motivo pelo qual é utilizado o gene *ms* de esterilidade masculina, é preciso ter uma quantidade suficiente de plantas de genótipo *msms*, por três razões básicas:

- a) assegurar a polinização cruzada. Nesta fase estas plantas é que serão colhidas;
- b) garantir uma quantidade razoável de sementes para a próxima fase de seleção;
- c) garantir um tamanho efetivo que impeça a perda de alelos favoráveis.

Durante a fase de seleção, recorre-se à autofecundação das famílias em teste para ampliar a quantidade de sementes de maneira a suprir os ensaios de avaliação de rendimento, que são conduzidos em vários locais. Como consequência, a frequência do alelo *ms* diminui drasticamente. Assim, para a fase de recombinação, recomenda-se utilizar sementes de plantas das gerações iniciais de autofecundação, ou seja, utilizar sementes remanescentes da geração  $S_{0:1}$ , quando se avaliam famílias  $S_{0:2}$ .

A outra opção, que é utilizar sementes remanescentes  $S_{0:2}$ , exige que sejam eliminadas as plantas  $S_{0:1}$  macho-estéreis no campo (Figura 3). Estas plantas são fonte de contaminação das progênes por pólen de progênes vizinhas. Este trabalho às vezes é impraticável.



## **6. INTRODUÇÃO DE NOVA VARIABILIDADE EM UMA POPULAÇÃO COM GENE *ms* DE ESTERILIDADE MASCULINA**

Eventualmente, torna-se necessário introduzir nova variabilidade em uma população portadora do gene *ms*, seja para ampliar a base genética geral, seja para adicionar genes específicos, como, por exemplo, genes para qualidade de grãos, resistência a doenças, etc. Isto pode ser feito de duas maneiras:

1º caso - A nova variabilidade participará com menos de 50% do novo conjunto gênico

Neste caso, pode-se utilizar a mistura de sementes da população original com as sementes das novas linhagens em proporção previamente determinada, deixando que a polinização ocorra no campo. Colhe-se igual quantidade de sementes de todas as plantas macho-estéreis (*msms*).

Deve-se atentar para o fato de que a metade da cada genoma presente na próxima geração será advindo das plantas *msms* que foram polinizadas e que contribuirão com 50% do conjunto gênico da nova população. Os outros 50% estarão distribuídos entre as plantas férteis da população original e das novas linhagens. Neste caso, a porcentagem dependerá da proporção das plantas férteis da população original e também da proporção de plantas das novas linhagens na mistura. Como os cruzamentos no campo ocorrerão ao acaso, a nova composição da população será estabelecida em função da proporção teórica esperada após a polinização, como é apresentado no exemplo a seguir.

Seja, por exemplo, a introdução de três linhagens em uma população que segrega para o gene *ms* na proporção de  $\frac{1}{2}$  *Msms* :  $\frac{1}{2}$  *msms*. Nesta população, 50% das plantas serão macho-estéreis, receptoras de pólen, e 50% serão plantas férteis, polinizadoras.

Havendo no campo 1.200 plantas da população e 600 das três novas linhagens (200 plantas de cada uma), é razoável supor que no campo estarão aproximadamente:

- 600 plantas macho-estéreis da população original (*msms*) - receptoras;
- 600 plantas férteis da população original (*Msms*) - polinizadoras;
- 600 plantas dos novos genótipos (200 da cada) (*MsMs*) - polinizadoras.

Após a polinização, os novos genótipos conterão:

- 50% dos genes da população original advindos das plantas macho-estéreis;
- 25% dos genes da população original advindos das plantas férteis da população;
- 25% dos genes das novas cultivares, sendo 8,333% de cada uma.

Então, a participação teórica de cada componente na nova população será:

População original	75%
Linhagem 1	8,333%
Linhagem 2	8,333%
Linhagem 3	8,333%
Total	100%

2º caso - A nova variabilidade participará com 50% ou mais no novo conjunto gênico

Temos duas possibilidades:

- a) A nova variabilidade participará com 50% do novo conjunto gênico. Neste caso, utilizam-se plantas msms da população original em cruzamentos manuais com as novas linhagens, resultando em progênies com 50% de seu conteúdo gênico proveniente da população original e 50% das novas linhagens. Estas progênies serão constituídas inteiramente de genótipos férteis heterozigóticos (Msms); portanto, portadores do alelo ms que permitirá a recombinação subsequente.
- b) A nova variabilidade participará com mais de 50% do novo conjunto gênico. Para aumentar além de 50% a participação das novas linhagens, é preciso realizar retrocruzamentos na direção dos novos genótipos, a partir da situação anterior. Um retrocruzamento aumentará para 75% esta participação, dois retrocruzamentos aumentarão para 87,5%, e assim sucessivamente. Esta porcentagem será distribuída igualmente para todas as novas linhagens, desde que todas participem do processo de forma idêntica. Um bom exemplo é a sintetização da população CNA 5, em cujo conjunto gênico participam dez

genótipos, que contribuem com 75%, e a população original CNA 1, que contribui com 25% (Figura 1). Observar que a utilização das novas linhagens como progenitores femininos no retrocruzamento resultará na presença dos citoplasmas destas linhagens na população.

## 7. EXTRAÇÃO DE LINHAGENS DA POPULAÇÃO

Simultaneamente com o melhoramento da população, inicia-se o processo de extração de linhagens. Baseando-se nos ensaios de avaliação de famílias  $S_{0:2}$ , que constituem um teste precoce em gerações segregantes, selecionam-se as famílias que possuem maiores chances de fornecer linhagens superiores, principalmente quanto ao rendimento. As famílias são conduzidas até  $S_{0:7}$  pelo método genealógico. O esquema para extração de linhagens em populações segregando para um gene de macho-esterilidade é mostrado na Figura 4. Os passos são os seguintes:

- a) Ano 1 (safra) - as famílias  $S_{0:3}$  oriundas das melhores 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) - as sementes das plantas macho-férteis, cuja constituição genética em relação ao gene de macho-esterilidade é Msms ou MsMs, são plantadas na entressafra, mantendo-se a estrutura de família, ou seja, cada planta  $S_{0:3}$  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) - as famílias  $S_{0:5}$  são submetidas a uma seleção entre e dentro da família.
- d) Ano 2 (entressafra) - as famílias  $S_{0:6}$  são avançadas para  $S_{0:7}$  e simultaneamente multiplicadas as sementes para os ensaios de avaliação.
- e) Ano 3 (safra) - a avaliação das linhagens quanto a rendimento e outras características agrônômicas é feita através das Comissões Técnicas Regionais, dentro da Rede Nacional de Avaliação de Arroz Irrigado (RENAI).

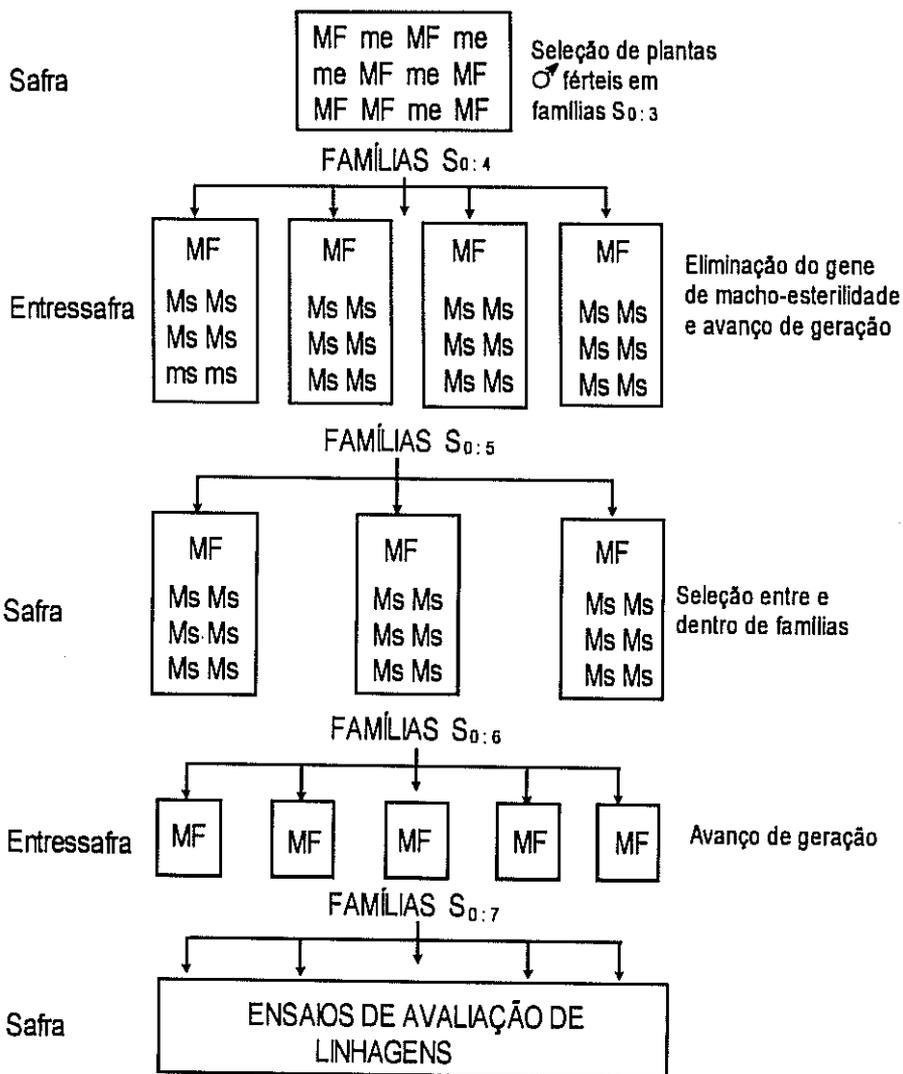


FIG. 4. Esquema para extração de linhagens em população segregando para um gene de macho-esterilidade.

## 8. POPULAÇÕES DISPONÍVEIS NO CNPAF

Estão disponíveis no CNPAF quatro populações. São elas:

- a) CNA-IRAT 4 - sintetizadas pela EMBRAPA-CNPAF com o Institut de Recherches Agronomiques Tropicales (IRAT), através do intercruzamento de dez variedades/linhagens do grupo indica (Tabela 1). Para tanto, nove variedades foram utilizadas como parentais masculinos em cruzamentos com a IR 36 (msms), que é a fonte de macho-esterilidade genética. Indivíduos F<sub>1</sub> foram retrocruzados, como parental masculino, com as variedades, de modo a ter todos os nove citoplasmas representados na população. As sementes F<sub>2</sub> das plantas heterozigóticas foram misturadas, formando-se a população CNA-IRAT 4/0/0. Esta população sofreu três recombinações que originaram a população CNA-IRAT 4/0/3. Posteriormente, a população sofreu uma seleção massal, da qual obtiveram-se 100 famílias S<sub>0:1</sub>, das quais foram escolhidas 15 e selecionadas dez plantas/família. As plantas selecionadas foram intercruzadas, originando a população CNA-IRAT 4/1/1. Desta população foram extraídas as populações precoce (CNA-IRAT 4PR) e de ciclo médio (CNA-IRAT 4ME).

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 japônica) CNA-IRAT 5/0/2 com 14 variedades de arroz irrigado (grupo indica). As sementes F<sub>2</sub> foram misturadas para formar a população CNA-IRAT P/0/0, que sofreu duas recombinações, originando a CNA-IRAT P/0/2. A Tabela 2 mostra os progenitores e a participação relativa das variedades/linhagens componentes da CNA-IRAT P.
- c) CNA 1 - esta população foi sintetizada pela EMBRAPA-CNPAP, a partir de 70 plantas macho-férteis precoces colhidas na população CNA-IRAT 4/0/5. Sementes em quantidades iguais de cada planta foram misturadas, constituindo a população, na qual foi feita a introgessão 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 CNA 1, cuja constituição é mostrada na Tabela 3.
- d) CNA 5 - esta população foi sintetizada pela EMBRAPA-CNPAP utilizando como componentes a população CNA 1 que foi a fonte de macho-esterilidade genética, as variedades comerciais Metica 1, BR-IRGA 409 e Cica 8, as fontes de resistência múltipla à brusone e à 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 de técnicas multivariadas, entre 72 cultivares tradicionais de arroz de várzea úmida analisadas (Rangel et al., 1991). A constituição final da população CNA 5 após a sintetização é mostrada na Tabela 4.

## **9. SISTEMA DE NOMENCLATURA NO CNPAF**

### **9.1. NOMENCLATURA DE POPULAÇÕES**

As populações panmíticas de arroz, sintetizadas no CNPAF, têm a seguinte nomenclatura: sigla CNA (Centro Nacional de Arroz) seguida de numeração seqüencial, que identifica a população. Para identificação do número de ciclos de seleção e recombinação são utilizados números separados por barras. Por exemplo: CNA1/1/1 corresponde à população CNA1 sintetizada no CNPAF, na qual foi feito um ciclo de seleção e uma recombinação.

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//TOX 490-1	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
Cuiabana*	IAC 47/SR 2041-50-1	8,10

(Continua...)

Tabela 2. Continuação.

Variedades/linhagens	Progenitores	Participação relativa (%)
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//SML 66410	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/IR 19743-25-2-2-3-1	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.

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 lku 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.

Quando de uma determinada população forem extraídas subpopulações, após o número de identificação será acrescida uma sigla, que deverá representar, de maneira sucinta, o objetivo específico para a qual se destina a subpopulação. Por exemplo: CNA 1PR identifica a subpopulação constituída de plantas precoces oriundas da população CNA 1.

## 9.2. NOMENCLATURA DE LINHAGENS

No processo de extração de linhagens, será utilizada para identificar a linhagem a sigla da população, seguida da nomenclatura do método de seleção utilizado. Como, de maneira geral, o método usado é o genealógico, a identificação da linhagem ficaria, por exemplo, da seguinte maneira:

CNA 1PR/1/1-1-3-B significa que a linhagem foi extraída da população CNA 1PR, com um ciclo de seleção e uma recombinação, de onde selecionou-se a planta nº 1 na geração  $S_1$ , e a planta nº 3 na geração  $S_2$ , que foi avançada em "bulk".

## 10. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- DOGGETT, H. Recurrent selection in sorghum populations. *Heredity*, v.23, p.9-29, 1972.
- FUJIMAKI, H. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. *JARQ*, v.13, n.3, p.153-156, 1979.
- JENNINGS, P.R.; COFFMAN, W.R.; KAUFFMAN, H.E. *Rice improvement*. Los Baños, Philippines: IRRI, 1979. 186p.
- RANGEL, P.H.N. La selección recurrente mejora el arroz brasileño. *Arroz en las Américas*, v. 13, n.1, p.4-5, 1992.
- RANGEL, P.H.N.; CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; FERREIRA, R. de P. Selection of local lowland rice cultivars based on multivariate genetic divergence. *Brazilian Journal of Genetics*, v.14, n.2, p.437-453, 1991.

- 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.; NEVES, P.C.F.; MORAIS, O.P. La selección recurrente recombina genes en el arroz de riego. **Arroz en las Américas**, v.13, n.2., p.2-4, 1992b.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMAN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. El CNPAF investiga: decrece en Brasil el rendimiento del arroz de riego? **Arroz en las Américas**, v.13, n.1, p.2-4, 1992a.
- SING, R.J.; IKEHASHI, H. Monogenic male-sterility in rice: induction, identification and inheritance. **Crop Science**, 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: ESAL, 1992. 188p. (Tese de Doutorado).
- TALLEBOIS, J.E.; GUIMARÃES, E.P. Seleção recorrente em arroz usando macho-esterilidade. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 3. Goiânia, 1987. **Resumos**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1987. p.83.
- VERGARA, B.S.; VENKATESWARLU, B.; JANORIA, M.; AHN, J.K.; KIM, J.K.; VISPERAS, R.M. **Rationale for a low-tillering rice plant type with high density grains**. Paper presented at the International Rice Research Conference. Seoul, 1990. 17p.