

## **Métodos de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado**

**República Federativa do Brasil**

*Luiz Inácio Lula da Silva*  
Presidente

**Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**

*Reinhold Stephanes*  
Ministro

**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária**

**Conselho de Administração**

*Luis Carlos Guedes Pinto*  
Presidente

*Silvio Crestana*  
Vice-Presidente

*Alexandre Kalil Pires*  
*Ernesto Paterniani*  
*Hélio Tollini*  
*Marcelo Barbosa Saintive*  
Membros

**Diretoria-Executiva**

*Silvio Crestana*  
Diretor-Presidente

*Tatiana Deane de Abreu Sá*  
*José Geraldo Eugênio de França*  
*Kepler Euclides Filho*  
Diretores-Executivos

**Embrapa Roraima**

*Francisco Joaci de Freitas Luz*

Chefe Geral

*Marcelo Francia Arco-Verde*

Chefe Adjunto de Pesquisa e Desenvolvimento

*Miguel Amador de Moura Neto*

Chefe Adjunto de Administração



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Centro de Pesquisa Agroflorestal de Roraima  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

*ISSN 1981 - 6103  
Dezembro, 2008*

## **Documentos 06**

# **Métodos de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado**

Antonio Carlos Centeno Cordeiro

Boa Vista, RR  
2008

Exemplares desta publicação podem ser obtidos na:

**Embrapa Roraima**

Rod. BR-174 Km 08 - Distrito Industrial Boa Vista-RR

Caixa Postal 133.

69301-970 - Boa Vista - RR

*Telefax: (095) 4009 7144*

e-mail: [sac@cpafrr.embrapa.br](mailto:sac@cpafrr.embrapa.br)

[www.cpafr.embrapa.br](http://www.cpafr.embrapa.br)

**Comitê de Publicações da Unidade**

Presidente: Marcelo Francia Arco-Verde

Secretário-Executivo: Newton de Lucena Costa

Membros: Aloísio de Alcântara Vilarinho

Jane Maria Franco de Oliveira

Paulo Sérgio Ribeiro de Mattos

Ramayana Menezes Braga

Ranyse Barbosa Querino da Silva

Normalização Bibliográfica: Jeana Garcia Beltrão Macieira

Editoração Eletrônica: Vera Lúcia Alvarenga Rosendo

**1ª edição**

1ª impressão (2008): 300

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação – CIP  
Embrapa Roraima

Cordeiro, Antonio Carlos Centeno.

Métodos de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado / Antonio Carlos Centeno Cordeiro. - Boa Vista: Embrapa Roraima, 2008.

65 p. ( Embrapa Roraima. Documentos, 06).

1. Arroz Irrigado . 2. Melhoramento genético. I.  
Título. II. Embrapa Roraima.

CDD: 633.18

## **Autor**

**Antonio Carlos Centeno Cordeiro**

Eng.Agr. Dr., Pesquisador Embrapa Roraima. BR-174, km 08, caixa postal. 133., Boa Vista -RR / e-mail: [acarlos@cpafrr.embrapa.br](mailto:acarlos@cpafrr.embrapa.br)

## SUMÁRIO

INTRODUÇÃO.....	05
BIOLOGIA FLORAL E REPRODUÇÃO DO ARROZ.....	05
HIBRIDAÇÃO DE ARROZ.....	18
BASE GENÉTICA DO ARROZ IRRIGADO.....	11
MÉTODOS E MELHORAMENTO.....	14
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS.....	39
INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES.....	45
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	46

# Métodos de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado

---

Antonio Carlos Centeno Cordeiro

## 1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de arroz irrigado no Brasil possuem algumas prioridades básicas e dentre elas pode-se destacar o desenvolvimento de cultivares que apresentem as seguintes características: tolerância à toxidez de ferro, resistência ao acamamento; resistência à doenças, em especial brusone; alto perfilhamento; ótima qualidade de grãos e alto potencial genético para produtividade de grãos (Soares, 2000). Para tanto, são utilizados alguns métodos de melhoramento. Os mais comumente utilizados são os de introdução de plantas, seleção em cultivares heterogêneas (seleção massal e seleção de linhas puras) e o de hibridação, sendo as populações segregantes conduzidas pelos processos genealógico, população (bulk), retrocruzamento ou modificações nesses processos (Fehr, 1987; Soares, 2000). Mais recentemente, métodos antes utilizados exclusivamente em espécies alógamas, também passaram a ser viáveis para a cultura, destacando-se a seleção recorrente e o desenvolvimento de híbridos  $F_1$  (Castro et al., 1999). Aliado a isso, o uso de marcadores moleculares vem auxiliando esses métodos de forma freqüente, procurando melhorar ainda mais a eficiência dos mesmos.

O objetivo desta publicação, é discutir na forma de revisão de literatura os princípios, vantagens e desvantagens de cada método visando contribuir para o aprimoramento do referencial teórico do assunto e concomitantemente servir de consulta para pesquisadores, estudantes universitários, professores e técnicos interessados no tema.

## 2-BIOLOGIA FLORAL E REPRODUÇÃO DO ARROZ

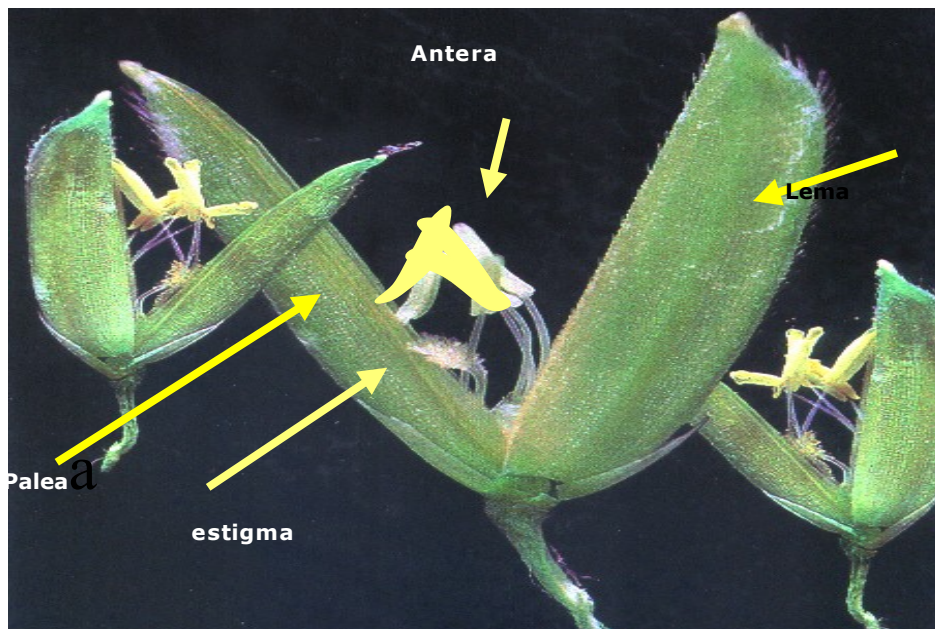
As flores da planta de arroz são hermafroditas e estão reunidas em uma inflorescência do tipo panícula que emerge da parte terminal do colmo. Essa inflorescência é composta por um grupo de flores denominadas espiguetas, cujo número pode variar de um, nas cultivares silvestres, até 500, sendo que cada espiguetas contém uma única flor (Guimarães, 1999; Soares, 2000). Pedroso (1985) relata que, em média, uma panícula comercial possui de 100 a 150 espiguetas.

A flor de arroz é constituída de: pedicelo, glumelas rudimentares, lema estéril, pistilo, estames e glumelas. O pedicelo é a estrutura de sustentação da flor e a conecta ao restante da planta. O órgão reprodutivo feminino, o pistilo, é composto por ovário, um estilete curto e dois estigmas plumosos, bifurcados e de coloração branca. O órgão reprodutivo masculino, o androceu, é constituído de seis estames, formados cada um, de um filete, conectivo, e, na sua extremidade, uma antera, que contém os grãos de pólen. Cada antera pode conter de 500 a 1000 grãos de pólen com coloração geralmente amarelada. As glumelas são as estruturas de suporte e proteção da semente, sendo a maior denominada lema e a menor, pálea (Pedroso, 1985. Fornasieri Filho e Fornasieri, 1993; Silva, 1999; Guimarães, 1999; Soares, 2000).

A panícula jovem torna-se visível a olho nu como uma estrutura cônica, plumosa, cerca de 10 dias após o início da sua diferenciação. Contudo, como essa estrutura em desenvolvimento se encontra envolvida pela bainha das folhas, sua observação só é possível mediante a dissecação do colmo. A emergência das panículas através da bainha ocorre em cerca de três dias e alcançam o máximo da floração entre o segundo e o quarto dia após a completa emergência. Durante o estágio de floração, os filetes se alongam no interior das espiguetas e quando as anteras estão a ponto de tocar a parte superior desta e de iniciar a antese, se abrem e deixam cair o pólen sobre os estigmas. No máximo do alongamento dos filetes, as anteras são expostas para fora da espiguetas. Concomitantemente, o estigma que está ereto, começa a se abrir para ambos os lados e também fica exposto. Esse ponto é considerado o climax da antese e ocorre entre 10 e 20 minutos depois que a espiguetas se abre. Toda espiguetas passa por esse processo, entretanto, o momento varia de acordo com a posição que ocupa na panícula. O processo inicia na extremidade apical da panícula e progride em direção à base. Toda a panícula terá florescido em um período de cinco a sete dias. Cada espiguetas permanece aberta durante mais ou menos 45 minutos e os estigmas ficam receptivos por quatro a



cinco dias. Por outro lado, os grãos de pólen sobrevivem fora das anteras somente alguns minutos (Chatel e Guimarães, 1995; Guimarães, 1999).



**Fig. 1-** Flor do Arroz

Nas condições do Brasil Central, Guimarães (1999) relata que as espiguetas ficam abertas por um período que varia de meia a duas horas, sendo essa característica influenciada pelas condições ambientais, principalmente, temperatura, umidade e luminosidade. Em dias chuvosos, todas as etapas do processo de reprodução do arroz podem ocorrer sem que as espiguetas se abram, fenômeno conhecido como cleistogamia (Chandaratna, 1964).

O arroz é, assim, uma espécie anual autógama, com taxa de cruzamento natural variável, porém baixa. Guimarães (1999) cita que, na Índia, Kadan e Patil (1933) encontraram valores entre 0,52% e 4,31%; no Japão, Shimoyama (1920) observou taxa de 0,08%; na Austrália, Paggendorff (1932) reportou valor médio de 0,44% e nas Filipinas, Rodrigo (1925) obteve 2,40%. Beachell et al. (1938), também citado por Guimarães (1999), estudando a influência de fatores ambientais na taxa de cruzamento natural em diferentes locais dos Estados Unidos, concluíram que a mesma variou de 0,45% a 3,39%, conforme o ano, a cultivar e o espaçamento utilizados. De um modo geral, entretanto, a

literatura relata para o arroz uma taxa de cruzamento natural inferior a 1% (Chatel e Guimarães, 1995; Cutrim, 1994; Santos, 1996; Santos, 2000; Soares, 2000).

### **3-HIBRIDAÇÃO EM ARROZ**

Cruzamentos são necessários quando as características desejáveis não se encontram presentes no germoplasma disponível para um determinado programa de melhoramento, ou caso estejam presentes, não se encontrarem combinadas da maneira desejada. No caso do arroz, a hibridação pode ser realizada manualmente ou através do uso da macho-esterilidade genética

#### **3.1-Manual**

O método de hibridação manual do arroz evoluiu muito a partir de descobertas feitas por Taillebois e Castro (1986) de que para a produção de sementes híbridas, não há necessidade de ser usada a planta inteira, mas somente o colmo principal ou perfilho com a panícula, destacado da planta de origem. Isto possibilita a condução de parentais masculinos e femininos no campo e, no momento da hibridação, escolher os melhores perfilhos, destacá-los, eliminar suas folhas e levá-los ao local de hibridação onde devem ser colocados em recipientes com água para posteriormente serem executadas a emasculação e a polinização, deixando as sementes híbridas desenvolverem em local protegido, que pode ser em casa-de-vegetação ou telado. A simplicidade do método reduz mão-de-obra, aumenta a taxa de pegamento e viabiliza a realização de cruzamentos em programas de melhoramento pequenos e com pouca estrutura de apoio (Castro et al., 1999).

Escolhida a planta que será utilizada como genitor feminino na hibridação, a primeira etapa é a emasculação dos órgãos reprodutivos masculinos, antes que os grãos de pólen sejam derriçados. Guimarães (1999) cita que, no programa de melhoramento de arroz da Embrapa Arroz e Feijão, a emasculação é realizada nas primeiras horas da manhã (antes das oito horas) e no Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), na Colômbia, depois das 15 horas.

A técnica mais comum de emasculação é a que utiliza o corte das espiguetas e a remoção das anteras por meio de uma pinça ou de uma bomba a vácuo. As panículas do

genitor feminino devem estar fora da bainha das folhas cerca de 70 a 80%, devendo ser eliminadas as espiguetas do terço superior (autofecundadas) e inferior (imaturas). O terço médio, com cerca de 50 a 60 espiguetas é o que deve ser escolhido para a emasculação. Uma pessoa treinada pode emasculiar entre 15 a 20 panículas por dia, resultando em cerca de 1000 espiguetas por dia de trabalho (aproximadamente três horas). Maiores detalhes sobre o processo são encontrados em Chatel e Guimarães (1995) e Guimarães (1999).

Realizada a emasculação, a polinização deve ser efetuada no dia seguinte, podendo-se, entretanto, realizar essa etapa em até três ou quatro dias, período em que os estigmas ainda estão receptivos. A polinização é realizada pelo método denominado “chuva de pólen”, ou seja, derriçagem manual do pólen sobre a panícula do genitor feminino, sendo desejável que esta ocorra entre as 11 horas e 30 minutos e as 12 horas e 30 minutos, que é o ponto de antese máxima do arroz em condições tropicais. Aproximadamente três a quatro dias após a polinização, o ovário começa a intumescer e durante os 25 dias seguintes, observa-se o crescimento da semente híbrida, inicialmente de coloração esverdeada e ao final do processo, completamente branca. A porcentagem de pegamento pode variar de 60 a 100%, no entanto, cruzamentos envolvendo genitores geneticamente distantes, como os dos grupos Índica e japônica apresentam maior esterilidade e, conseqüentemente, menor taxa de pegamento (Guimarães, 1999).

A confirmação das plantas híbridas é feita através de genes marcadores. Khush (1975) menciona uma série de genes marcadores e graus de dominância: altura da planta (planta alta é dominante), precocidade (recessivo), presença de aristas (dominante), folhas lisas (recessivo), ápulo colorido (dominante) e casca dourada (recessivo).

### **3.2-Uso da macho-esterilidade genética**

Paralelamente ao aprimoramento da técnica de hibridação, foi descoberto o gene da macho-esterilidade genética, fazendo com que a exploração da variabilidade genética em arroz deixasse seus limites de planta autógama. Métodos de melhoramento populacionais, como a seleção recorrente, estão sendo utilizados manualmente (Guimarães, Correa-Victoria e Tulande, 1995) ou empregando a macho-esterilidade genética (Rangel e Neves, 1997).

O gene da macho-esterilidade genética do arroz mais conhecido e utilizado é um mutante da cultivar de arroz irrigado IR36, obtido através de mutagênico químico. Esse mutante carrega um alelo recessivo (ms) que em homozigose (msms) induz à esterilidade dos grãos de pólen (Singh e Ikehashi, 1981). Segundo Rangel, Zimmermann e Fagundes (1999), a IR36, que foi desenvolvida pelo IRRI, é uma cultivar de tipo de planta moderno, de alta produtividade que foi cultivada em mais de 11 milhões de hectares na Ásia. Além disso, na obtenção desta cultivar, foram utilizados vários parentais incluindo cultivares tradicionais e a espécie silvestre *Oryza nivara*, que doou resistência ao vírus tungro. Conforme os mesmos autores, a alta performance da IR36, tem sido benéfica na sintetização de populações de arroz de várzea em programa de seleção recorrente, já que além do gene da macho-esterilidade outras características agronômicas favoráveis são também introduzidas.

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 alógama. As flores das plantas estéreis abrem-se normalmente na antese, as anteras são opacas esbranquiçadas e os estigmas ficam totalmente expostos. As panículas ficam parcialmente envolvidas pela folha bandeira e as plantas continuam a emitir perfilhos que permanecem verdes mesmo após os primeiros perfilhos terem chegado à maturação (Rangel e Neves, 1995; Chatel e Guimarães, 1995; Rangel e Neves, 1997).

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 de populações em condições naturais no campo, com o auxílio do vento (Rangel e Neves, 1995). Para conservar o gene da macho esterilidade genética, são realizados cruzamentos entre o mutante (fêmea, msms) e a cultivar IR36, macho-fértil (MsMs). A semente híbrida é geneticamente heterozigota (Msms) e produzirá plantas férteis. Essas plantas são, então, autofecundadas produzindo sementes tanto homozigotas (MsMs e msms) como heterozigotas (Msms). Essas sementes são semeadas, originando plantas com genótipos MsMs e Msms (férteis) e de genótipo msms (macho-estéreis) (Chatel e Guimarães, 1995).

Com esse advento facilitador de cruzamentos, alguns programas de melhoramento de arroz na Colômbia, Brasil, Chile, Venezuela, Uruguai, Peru, e em alguns países da África e Madagascar passaram a utilizar-se desse método para criar populações com

ampla base genética e conduzi-las através da seleção recorrente (Guimarães, 1997; Badan, 1999).

#### **4-BASE GENÉTICA DO ARROZ IRRIGADO**

O desenvolvimento de cultivares de arroz irrigado de porte baixo é considerado como um dos maiores sucessos da história moderna do melhoramento genético. A precursora da “revolução verde” foi a cultivar IR-8, lançada para cultivo em 1966 pelo IRRI, que ficou conhecida como arroz milagroso e revolucionou a agricultura mundial. Por apresentar características agronômicas como porte baixo, alto perfilhamento, resposta à adubação nitrogenada e, principalmente, elevada produtividade de grãos, esta cultivar causou profundas transformações não só a nível de agricultores que passaram a usar melhor tecnologia nas lavouras, como também, na filosofia dos programas de melhoramento genético que redirecionaram todo o seu esforço de pesquisa no sentido de desenvolver cultivares com arquitetura de planta moderna. Para isto, os melhoristas passaram a utilizar intensamente como genitores nos cruzamentos a cultivar IR-8 ou linhagens dela derivada, restringindo a variabilidade genética das populações utilizadas no melhoramento (Khush, 1995; Rangel et al., 1999).

Em meados da década de 70, o Brasil reorganizou a sua estrutura de pesquisa e os pesquisadores envolvidos com arroz irrigado, de maneira competente, souberam tirar proveito de todos os avanços conseguidos pelos grupos internacionais de pesquisa, reduzindo os caminhos a percorrer para atingir as suas metas (Morais e Rangel, 1997). Todo esforço foi compensado, no início da década de 80, quando cultivares tradicionais de porte alto foram substituídas pelas modernas de porte baixo, praticamente dobrando a produtividade do arroz irrigado em vários estados do país. No Rio Grande do Sul, a produtividade das lavouras aumentou em 30% (Carmona et al., 1994) e, em Santa Catarina, o aumento foi de 66% (Ishiy, 1985), devido às cultivares modernas e ao melhor manejo da cultura. Após este grande avanço, Rangel, Guimarães e Rabelo (2000) ressaltam que a produtividade do arroz irrigado mantém-se a mesma e esforços para aumentar o potencial produtivo das cultivares não têm resultados em ganhos expressivos. Morais (1992) e Rangel, Zimmermann e Neves (1992) citam que no Brasil, no decorrer de toda a década de 80, não foi selecionada nenhuma linhagem que superasse significativamente, em produtividade de grãos, as melhores cultivares testemunhas (BR IRGA 409, no Rio Grande do Sul e CICA-8, nos demais estados), apesar de inúmeros

cruzamentos realizados contemplando genitores de reconhecida diversidade genética. Vergara et al. (1990) relatam que a produtividade do arroz irrigado tem aparentemente alcançado um platô e os ganhos verificados para esta característica têm sido decorrência, principalmente, da incorporação de resistência à patógenos e melhoria no manejo da cultura.

Segundo Rangel et al. (2000), é provável que a reduzida base genética das populações utilizadas no melhoramento do arroz irrigado venha contribuindo para o estabelecimento de patamares de produtividade. Nesse sentido, alguns trabalhos foram realizados.

Cuevas-Pérez et al. (1992) construíram as árvores genealógicas das cultivares de arroz lançadas na América Latina e Caribe no período de 1971 a 1989, chegando a 101 ancestrais que são a base de todas as cultivares melhoradas. Apesar da aparente ampla base genética, verificaram que os ancestrais contribuem de maneira bastante desigual para o conjunto gênico e que 39% dos alelos são oriundos das cultivares Deo-Geo-Woo-Gen, Cina e Lati Sail, que são os ancestrais da IR8. Morais (1997) cita que um número aparentemente grande de linhagens pode representar um tamanho efetivo populacional restrito quando elas são muito aparentadas.

O trabalho de Dilday (1990), realizado nos Estados Unidos, mostrou que a proximidade genética das cultivares lançadas para aquele país é grande, sendo que muitas delas têm entre 50 e 90% de alelos em comum, chamando a atenção para a necessidade de ampliação da base genética do arroz irrigado. Neste sentido, Linscombe (1992) descreve que algumas estratégias já foram implementadas. Como fonte de alelos para maior produtividade, foram utilizadas algumas linhagens chinesas e para melhorar a qualidade dos grãos, algumas cultivares introduzidas do sul do Brasil, entre elas a BR IRGA 409, foram incluídas em cruzamento.

Analisando as genealogias de 42 cultivares de arroz irrigado, recomendadas para cultivo no Brasil no período de 1980 a 1992, Rangel, Guimarães e Neves (1996) verificaram que sete ancestrais (Deo-Geo-Woo-Gen, Cina, Lati Sail, I Geo Tze, Mong Chin Vang A, Belle Patna e Tetep) são responsáveis por cerca de 70% do conjunto gênico das cultivares lançadas no país; no Rio Grande do Sul, que é o maior produtor de arroz irrigado do Brasil, apenas seis ancestrais contribuem com 86% dos alelos das cultivares mais plantadas. Segundo dados do Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA), na safra 1998/99, as cultivares El Paso 144 (23%), IRGA 417 (21%), BR- IRGA 410 (13%) e BR-

IRGA 409 (11%) ocuparam cerca de 68% da área semeada com arroz no Rio Grande do Sul. Estas cultivares, para Rangel, Guimarães e Neves (1996) apresentam alto grau de similaridade genética, sendo que a El Paso 144 é oriunda de seleção efetuada dentro da cultivar BR-IRGA 410, que tem o mesmo pedigree da BR-IRGA 409. A cultivar IRGA 417 foi obtida de um cruzamento triplo onde a BR-IRGA 409 contribui com 50% dos alelos. Essa situação, de alta uniformidade genética pode trazer sérias conseqüências não só a orizicultura gaúcha, mas também, a produção brasileira de arroz (Rangel et al., 1999). Outras cultivares, como BR-IRGA 412 e BR-IRGA 414 cultivadas em menor escala, são seleções obtidas dentro da cultivar BR-IRGA 409 (Ferreira et al., 2000).

Breseghello, Rangel e Moraes (1999), avaliando a base genética das linhagens testadas na Região Nordeste do Brasil, no período de 1984 a 1993, concluíram que oito ancestrais são responsáveis por cerca de 65% do conjunto gênico desses materiais, sendo que, os ancestrais da cultivar IR 8 contribuem com a maior proporção, cerca de 35%.

O estreitamento da base genética das populações apresenta dois problemas para os programas de melhoramento. O primeiro é a alta vulnerabilidade das cultivares aos estresses bióticos, devido serem geneticamente relacionadas e, o segundo é a redução de possibilidades de ganhos adicionais na seleção, principalmente para características quantitativas como produtividade de grãos, devido o melhorista manejar um conjunto gênico de tamanho limitado (Hanson, 1959; Rangel, Guimarães e Rabelo, 2000). Nesse aspecto, Rangel, Guimarães e Neves (1996) advertem para a vulnerabilidade das cultivares brasileiras de arroz irrigado à brusone, principal doença do arroz, causada pelo fungo *Pyricularia grisea* Sacc. Apenas duas fontes de resistência, Tetep e Tadukan têm sido utilizadas com mais freqüência nos programas de melhoramento genético.

São vários os trabalhos que mostram que a maioria das cultivares/linhagens de arroz irrigado, utilizadas atualmente, são geneticamente muito aparentadas e que ao se dar prioridade para o uso delas na formação de uma população base, pouco seria acrescentado em termos de variabilidade disponível, ou seja, o estreitamento da base genética pode comprometer futuros progressos com a cultura, principalmente para o caráter produtividade de grãos. Entretanto, Rasmusson e Phillips (1997) e Phillips (1999) fazem alguns questionamentos ou indagações a respeito do que tem ocorrido no melhoramento de algumas culturas. Em cevada, por exemplo, os autores comentam que a despeito da menor divergência no germoplasma em uso, tem havido considerável ganho genético para características agrônômicas e de qualidade, e que isso só foi

possível considerando-se que o genoma é muito mais dinâmico do que o imaginado, isto é, existem outros mecanismos que geram variabilidade, além daqueles explicados pelos princípios mendelianos. Comentários a esse respeito são encontrados em Rasmusson e Phillips (1997).

Uma outra evidência de que exaurir a variabilidade é mais difícil do que se pensa, são as respostas a longo prazo. Um bom exemplo, segundo Ramalho, Gonçalves e Souza Sobrinho (1999), é a seleção para teor de óleo e proteína em milho, que já vem sendo realizada por, aproximadamente, 100 gerações, sem que a variabilidade tenha se exaurido, conforme consta no trabalho de Dudley e Lambert (1992). Depreende-se assim, que, a partir da experiência de outras espécies, pode-se esperar sucesso com a seleção na cultura do arroz, mesmo com a utilização de material de base genética estreita.

## **5-MÉTODOS DE MELHORAMENTO**

### **5.1-Introdução de plantas**

A introdução de plantas pode ser dividida em duas categorias: a) introdução de cultivares/linhagens e, b) introdução de populações segregantes. Na primeira, são introduzidos materiais desenvolvidos em outras regiões ou país, seja para uso direto pelos agricultores ou como fonte de alelos de interesse para utilização em cruzamentos. Borém (1997) cita que em áreas não tradicionais, a introdução de cultivares ou linhagens constitui uma alternativa importante para a expansão de uma nova cultura, pois é um método rápido de recomendar uma cultivar. Todavia, com o aumento dos níveis de produtividade, este procedimento nem sempre oferece vantagem em relação a outros métodos específicos para o ambiente desejado, que envolvem hibridações entre genitores mais adaptados.

A segunda consiste na introdução de material em gerações segregantes, normalmente  $F_2$  a  $F_4$ , tendo como principal vantagem a possibilidade de direcionar as populações para uma determinada condição ambiental, uma vez que os alelos de adaptação ainda podem ser encontrados. Apesar de ser muito utilizada nos programas de melhoramento de arroz, deve sofrer restrições devido o advento da atual lei de proteção de cultivares, que limita o intercâmbio de materiais entre as instituições.



Em arroz, os exemplos mais comuns de introdução de plantas concentraram-se, basicamente, para o sistema irrigado por inundação contínua, em que foram introduzidos um grande número de materiais, provenientes, principalmente, dos Estados Unidos, Colômbia, Filipinas, Japão e Itália (Pedroso, 1985; Cutrim, 1994). Pode ser destacada em razão da produtividade, precocidade e especialmente, qualidade de grãos, a cultivar americana Bluebelle, introduzida no Rio Grande do Sul pelo IRGA na década de 70. Outras cultivares oriundas do CIAT, Colômbia, como CICA 4, CICA 8, CICA 9, do tipo moderno, introduzidas na mesma década, apresentaram boa adaptação em diferentes regiões brasileiras. As cultivares BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410, lançadas pelo consórcio Embrapa/IRGA, e que apresentaram ampla adaptação no país, foram selecionados dentro de populações segregantes introduzidas também do CIAT (Pedroso, 1985).

## **5.2-Seleção em Cultivares Heterogêneas**

O melhoramento de qualquer população pressupõe a existência de variabilidade genética para o caráter em questão. Esta variabilidade pode ser natural ou criada por hibridações (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Apesar da pressuposta homozigose dos indivíduos de uma população autógama, autofecundações sucessivas não implicam em homogeneidade genética entre os indivíduos, principalmente após um longo período de cultivo, devido a várias causas, como a metodologia de obtenção, mutações, hibridações naturais e mistura de sementes (Fehr, 1987; Borém, 1997; Soares, 2000). Sendo assim, estas populações constituem-se de excelentes materiais para serem submetidos à seleção, especialmente pelo fato de já serem adaptadas à região e possuírem características desejadas pelo consumidor.

Algum sucesso utilizando esse procedimento tem sido obtido com a cultura do arroz. As cultivares de arroz irrigado BR-IRGA 412 e BR-IRGA 413 são oriundas de seleção efetuada dentro da cultivar BR-IRGA 409 (Cutrim, 1994).

## **5.3-Melhoramento por Hibridação**

No melhoramento por hibridação, o objetivo principal é a associação em um mesmo indivíduo, de dois ou mais fenótipos desejáveis que estão presentes em cultivares/linhagens diferentes. Portanto, realizando cruzamento entre esses indivíduos é gerada uma população com variabilidade genética suficiente na qual será praticada seleção visando a obtenção de linhagens que reúnam os fenótipos de interesse (Allard, 1971; Fehr, 1987). Contudo, para atingir esse objetivo, o melhorista precisa tomar

decisões quanto ao critério a ser utilizado na escolha dos genitores a serem utilizados, como realizar as hibridações e, por último, qual o processo que deve ser empregado na condução das populações segregantes (Machado, 1999).

A decisão mais importante é a escolha criteriosa dos genitores para realizar as hibridações porque permite que os esforços dos melhoristas concentrem-se naquelas populações segregantes potencialmente capazes de fornecer famílias superiores, traduzindo-se em maior eficiência do programa (Fehr, 1987). Entre outros fatores, essa escolha depende dos caracteres a serem melhorados, do tipo de herança e da fonte de germoplasma disponível.

Se o caráter a ser melhorado for de herança qualitativa, isto é, controlado por poucos genes e pouco influenciado pelo ambiente, a escolha dos genitores é mais fácil. Nesse caso, normalmente é realizada a hibridação de uma cultivar portadora do alelo de interesse com outra que apresente boas características agronômicas. Entretanto, quando estão envolvidos caracteres cujo controle genético é mais complexo, a escolha dos genitores, as hibridações e o modo de condução das populações segregantes, já não são tão simples. Os genitores devem ser tais que possibilitem a obtenção de populações com média alta associada a grande variabilidade para os caracteres sob seleção (Abreu, 1997).

No melhoramento de caracteres quantitativos, como produtividade de grãos, Baezinger e Peterson (1991) classificam os métodos de escolha dos genitores em duas categorias: a) os que incluem apenas as informações dos parentais, como, comportamento “per se”, coeficiente de parentesco e análise multivariada para estimar divergência genética; b) os que utilizam o comportamento de suas progênes, como, os cruzamentos dialélicos, a estimativa de  $m+a$  e a metodologia de Jinks e Pooni (1976). Descrição desses métodos é encontrada em Abreu (1997) e Santos (2000).

Na condução de uma população segregante de plantas autógamas, o objetivo é selecionar no final do processo linhagens homozigóticas com alelos favoráveis no maior número de locos. Para isso, existem vários métodos, como o genealógico, o da população, retrocruzamento e os modificados (Fehr, 1987; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). A escolha do método é importante, principalmente em função do tipo e da herança do caráter a ser melhorado, entretanto, se bem conduzidos, todos levam a resultados positivos.

## 1 Método Genealógico

O método genealógico também conhecido como pedigree, é muito utilizado na cultura do arroz. Tem como princípio a seleção de plantas individuais a partir da geração  $F_2$ , as quais são mantidas individualmente e semeadas em linhas formando famílias na geração  $F_3$ . A partir dessa geração é efetuada a seleção das melhores famílias e das melhores plantas dentro de cada família. Esse processo é repetido até a geração  $F_5$  ou  $F_6$  quando a maioria dos locos já está em homozigose, momento em que são identificadas as melhores linhagens que irão participar de experimentos de avaliação de rendimento (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Borém, 1997).

A variabilidade genética dentro das famílias diminui com o avanço das gerações e isso é facilmente percebido quando se analisa o que ocorre com os componentes da variância genética a partir do aumento do grau de endogamia.

Na geração  $F_2$ , considerando a frequência alélica igual a 0,5 e ausência de epistasia, a variância genética entre famílias ( $\sigma_G^2$ ) contém  $\sigma_A^2 + \sigma_D^2$ , sendo  $\sigma_A^2$  a variância genética aditiva e  $\sigma_D^2$  a variância de dominância. Com o decorrer das autofecundações, devido ao aumento na frequência dos locos em homozigose, a participação de  $\sigma_A^2$  aumenta e a  $\sigma_D^2$  diminui. Assim, a variância genética entre famílias  $F_{2:3}$  contém  $\sigma_{G_{F_{2:3}}}^2 = \sigma_A^2 + 0,5\sigma_D^2$ , enquanto na  $F_{3:4}$  ela é  $\sigma_{G_{F_{3:4}}}^2 = 1,5\sigma_A^2 + 0,25\sigma_D^2$ . Na  $F_{4:5}$  estes valores são  $\sigma_{G_{F_{4:5}}}^2 = 1,75\sigma_A^2 + 0,125\sigma_D^2$  e quando atinge a homozigose total na  $F_{\square}$  a variância genética entre famílias contém  $\sigma_{G_{F_{\square}}}^2 = 2\sigma_A^2$ .

Outro aspecto a ser considerado é que na  $F_{2:3}$  a variância genética aditiva dentro de famílias é  $0,5\sigma_A^2$  e vai decrescendo com as autofecundações, atingindo  $0,125\sigma_A^2$  na geração  $F_{4:5}$ , até se anular na  $F_{\square}$ . Depreende-se então que a seleção dentro de famílias somente se justifica até a geração  $F_5$ , pois a partir desta geração a variabilidade dentro torna-se pouco significativa, com pequeno ganho com a seleção (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Esse método apresenta como principais vantagens o controle do grau de parentesco entre os indivíduos selecionados e o descarte de indivíduos inferiores em gerações precoces (Abreu, 1997). Por outro lado, Cutrim (1994) e Castro et al. (1999)

apresentam as seguintes desvantagens: limitação imposta com relação a quantidade de material genético que o melhorista pode conduzir, já que as avaliações são efetuadas a nível de plantas individuais e de linhas e requer muitas anotações; a avaliação de plantas espaçadas pode não correlacionar bem com as condições normais de densidade de semeadura; o método privilegia a seleção visual de plantas, deixando a avaliação da produtividade para depois que a linha já está fixada. Vários trabalhos mostram que a seleção visual não é eficiente, especialmente para o caráter produtividade de grãos, como relata Cutrim (1994), para o arroz irrigado. A grande maioria das cultivares de arroz irrigado recomendadas para o Brasil foi obtida por este método (Castro et al., 1999).

Modificações no método genealógico tem sido utilizadas para facilitar a condução de maior número de cruzamentos. Passou-se a realizar nas gerações  $F_3$  e  $F_4$  seleções massais dentro de famílias, evitando assim o crescimento exagerado do número de famílias segregantes em cada geração. Neste método, geralmente não se obtêm ganhos significativos para produtividade, mas caracteres de mais alta herdabilidade, como altura, tipo de grão e arquitetura da planta, respondem satisfatoriamente (Castro et al., 1999).

## 2. Método da População

O método da população ou “bulk” consiste no avanço de populações segregantes a partir da geração  $F_2$ , onde as plantas são colhidas em conjunto, sendo suas sementes misturadas, para a semeadura visando à obtenção da geração seguinte. O processo se repete até que a população alcance suficiente homozigose para a seleção de linhagens, ou seja, em  $F_5$  e  $F_6$ , a variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ) explorada passa a ser 1,88 e 1,94, respectivamente. “Abre-se”, então, o “bulk”, isto é, as plantas são extraídas individualmente da população, constituindo as famílias, que são avaliadas em experimentos com repetição (Raposo, 1999). Em arroz, costuma-se selecionar panículas ao invés de plantas, o que facilita o processo e permite a escolha de um grande número de materiais para, posteriormente, serem submetidos a uma seleção preliminar mais rigorosa, principalmente, para caracteres de alta herdabilidade (tipo de grão, altura, arquitetura da planta, ciclo e resistência à patógenos). Após essa seleção é que os materiais vão compor ensaios com repetição.

Uma vantagem deste método é que durante as gerações de endogamia, o material sofre ação da seleção natural, onde o princípio básico é que os indivíduos que produzem

maior número de sementes viáveis tendem a contribuir de forma expressiva para a constituição da geração seguinte e que a capacidade de sobrevivência em competição deve estar correlacionada positivamente com a adaptabilidade e a produtividade (Borém, 1997). Nesse enfoque, entretanto, é necessário salientar que já há algum tempo é questionável se a ação da seleção natural é no sentido em que o melhorista deseja.

Nesse aspecto, o trabalho de maior duração foi realizado com cevada e vem sendo conduzido desde 1929 (Allard, 1988; Soliman e Allard, 1991). Ele iniciou com um composto denominado CCII, proveniente de um dialelo envolvendo 28 cultivares, resultando em 387 híbridos  $F_1$ , que foram misturados. Cerca de 15.000 sementes eram semeadas a cada geração em bloco isolado. Em torno de 400.000 sementes eram colhidas por geração, sendo uma parte armazenada e a outra parte misturada para ser utilizada na semeadura do ciclo seguinte. O processo se repete até os dias atuais. Visando verificar as trocas que ocorreram com a seleção natural, após alguns anos de condução da população, foi avaliado o desempenho de todas as gerações até então obtidas nos anos de 1960/66, 1965/69 e 1976/82. Os resultados referentes às avaliações realizadas por mais de 50 gerações foram relatadas por Allard (1988), onde compara o efeito das sucessivas gerações em vários caracteres, com uma cultivar testemunha. Entre os caracteres quantitativos, a maior ênfase foi dada à produtividade de grãos, peso de 1000 sementes e número de dias para o florescimento.

As produções de grãos das populações, nas gerações iniciais, foram quase 60% da produção da testemunha, chegando a 95% já nas gerações  $F_{15}$  a  $F_{20}$ . A alteração na média populacional, devido a ação da seleção natural, variou entre os períodos, entretanto, ela foi em média, de 2 a 3% por geração, com uma ligeira redução nas gerações mais avançadas. No caso do peso de 1000 sementes, os resultados acompanharam o da produtividade de grãos, principalmente até a 20ª geração, quando então se estabilizaram. A partir daí, o aumento no número de sementes por planta foi o que explicou os incrementos na produtividade de grãos. Com relação ao ciclo da planta, o efeito não foi muito pronunciado. Foi detectado um aumento de apenas três dias no número de dias do florescimento nas sucessivas gerações. Allard (1988) relata que a seleção natural atuou preferencialmente sobre os indivíduos com maior estabilidade de produção, isto é, aqueles indivíduos que mantiveram produtividade tanto em condições favoráveis quanto em condições menos favoráveis.

Outros caracteres foram avaliados, entre eles o peso da espiguetas, comprimento da espiguetas, densidade da espiguetas, comprimento da arista, número de grãos por

espiguetas, tamanho do grão, altura da planta, largura, área da penúltima folha e diâmetro do colmo. As características peso da espiguetas e número de sementes por espiguetas foram os que mais sofreram a ação da seleção natural, especialmente até a geração  $F_{20}$ . Pequenos acréscimos foram observados nas características comprimento da arista, largura e área da penúltima folha, diâmetro do colmo, decréscimo no comprimento da espiguetas e aumento na densidade da espiguetas ocorreram lentamente. As espiguetas foram quase 10% menores e mais compactas na média das duas últimas gerações do que nas gerações iniciais. Mudanças na altura média das plantas foram pequenas até quase a geração  $F_{25}$ , quando então começou a aumentar, ocorrendo um acréscimo de 5% até a geração  $F_{53}$ .

Corte (1999), em feijão, avaliou os efeitos da seleção natural em seis populações segregantes, após 16 gerações de endogamia, utilizando o método do bulk. Constatou-se uma flutuação na produtividade média dos grãos, além de um ganho genético de 3,16% por geração, considerado bastante satisfatório para a cultura. Gonçalves (2000) corroborou com os resultados de Corte (1999) ao analisar o efeito da seleção natural em vários caracteres do feijoeiro, durante as gerações  $F_2$  até  $F_{15}$  em seis populações segregantes. Para o caráter hábito de crescimento, foi verificado que a seleção natural atuou no sentido de deixar maior número de plantas de hábito indeterminado, menor peso de 100 grãos e aumento da produtividade de grãos nos cruzamentos envolvendo um genitor precoce (Manteigão Fosco 11), com um ganho médio estimado de 5,2% por geração.

Na cultura do arroz, a competição intergenotípica é um dos fatores mais críticos, principalmente, entre plantas altas e baixas. É causada por taxas diferenciais no crescimento e tamanho das plantas vizinhas. Plantas com menor altura em competição, perfilham menos, apresentam colmos fracos, acumulam menos matéria seca e parecem agronomicamente inferiores. A tendência é de essas plantas serem eliminadas pela seleção natural. Segundo Castro et al. (1999), o número de sementes produzido por uma planta em uma população heterogênea reflete mais sua capacidade de competição com as plantas circundantes do que sua aptidão para alta produtividade quando em lavouras homogêneas. Jennings, Coffmann e Kaufmann (1981) verificaram que plantas de arroz mais altas e vigorosas eram geralmente pouco produtivas e as baixas, quando em competição com as altas, apresentavam pequena produção de grãos em virtude de sombreamento. Sakai (1955) citado por Chandaratna (1964) relata que cultivares japônicas de arroz, normalmente mais produtivas que as índicas, são inferiores com

relação a capacidade competitiva em uma população heterogênea e que essa competição é muito mais complexa em “bulks” híbridos do que em misturas varietais, tendo em vista a heterozigose contínua produzir novos genótipos, levando a um número final de homozigotos extremamente heterogêneo.

A competição intergenotípica tem inviabilizado a utilização do método da população na cultura do arroz por muitos anos. Entretanto, Santos (2000) relata que hoje, em virtude da maior uniformidade no porte dos materiais de arroz, este não seja mais um argumento que justifique a não utilização deste método.

### **3. Métodos Modificados**

Os métodos modificados têm como referência o método genealógico e/ou o método da população e foram desenvolvidos como novas alternativas, visando melhorar a eficiência da seleção. Entre estes, os que têm sido mais utilizados são o descendente de uma única semente, conhecido como SSD (Single Seed Descent) e o método do “bulk” dentro de famílias (Abreu, 1997).

O método SSD consiste na colheita de uma semente de cada planta da geração  $F_2$ , processo que é repetido sucessivamente para as demais gerações, até que a população alcance homozigose suficiente, quando são obtidas as famílias, em  $F_5$  ou  $F_6$ . “Abre-se” então o SSD, isto é, os indivíduos superiores são extraídos individualmente da população, constituindo famílias, as quais são avaliadas em experimentos com repetição (Fehr, 1987). Na Embrapa Soja, este método é bastante utilizado, principalmente de forma modificada cuja diferença é a coleta de uma vagem com duas a três sementes por planta agronomicamente superior da população, ao invés de uma única semente. Com isto, assegura-se melhor germinação dos materiais (Almeida, Kiihl e Abdelnoor, 1997).

O SSD apresenta como principais vantagens, a sua fácil condução, a necessidade de pouca mão-de-obra e área, além de não necessitar que a população segregante seja conduzida no ambiente similar ao qual a futura cultivar será recomendada, uma vez que a fase de aumento da homozigose é separada da fase de seleção (Fouilloux e Bannerot, 1988). Praticamente não é utilizado na cultura do arroz, uma vez que sua principal vantagem que é a rapidez na obtenção da homozigose, é reduzida para a cultura do arroz, já que normalmente são possíveis duas gerações por ano no campo. Por outro

lado, Abbud (1981) comprovou a eficiência desse método para o arroz de terras altas, principalmente quando aplicado à populações segregantes oriundas de cruzamentos envolvendo genitores superiores ou elites.

O método do “bulk” dentro de famílias derivadas de  $F_2$  associa os dois procedimentos padrões da condução das famílias segregantes em plantas autógamas, isto é, o genealógico e o “bulk”. Com isso, espera-se reduzir o efeito de amostragem que é comum no método do “bulk” e o trabalho do genealógico (Rosal, 1999; Raposo, 1999). Por esse procedimento, as plantas da geração  $F_2$  são colhidas individualmente e as famílias  $F_{2:3}$  são semeadas em linhas isoladas. Cada família é colhida individualmente e dará origem às famílias  $F_{2:4}$ , as quais são novamente semeadas em linha. O processo se repete até a geração  $F_{2:6}$ , quando então são selecionadas visualmente os melhores indivíduos dentro de cada família para continuar a seleção. Por esse procedimento, toda a variação entre plantas presente na geração  $F_2$  é mantida. Somente as famílias que apresentarem desempenho excessivamente abaixo das demais serão eliminadas. Dentro das famílias, será mantida a variação advinda da segregação das plantas  $F_2$ . Nesse caso, a seleção natural poderá atuar apenas dentro das famílias, e a perda por amostragem será restrita apenas à que ocorre dentro das famílias (Rosal, 1999).

Na Universidade Federal de Lavras (UFLA), o “bulk” dentro de famílias  $F_2$  é conduzido com algumas modificações; a principal delas é que, a partir da geração  $F_{2:3}$ , as famílias são avaliadas em experimentos com repetição. Desse modo, a seleção a ser efetuada nas gerações mais avançadas, por exemplo, na  $F_{2:6}$ , será fundamentada no desempenho médio das famílias por duas a três gerações, evidentemente atenuando o efeito da interação genótipos x ambientes e dando maior segurança ao melhorista na decisão de quais famílias deverão ser mantidas (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Abreu, 1997; Raposo, 1999; Rosal, 1999; Santos, 2000).

A abertura do “bulk” pode, ainda, ser postergada para a geração  $F_3$ . Desta forma a magnitude de  $\sigma_A^2$  explorada que é de  $1\sigma_A^2$  em  $F_2$  passaria para  $1,5\sigma_A^2$  em  $F_3$ , um aumento de 50%, sendo este um dos principais argumentos apresentados para o início da avaliação já a partir da geração  $F_3$  (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Em arroz, este método tem sido utilizado mais recentemente na avaliação de famílias derivadas do programa de seleção recorrente do arroz de terras altas, entretanto, de maneira semelhante ao procedimento original. A seleção entre as famílias é baseada na avaliação visual e somente após a seleção das melhores plantas dentro das famílias



(S<sub>0:3</sub> em diante) é que são realizados experimentos com repetições para avaliação mais rigorosa da produtividade de grãos.

#### 4. Método do Retrocruzamento

O objetivo do método do retrocruzamento é recuperar o genótipo do parental (cultivar elite) exceto para uma ou poucas características consideradas desejáveis presentes no parental doador (Borém, 1997). Descrição detalhada do método é encontrada em Allard (1971), Fehr (1987), Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), Borém (1997) e Bueno, Mendes e Carvalho (1999), entre outros.

O uso de marcadores moleculares pode acelerar os programas de retrocruzamentos, ao permitir a identificação precisa dos indivíduos com maior proporção do parental recorrente em cada geração. Segundo Sakiyama, Pereira e Zambolim (1999), os genitores recorrentes e doadores são molecularmente caracterizados (fingerprinting com marcadores de DNA), e as plantas de cada geração de retrocruzamento são selecionadas com base em sua similaridade genético-molecular com o recorrente e na característica a ser melhorada. Sob o ponto de vista prático, Ramalho, Abreu e Santos (2000) citam que três a quatro retrocruzamentos são suficientes para recuperar o genótipo do parental recorrente, especialmente se em cada etapa é realizada a seleção visando eliminar indivíduos com fenótipos indesejáveis. Assim, na primeira geração F<sub>1</sub>, há 50% dos alelos de cada pai. No RC<sub>1</sub> esse número passa a ser de 75% dos alelos do pai recorrente. No RC<sub>2</sub> é de 87,5%, no RC<sub>3</sub> é de 93,75%, ou seja, no RC<sub>m</sub> espera-se  $(2^{m+1}-1)/2^{m+1}$ , em que m refere-se ao número de retrocruzamentos com o pai recorrente. Por outro lado, Borém (1997) comenta que se o parental doador não é adaptado, normalmente, o número de retrocruzamentos tende a ser maior.

Com relação ao número de plantas que devem ser utilizadas em cada etapa do retrocruzamento, Sedcale (1977) citado por Rangel, Morais e Castro (1998), desenvolveu uma expressão que estima o número mínimo de plantas a serem cultivadas para se obter pelo menos um indivíduo com o genótipo desejado, com uma determinada probabilidade de ocorrência do evento:

$$k = \log (1-p)/\log (1-q)$$

Em que:

$k$  = número mínimo de plantas a serem cultivadas, onde pelo menos uma é do genótipo desejado;

$p$  = probabilidade de ocorrência do evento (95% ou 99%);

$q$  = frequência do genótipo desejado.

Baseado nesta expressão, o mesmo autor apresenta ainda uma tabela onde estão contidos o número total de plantas necessárias para obter um determinado número de plantas com os alelos de interesse. Esta tabela pode ser utilizada como base para a maioria dos programas de melhoramento que utilizam retrocruzamentos.

O método do retrocruzamento tem sido bastante utilizado em plantas autógamas, principalmente na cultura da soja, para incorporar resistência a patógenos em cultivares cuja suscetibilidade compromete a estabilidade da produção (Almeida, Kiihl e Abdelnoor, 1997).

Em arroz, Rangel, Morais e Castro (1998) conduziram um trabalho na Embrapa Arroz e Feijão visando incorporar a resistência ao patógeno *Pyricularia grisea* Sacc, nas cultivares BR-IRGA 409 e Metica-1. Foram utilizadas cinco fontes doadoras de alelos de resistência (5287, Carreon, Ramtulasi, Três Marias e Huan-sem-go), originando dez populações. Após três retrocruzamentos, na geração  $F_2 RC_3$ , foram obtidas famílias com as características das cultivares BR-IRGA 409 e Metica-1, todavia portadoras dos alelos de resistência.

Borém (1997), por outro lado, cita que apesar do método do retrocruzamento ser utilizado quase que exclusivamente para transferir alelos de genitores doadores para recorrentes, a sua utilidade para introgressão de germoplasma exótico em germoplasma elite, também tem sido comprovada por diversos autores. Segundo o mesmo autor, Carpenter e Fehr (1986), em soja, concluíram que dois ou três retrocruzamentos são suficientes para elevar o nível das populações sem perder demasiadamente as características dos tipos silvestres. Em arroz irrigado, Rangel (1996) utilizou uma combinação de retrocruzamentos com marcadores moleculares e mapa genético, na transferência de alelos da espécie silvestre de arroz *Oryza glumaepatula* para a espécie cultivada *Oryza sativa*. Verificou-se que com dois retrocruzamentos já foi possível recuperar as características do parental recorrente de forma satisfatória.

Por fim, alguns melhoristas questionam que o método do retrocruzamento é muito conservador, pois há tendência de permanecer com uma cultivar apenas. Entretanto, Ramalho, Santos e Zimmermann (1993) citam que é fácil visualizar que se durante o processo for identificada uma linhagem superior ao pai recorrente, esse pode ser substituído nos futuros retrocruzamentos. Assim procedendo, o processo torna-se muito mais dinâmico.

#### **5.4-Seleção Recorrente**

A maioria dos programas de melhoramento genético de arroz utilizam métodos convencionais de plantas autógamas, principalmente o genealógico, onde após a sintetização da população base, geralmente formada por dois a quatro genitores, esta é conduzida através de autofecundações e seleções até a obtenção de linhagens. Esses métodos, segundo Moraes e Rangel (1997) cumpriram o seu papel fornecendo nas últimas décadas cerca de 78 novas cultivares, sendo 30 para o sistema de cultivo em terras altas e 48 para o sistema de cultivo em várzea, resultando em um aumento na produtividade média de grãos em torno de 30%. Apesar disto, no caso específico do arroz irrigado por inundação contínua, vários trabalhos relatam que os ganhos genéticos conseguidos para essa característica tem sido de baixa magnitude (Santos et al., 1999; Rangel et al., 2000; Peng et al., 2000) e atribuídos, principalmente, à incorporação de resistência à doenças e a melhoria do manejo cultural (Rangel et al., 1999).

Nesse contexto, os programas de melhoramento de arroz irrigado em todo o mundo buscam alternativas para aumentar o potencial produtivo da cultura, seja com um novo ideótipo de planta (Khush, 1995), ou com novas estratégias de melhoramento, como é o caso da seleção recorrente (Rangel e Neves, 1997) e o desenvolvimento de híbridos  $F_1$  (Neves, Rangel e Cutrim, 1997). Aqui, serão enfocados apenas os aspectos da seleção recorrente. .

A seleção recorrente é um processo sistemático de seleção de indivíduos dentro de uma população geneticamente heterogênea, seguido da recombinação dos indivíduos selecionados para formar uma nova população; esta por sua vez é utilizada para iniciar novo ciclo de seleção. Portanto, a seleção recorrente é um processo dinâmico e contínuo, que envolve a obtenção de famílias, avaliação e o intercruzamento das melhores, visando, desse modo, aumentar a frequência de alelos favoráveis e, por

conseqüência, melhorar a expressão fenotípica do caráter sob seleção (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Geraldi, 1997).

Esse método foi proposto por Hull (1945) e tem sido extensivamente utilizado no melhoramento de plantas alógamas (Hallauer, 1992; Lima Neto, 1998). No caso das plantas autógamas, apesar do seu emprego ser mais recente, são vários os relatos de seu sucesso no melhoramento das espécies envolvidas, como soja (Werner e Wicoox, 1990; Uphoft, Fehr e Cianzio, 1997), trigo (Wang et al., 1996), aveia (De Koeyer et al., 1993; De Koeyer, Phillips e Stuthman, 1999), feijão (Ranalli, 1996; Singh et al., 1999) e arroz (Rangel e Neves, 1997; Morais, Castro e Sant'ana, 1997; Martinez et al., 1997; Solano, 1999; Marassi et al., 1999; Guimarães, 1999).

Existem na literatura alguns argumentos que justificam o emprego da seleção recorrente em plantas autógamas (Fouilloux e Bannerot, 1988; Ramalho, 1997; Geraldi, 1997). Um argumento bem convincente foi apresentado por Fouilloux e Bannerot (1988), citados por Ramalho (1997). "Eles consideraram o avanço das gerações utilizando o método dos descendentes de uma semente (SSD), herdabilidade do caráter igual a 100%,  $n$  locos segregando e  $Q$  o número de famílias sendo avaliadas. Contudo, o que será comentado vale para qualquer situação. Seja uma planta  $F_1$ , proveniente do cruzamento de duas linhagens. Nessa condição, nos locos segregantes a freqüência dos alelos favoráveis ( $B=p$ ) e desfavoráveis ( $b=1-p$ ) é igual a 0,5, e nas sucessivas gerações tem-se uma distribuição binomial para esses alelos. Na distribuição binomial, a média ( $m$ ) é fornecida por  $m=np$ , uma vez que  $p=1/2$ ,  $m=n/2$  e a variância ( $\sigma^2$ ) é igual a  $\sigma^2=np(1-p) = n/4$ . Quando  $n$  é grande, a distribuição binomial tende para a normal. Assim, o número de alelos favoráveis presente em uma linhagem qualquer ( $L_i$ ) pode ser predito, utilizando as propriedades da distribuição normal, isto é,  $L_i=m+z\sigma$ , uma vez que em uma distribuição normal padronizada  $z = (L_i - m)/\sigma$ . Substituindo a média e a variância nessa expressão,

tem-se  $L_i = \frac{n}{2} + z\sqrt{\frac{n}{4}}$ . A partir dessa expressão, os autores fizeram a predição do número de alelos favoráveis que a melhor linhagem irá conter, considerando diferentes números

de locos segregando pela expressão  $L_i = \frac{n}{2} + zL_Q\sqrt{\frac{n}{4}}$ , em que  $L_Q$  é referente a distribuição de máximo e corresponde ao desvio esperado do melhor indivíduo em relação à média de uma amostra de tamanho  $Q$  com distribuição normal.

Utilizando a expressão já mencionada, pode-se prever o número de alelos favoráveis na melhor linhagem ( $L_1$ ), na segunda melhor ( $L_2$ ), terceira melhor e assim por diante. Supondo que em um ciclo seletivo sejam identificadas as duas melhores linhagens, sendo que em  $L_1$  ocorre  $r_1$  alelos favoráveis e em  $L_2$ ,  $r_2$  alelos favoráveis. Na seleção recorrente, essas duas melhores linhagens são inter cruzadas para obter o ciclo seguinte podendo ocorrer então três situações:

\*0) locos homozigóticos para os alelos favoráveis nas duas linhagens. Eles não mais segregam e representam os alelos favoráveis fixados com a seleção. A frequência esperada deles é:  $a = (r_1 r_2)/n$ .

\*1) locos homozigóticos para alelos desfavoráveis nas duas linhagens. Nesse caso a fixação ocorreu em sentido contrário e não há possibilidade de se obter alelos favoráveis, para esses locos, no segundo ciclo de seleção. Sua frequência é:  $c = (n-r_1)(n-r_2)/n$ .

\*2) locos em que as duas linhagens se complementam. A frequência será  $b = r_1 + r_2 - (2r_1 r_2)/n$ , onde  $r_1 + r_2$  é a frequência dos homozigotos favoráveis e  $(2r_1 r_2)/n$  é a frequência dos homozigotos desfavoráveis.

Usando o conhecimento anterior, pode-se ter o número de alelos favoráveis nas linhagens  $L_1$  e  $L_2$  e também após o segundo ciclo seletivo, considerando o mesmo número de famílias sendo avaliadas em ambos os casos (Tabela 1). Pode-se agora estimar o número de famílias a serem avaliadas em um ciclo seletivo para se ter o mesmo resultado de dois ciclos seletivos. Na Tabela 2, são apresentados esses números considerando  $n=40$  locos segregando. Quando nos dois ciclos seletivos foram avaliadas 100 famílias de cada vez, a melhor linhagem deverá conter 32,6 alelos favoráveis. Para se ter essa mesma linhagem com um ciclo seletivo, é necessário avaliar 18.800 famílias, ou seja, um número 94 vezes superior. Conclui-se então, que dois ciclos seletivos foram muito mais eficientes que um ciclo para acumular alelos favoráveis e desta forma, a chance de sucesso do melhorista é ampliada em muito com o emprego da seleção recorrente”.

**Tabela 1** – Número de alelos favoráveis presente nas duas melhores linhagens selecionadas ( $L_1=r_1$ ,  $L_2=r_2$ ) após um ciclo seletivo e na melhor linhagem ( $L$ ) após o segundo ciclo seletivo, considerando diferentes números de locos segregando e de famílias avaliadas (Adaptado de Fouilloux e Bannerot, 1988)

Número de locos Segregando (n)	Número de famílias Avaliadas ( $Q=Q'$ ) <sup>1/2</sup>	$r_1^{2/2}$	$r_2^{2/2}$	a	b	L
20	50	15,0	14,1	10,6	8,0	17,7
	100	15,6	14,8	11,5	7,3	18,6

### 30 Métodos de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado

	200	16,1	15,4	12,4	6,7	19,3
	400	16,6	15,9	13,2	6,1	19,9
40	50	27,1	25,9	17,5	17,9	31,3
	100	27,9	26,8	18,7	17,3	32,6
	200	28,7	27,6	19,8	16,7	33,8
	400	29,4	28,4	20,9	16,1	34,8

<sup>1/</sup> Q=Q' indica que o mesmo número de famílias foi considerado nos dois ciclos.

<sup>2/</sup>  $r_1r_2$ : número de locos com alelos favoráveis na melhor e na segunda melhor linhagem, respectivamente, após o 1º ciclo seletivo

$a = (r_1 \times r_2) / n$  e  $b = r_1 + r_2 - (2r_1r_2) / n$

L: número de locos com alelos favoráveis na melhor linhagem após o segundo ciclo seletivo.

Um outro argumento é o de Ramalho (1997), que foi adaptado para ser exemplificado com a cultura do arroz. Considere uma situação em que se tenha um carácter controlado por doze genes (número básico de cromossomos da espécie), com distribuição independente e que os alelos favoráveis (letras maiúsculas) estejam distribuídos em quatro linhagens ( $L_1, L_2, L_3, L_4$ ) com as seguintes constituições genotípicas:

$L_1 = AA BB cc dd EE ff gg hh ii jj LL mm$

$L_2 = aa bb CC DD ee ff gg hh ii JJ ll mm$

$L_3 = aa bb cc dd EE FF gg hh ii jj ll mm$

$L_4 = aa bb cc dd ee ff GG HH ll jj ll MM$

**Tabela 2** – Número de indivíduos a serem avaliados em um ciclo seletivo para se obter uma linhagem com o mesmo número de alelos favoráveis de dois ciclos seletivos, considerando 40 locos segregantes e diferentes números de famílias (Q) sendo avaliadas (Fouilloux e Bannerot, 1988)

Número desejado de alelos favoráveis	Número de famílias a serem avaliadas		$Q_1/Q_2$
	Dois ciclos seletivos $Q=Q_1^{1/}$	Um ciclo seletivo $Q_1$	
31,3	50	3500	35
32,6	100	18800	94
33,8	200	116400	291
34,8	400	543200	679

<sup>1/</sup> Q=Q' indica que o mesmo número de famílias foi considerado nos dois ciclos

Se o objetivo é obter um indivíduo que possua todos os alelos favoráveis, uma das estratégias é proceder um cruzamento múltiplo. Do cruzamento entre as linhagens  $L_1 \times L_2$  é obtido o híbrido  $F_{12}$  (Aa Bb Cc Dd Ee ff gg hh ii Jj Ll mm) e das linhagens  $L_3 \times L_4$ , o híbrido  $F_{34}$  (aa bb cc dd Ee Ff Gg Hh jj ll Mm). Posteriormente será obtido o híbrido duplo  $F_{12} \times F_{34}$ , com o objetivo de se ter pelo menos um indivíduo segregando para todos os locos, ou seja, Aa Bb Cc Dd Ee Ff Gg Hh Ii Jj Ll Mm. Nessa situação, esse indivíduo é esperado na frequência de 1 em 4096, ou seja,  $(1/2)^{12}$ , e como a possibilidade de identificar esse indivíduo nessa geração é muito baixa, a seleção deverá ser postergada. Se a população for conduzida pelo método do “bulk”, na geração  $S_0$  que corresponde a  $F_2$ , para se ter pelo menos um indivíduo de genótipo  $A\_B\_C\_D\_E\_F\_G\_H\_I\_J\_L\_M\_$ , a frequência do mesmo será de  $1/4096 \times (3/4)^{12} = 1/129308$ . Na geração  $S_1$ , que corresponde a  $F_3$  a frequência do mesmo genótipo seria de  $1/4096 \times (5/8)^{12} = 1/1.150.976$ , e nas gerações  $S_2$  ( $F_4$ ) e  $S_3$  ( $F_5$ ), as frequências seriam de 1 indivíduo em 4.082.156 e 1 em 8.105.366, respectivamente. Assim, com o decorrer das gerações de autofecundação a probabilidade de ser obtida a planta desejada é praticamente nula.

O autor comenta ainda que, para aumentar a probabilidade de ser obtido o indivíduo desejado, a seleção poderia ser realizada já nas primeiras gerações, contudo, a eficiência dessa seleção é baixa (Cutrim, 1994; Silva et al., 1994; Vargas, 1996). Além do mais, com o decorrer das gerações de autofecundações sucessivas, se um alelo favorável não está presente, ele nunca irá ocorrer junto com os demais. Se forem considerados dois genes ligados, sendo um favorável e outro desfavorável, a probabilidade que ocorra recombinação entre eles em sistema de autofecundações sucessivas é muito pequena. Depreende-se, então, que é praticamente impossível acumular todos os alelos favoráveis de uma só vez, isso só pode ser realizado por etapas, através de ciclos sucessivos de seleção e recombinação, que é o princípio da seleção recorrente.

Um último argumento é o citado por Geraldi (1997), que mostra que a melhor estratégia para reunir alelos favoráveis é primeiramente aumentar a frequência destes na população para posteriormente proceder a extração de linhagens. O autor apresenta o seguinte exemplo:

Supondo um caráter controlado por 20 genes e considerando-se cinco populações diferentes quanto à frequência dos alelos, isto é:

População 1 ( $p = 0,3$ ) – população ruim

População 2 (p = 0,4)

População 3 (p = 0,5)

População 4 (p = 0,6)

População 5 (p = 0,7) – população melhorada

Admitindo que uma linhagem favorável deve ter pelo menos 80% dos alelos favoráveis (16 no caso), a probabilidade de ocorrência de tal linhagem é:

$$P(16F) = P(16F) + P(17F) + P(18F) + P(19F) + P(20F)$$

Na homozigose, tais freqüências podem ser calculadas pelo desenvolvimento da seguinte expressão:

$$[p + q]^{20} = C_{20}^{20}[p]^{20}[q]^0 + C_{20}^{19}[p]^{20-1}[q]^1 + \dots + C_{20}^{16}[p]^{20-4}[q]^4$$

Aplicando a expressão às cinco populações mencionadas anteriormente, tem-se os seguintes resultados:

P	Prob (no mínimo 16 alelos favoráveis)
0,3	0,00055% ou 1 em 180.000
0,4	0,032% ou 1 em 3.150
0,5	0,59% ou 1 em 170
0,6	5,09% ou 1 em 20
0,7	23,75% ou 1 em 5

Com p=0,3 a freqüência de linhagens favoráveis (80% dos alelos favoráveis) é de aproximadamente 1 em 180.000, de tal forma que é praticamente impossível recuperar uma linhagem do tipo favorável. Por outro lado, com p=0,5 esta freqüência é de aproximadamente 1 em 170, enquanto que para p=0,7 esta freqüência é de 1 em 5. Em outras palavras, em populações muito ruins é muito difícil de se obter linhagens com alta concentração de alelos favoráveis pelos processos clássicos de endogamia e seleção. Em tais casos, fica claro novamente a importância da seleção recorrente, ou seja, através de ciclos sucessivos de seleção e recombinação, aumentar a freqüência de alelos favoráveis na população, conforme exemplificado de forma muito simples a seguir:

Considere inicialmente os parentais P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>, onde um dos parentais (P<sub>1</sub>) contém um dos alelos favoráveis (A) e o outro parental (P<sub>2</sub>) contém o outro alelo favorável (B). Considerando que os genes segregam independentemente, tem o seguinte resultado:



P<sub>1</sub>: AAbb x P<sub>2</sub>: aaBBF<sub>1</sub>: AaBb

F <sub>2</sub> - C <sub>0</sub>	□	F <sub>□</sub>
AABB: 1/16		AABB: 1/4
AABb: 2/16		Aabb: 1/4
AAbb: 1/16		aaBB: 1/4
AaBB: 2/16		aabb: 1/4
AaBb: 4/16		
Aabb: 2/16		
aaBB: 1/16		
aaBb: 2/16		
Aabb: 1/16		

---


$$f(A) = f(B) = 0,50$$


---

Se forem selecionados e recombinados os genótipos: AABB (1/9); AABb (2/9); AaBB (2/9); AaBb (4/9), tem-se:

F <sub>2</sub> - C <sub>1</sub>	□	F <sub>□</sub>
AABB: 16/81		AABB: 0,45
AABb: 16/81		Aabb: 0,22
AaBB: 16/81		aaBB: 0,22
AaBb: 16/81		aabb: 0,11
AAbb: 4/81		
aaBB: 4/81		
Aabb: 4/81		
aaBb: 4/81		
aabb: 1/81		

---


$$f(A) = f(B) = 0,67$$


---

Fonte: Geraldi (1997).

Observa-se que a freqüência dos alelos A e B, que inicialmente era de 0,5 passou para 0,67 e, conseqüentemente, aumentou a freqüência do genótipo favorável (AABB) nas gerações avançadas, bem como diminuiu a freqüência do genótipo desfavorável

(aabb) de maneira bastante acentuada. A medida do progresso genético nesse caso é dada pela alteração na frequência dos alelos favoráveis, isto é:  $\Delta p(A) = \Delta p(B) = 0,67 - 0,5 = 0,17$ .

### **Formação da População Base**

Para Ramalho, Gonçalves e Souza Sobrinho (1999), a formação da população base é uma fase crítica, pois dela dependerá todo o sucesso futuro. A população base deve apresentar média alta para o caráter de interesse e suficiente variabilidade genética para possibilitar a seleção. No que se refere a média alta, está implícito, em se tratando de produtividade de grãos, que na sua formação devem estar presentes cultivares/linhagens adaptadas. A inclusão de material exótico, com pouca adaptação, resultará em redução da média populacional. Conforme os mesmos autores, se houver necessidade de utilização de linhagens exóticas para solução de problemas, como por exemplo, a resistência à pragas e doenças, elas deverão ser incluídas, primeiro, em programa separado de retrocruzamento, e só depois que existir um bom nível de produtividade é que os descendentes das linhagens deverão ser incluídos no intercruzamento. Paterniani e Miranda Filho (1987), citados por Morais (1992), relatam que a média da população original constitui um parâmetro digno de atenção por ocasião da seleção dos parentais. Com esse cuidado, pode-se iniciar um programa de seleção em uma população que apresenta a média em um nível tal que demandaria vários ciclos de seleção para uma população inferior atingir o mesmo nível.

A decisão sobre o número de parentais envolvidos na formação da população base é um outro questionamento importante. Ramalho, Gonçalves e Souza Sobrinho (1999) citam que se o número de parentais for muito grande, a probabilidade de encontrar todos os genitores com boa expressão para o caráter é muito pequena e mesmo que isso fosse possível, a contribuição dos alelos de cada parental seria tão pequena que a maioria seria perdida após os primeiros ciclos seletivos. Por outro lado, se o número for muito pequeno, a chance de associar a maioria dos alelos favoráveis para o caráter em questão é também pequena. Em princípio, os autores citam que 10 a 20 parentais é um número satisfatório.

Um outro ponto que surge é como intercruzar os parentais para formar a população base. Na cultura do arroz, são utilizados dois procedimentos: macho-esterilidade genética

e hibridações artificiais dirigidas em esquema de dialelos circulantes (Rangel e Neves, 1995; Moraes, Castro e Sant'ana, 1997).

O processo de sintetização da população base com o uso da macho-esterilidade genética caracteriza-se por uma série de cruzamentos manuais entre os genitores e a fonte do alelo *ms*, seguido de retrocruzamentos com os genitores, ou cruzamento dos  $F_1$ 's com os genitores de número subsequente para adiantar a recombinação. O resultado desta fase são  $F_1$ 's férteis heterozigotos (*Msms*), que necessitam de uma geração de autofecundação para restabelecer os genótipos macho-estéreis (*msms*). Esses genótipos que são de fácil identificação na floração, são essenciais para a recombinação no campo. As sementes obtidas das autofecundações devem ser misturadas para compor a nova população. O semeio destas sementes no campo permitirá a polinização cruzada das plantas macho-estéreis (*msms*) pelas férteis (*Msms* ou *MsMs*), o que caracteriza o primeiro ciclo de intercruzamento ou recombinação. Após três intercruzamentos, considera-se pronta a população base, cuja constituição final deverá ser estabelecida em função da participação percentual de cada cultivar utilizada (Fujimaki, 1979; Rangel e Neves, 1995). Uma das dúvidas que existia neste processo, é se realmente seriam necessários três intercruzamentos. Cordeiro(2001), verificando o efeito de intercruzamentos na formação da população de arroz irrigado CNA 5, concluiu que intercruzamentos da população base não mostraram ser vantajosos na condução do programa de seleção recorrente de arroz irrigado. Maiores detalhes quanto ao esquema empregado para os intercruzamentos podem ser encontrados em Cordeiro(2001) e Cordeiro et. al(2003).

Uma outra maneira de formar a população base é por meio de cruzamentos manuais, utilizando um esquema de dialelo circulante, como por exemplo, o proposto por Bearzotti (1996), citado por Ramalho (1997). Neste esquema, cada parental é sempre cruzado com outros dois, de modo que nos sucessivos intercruzamentos a contribuição de cada genitor seja a mesma. Esse procedimento de intercruzamento tem algumas vantagens: a recombinação é dirigida e assim a probabilidade de perda de alelos dos pais originais é menor; há um menor número de cruzamentos em relação ao dialelo completo ou até mesmo o parcial; facilidade de identificação dos cruzamentos, pois em cada caso, o mesmo pai é cruzado com apenas dois outros. Maiores detalhes sobre este esquema serão comentados no item de recombinação das famílias.

No melhoramento populacional do arroz irrigado, conduzido no Brasil pela Embrapa Arroz e Feijão, foram sintetizadas cinco populações, todas elas com o gene da macho-

esterilidade genética. Maiores detalhamentos sobre a formação dessas populações podem ser encontrados em Rangel, Zimmermann e Fagundes (1999) e Cordeiro (2001).

### **Avaliação e Seleção das famílias**

Na avaliação dos indivíduos ou famílias, a seleção na população base pode ser fenotípica-massal ou através de teste de famílias. A primeira opção é aconselhável quando o caráter apresenta herdabilidade alta e pode ser selecionado visualmente com eficiência. Para os caracteres com menor herdabilidade, a seleção deve ser efetuada a partir de famílias em experimentos com repetição. Em qualquer dos casos, é considerada a fase mais importante, visto que, se as melhores famílias ou indivíduos forem identificados, certamente a recombinação contribuirá para aumentar a frequência de alelos favoráveis na população (Ramalho, 1997). As famílias, na maioria dos casos, são avaliadas nas gerações  $S_{0:1}$  e/ou  $S_{0:2}$ .

Com relação ao número de famílias a serem avaliadas, Ferreira (1998), trabalhando com diferentes populações de feijoeiro concluiu que devem ser usadas, no mínimo, 100 famílias para representar a variabilidade das populações. Fouilloux e Bannerot (1988) recomendam de 50 a 200 famílias por população para o feijoeiro, enquanto Cooper (1988) utilizou somente 30 famílias por população em um programa de melhoramento de soja nos Estados Unidos. Ramalho (1997) sugere avaliar 20 famílias de feijoeiro, por cruzamento, em um esquema de dialelo circulante com 20 parentais, o que corresponde a avaliação de 400 famílias por ciclo de seleção. Geraldi e Souza Júnior (2000), estudando amostragem genética para programas de seleção recorrente com arroz que utilizam a macho-esterilidade genética, concluíram que o tamanho ideal da amostra para preservar as propriedades genéticas de uma população, correspondeu a um tamanho efetivo mínimo ( $N_e$ ) de 200. Esse tamanho efetivo corresponde a 200 plantas aleatórias ou 200 famílias  $S_1$ . Na cultura do milho, Pinto, Lima Neto e Souza Júnior (2000) relatam que 200 progênies  $S_1$  seria o tamanho adequado para avaliação em programas de seleção recorrente.

No melhoramento genético do arroz irrigado, tem-se empregado o método da seleção recorrente em famílias  $S_{0:2}$ , onde são avaliadas entre 200 a 300 famílias, a cada ciclo de recombinação (Rangel e Neves, 1995; Rangel e Neves, 1997).

Os passos deste método, utilizados pela Embrapa Arroz e Feijão, conforme Rangel e Neves (1997), são:

- ➔ Ano 1 (safra) – Obtenção das famílias. As populações originais ( $S_0$ ) segregando 50% de plantas macho-férteis (Msms) para 50% de plantas macho-estéreis (msms), são semeadas para a seleção de plantas  $S_{0.1}$  macho-férteis. São colhidas cerca de 250 plantas por população.
- ➔ Ano 1 (entressafra) – Multiplicação das famílias. Parte das sementes  $S_{0.1}$  são armazenadas e parte são semeadas 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 às 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 ( $Ms_{-}$ ) para 25% de plantas macho-estéreis (msms).
- ➔ Ano 2 (safra) – Avaliação das famílias  $S_{0.2}$ . As 200 famílias  $S_{0.2}$  são avaliadas em ensaios com delineamento experimental de Blocos Aumentados de Federer. As parcelas são constituídas de três linhas de cinco metros de comprimento. A seleção das famílias superiores é feita baseando-se na produtividade média, resistência às doenças e tipo de grão. A intensidade de seleção utilizada é de 25% garantindo um tamanho efetivo de  $Ne=50$ . Os ensaios são conduzidos dentro de sistema em rede formado por várias instituições em todo o país. Das famílias superiores selecionadas com base na média dos vários locais, são misturadas sementes remanescentes  $S_{0.1}$  em quantidades iguais para a próxima etapa que é a recombinação. As famílias  $S_{0.2}$  selecionadas em cada local são utilizadas para extração de linhagens para aquele local específico, por meio dos métodos convencionais de melhoramento de autógamias. Maiores detalhes sobre o esquema de extração de linhagens são encontrados em Rangel e Neves (1995).

### **Recombinação das Famílias Superiores**

A terceira etapa ocorre com a recombinação das famílias selecionadas formando uma nova população, a partir da qual pode-se iniciar outro ciclo para posterior recombinação e assim por diante.

Nesta fase, o uso de um número adequado de indivíduos que irão formar a população melhorada é de grande importância no melhoramento populacional para evitar a diminuição da variabilidade genética. Assim, o melhorista deve levar em consideração não só a seleção de indivíduos superiores baseando-se nos objetivos do seu programa, como também, deve evitar a perda de alelos que contribuem positivamente para um melhor comportamento geral da população. Para a seleção de uma determinada característica, deve-se utilizar uma amostra da população cujo tamanho efetivo seja suficientemente grande para garantir os progressos na direção que se deseja, como também para assegurar a presença de alelos favoráveis para todas as demais características de interesse (Rangel, Zimmermann e Fagundes, 1999). Por outro lado, Ramalho (comunicação pessoal) questiona se em plantas autógamas, tamanho efetivo é realmente muito importante, já que pela dinâmica do processo de seleção recorrente é possível fazer introgressões de novos alelos sempre que for necessário aumentar a variabilidade genética da população trabalhada.

A fórmula básica, que se pode utilizar para se determinar o tamanho efetivo, em qualquer caso de organismos bissexuais, quando a autofecundação também pode ocorrer, de acordo com Morais (1997) é a seguinte:

$$N_e = N/2r_{ii}$$

em que,

$N_e$  – é o tamanho efetivo;

$N$  – é o número de indivíduos que serão recombinados;

$r_{ii}$  – é o coeficiente de parentesco do indivíduo com ele mesmo.

Considerando  $N$  plantas  $S_0$  ( $S_{0:0}$ ), famílias  $S_1$  ( $S_{0:1}$ ) ou generalizando,  $S_{0:m}$ , como unidades de recombinação, o tamanho efetivo da população melhorada será:  $N_e = N/2(1/2) = N$ .

Pereira (1980), considerando um modelo genético aditivo, concluiu que o tamanho efetivo necessário para garantir êxito em um processo seletivo depende da estrutura da

população, porém o seu valor mínimo deve ser, aproximadamente, 40 para populações de base genética ampla, 25 para populações melhoradas, 50 para populações pouco melhoradas. Hallauer e Miranda Filho (1981), citados por Morais (1997), sugerem utilizar, no mínimo, 20 a 30 famílias nas recombinações. Em esquema de dialelo circulante com 20 parentais, Ramalho (1997) sugere utilizar na recombinação, a melhor família por população avaliada, que neste caso, constituem 20 famílias. Para o arroz, Morais (1997) recomenda para programas de seleção recorrente com o uso da macho-esterilidade genética, um tamanho efetivo nunca inferior a 50. Neste sentido, Rangel, Zimmermann e Fagundes (1999) relatam que no programa de melhoramento populacional conduzido pela Embrapa Arroz e Feijão tem-se utilizado na formação da população melhorada, no mínimo 50 famílias  $S_{0:1}$ , cuja recombinação no campo é feita da maneira como segue:

Ano 2 (entressafra) – A recombinação das famílias selecionadas é feita utilizando-se 2.400 plantas oriundas das sementes remanescentes  $S_{0:1}$  que são misturadas e semeadas em lote isolado. Para que se tenha 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 se tenha uma boa recombinação. Assim, ao se recombinar famílias  $S_{0:1}$ , tem-se uma proporção de três plantas macho-férteis para uma macho-estéril, o que fornece no campo uma boa frequência de plantas estéreis. A recombinação das famílias em gerações de autofecundação mais avançada, por exemplo  $S_{0:2}$ , acarretará em uma redução da frequência de plantas macho-estéreis, implicando no aumento do número de plantas da população para que a recombinação não seja prejudicada. Além do mais, na geração  $S_{0:2}$ , o tamanho efetivo é menor, uma vez que na  $S_{0:1}$ , existe uma maior variabilidade em decorrência de um maior número de plantas geneticamente diferentes, e assim, com maior tamanho efetivo populacional.

No ano 3 (safra) é iniciado novo ciclo de seleção que é conduzido da mesma forma que o descrito anteriormente. Desta forma, cada ciclo de seleção é completado em dois anos.

Rangel, Zimmermann e Neves (1999) comentam ainda que, se durante os sucessivos ciclos de seleção recorrente for detectado a necessidade de serem feitas

novas introgressões de alelos nas populações, para as características objeto de seleção, essas poderão ser feitas durante o processo de recombinação. Para avaliar as conseqüências destas introgressões sobre as características em seleção, cada nova fonte de alelos será cruzada com uma amostra de indivíduos da população. As famílias de meio-irmãos, resultantes destes cruzamentos, serão avaliadas juntamente com as famílias  $S_{0.2}$  nos ensaios regionais. Com isto, será possível avaliar a capacidade geral de combinação (CGC) destes indivíduos que poderão participar da população. Se a CGC for significativa no sentido desejado, então, a nova fonte de variabilidade apresenta divergência genética em relação a população e pode contribuir com alelos favoráveis para o melhor desempenho desta. Na recombinação seguinte, os novos alelos seriam então, definitivamente incorporados na população.

No caso da recombinação ser realizada sem o uso da macho-esterilidade genética, uma das opções relatadas na literatura como já comentado anteriormente é a proposta de Bearzotti (1996), citado por Ramalho (1997).

Suponha que estejam envolvidos 20 genitores, que serão cruzados segundo um esquema de dialelo circulante, em que cada um deles é cruzado com dois outros. Esses cruzamentos são escolhidos de modo que nos sucessivos intercruzamentos a contribuição de cada genitor seja a mesma. Nesse caso, só após a quarta geração, é que duas famílias aparentadas voltam a ser cruzadas (ver esquema). Em cada intercruzamento, são obtidas 20 populações híbridas. De cada uma delas são obtidas separadamente as sementes das gerações  $F_1$  e  $F_2$  ( $S_0$ ) e geradas, por exemplo, 23 famílias  $F_{2.3}$  de cada população para serem avaliadas em experimentos com repetição. Nesses experimentos são incluídas as 23 famílias e mais duas testemunhas, podendo-se adotar o delineamento de látice 5x5. A melhor família, em cada um dos 20 experimentos, é utilizada na recombinação para a obtenção do ciclo seguinte. Nesse caso, a recombinação é novamente efetuada utilizando-se um dialelo circulante em que cada família é cruzada com duas outras, seguindo o esquema proposto.

É importante salientar que a cada ciclo seletivo o processo de seleção das famílias é continuado, avaliando-se as gerações seguintes ( $F_4$ ,  $F_5$ ), utilizando os métodos convencionais de condução de populações segregantes. Desse modo, a cada ciclo seletivo, novas e melhores linhagens são disponibilizadas para avaliação e recomendação aos produtores. Salienta-se, ainda, que se uma determinada combinação não produziu famílias com bom desempenho, os dois genitores ou apenas um deles, pode ser substituído por uma outra linhagem recém obtida (ou introduzida) de interesse. De modo



#### 41 Métodos de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado

análoga, se no processo de avaliação das famílias até a homozigose se destacar alguma não envolvida na recombinação, essa poderá ser incluída na recombinação seguinte e com isto o processo de melhoramento torna-se muito dinâmico.

Esquema de cruzamento em dialelo circulante utilizado na recombinação em cada ciclo

Ciclo 0						
1 x 6	4 x 9	7 x 12	10 x 15	13 x 18	16 x 1	19 x 4
2 x 7	5 x 10	8 x 13	11 x 16	14 x 19	17 x 2	20 x 5
3 x 8	6 x 11	9 x 14	12 x 17	15 x 20	18 x 3	
Ciclo 1						
(1, 6) x (9, 14)	(5, 10) x (13, 18)	(9, 14) x (17, 2)	(13, 18) x (1, 6)	(5, 10) x (17, 2)		
(2, 7) x (10, 15)	(6, 11) x (14, 19)	(10, 15) x (18, 3)	(14, 19) x (2, 7)	(6, 11) x (18, 3)		
(3, 8) x (11, 16)	(7, 12) x (15, 20)	(11, 16) x (19, 4)	(15, 20) x (3, 8)	(7, 12) x (19, 4)		
(4, 9) x (12, 17)	(8, 13) x (16, 1)	(12, 17) x (20, 5)	(16, 1) x (4, 9)	(8, 13) x (20, 5)		
Ciclo 2						
(1, 6, 9, 14) x (5, 10, 13, 18)		(12, 17, 20, 5) x (16, 1, 4, 9)		(7, 12, 15, 20) x (11, 16, 19, 4)		
(2, 7, 10, 15) x (6, 11, 14, 19)		(5, 10, 17, 2) x (1, 6, 9, 14)		(8, 13, 15, 1) x (12, 17, 20, 5)		
(3, 8, 11, 16) x (7, 12, 15, 20)		(6, 11, 18, 3) x (2, 7, 10, 15)		(13, 18, 1, 6) x (5, 10, 17, 2)		
(4, 9, 12, 17) x (8, 13, 16, 1)		(7, 12, 19, 4) x (3, 8, 11, 16)		(14, 19, 2, 7) x (6, 11, 18, 3)		
(9, 14, 17, 2) x (13, 18, 1, 6)		(4, 9, 12, 17) x (8, 13, 20, 5)		(15, 20, 3, 8) x (7, 12, 19, 4)		
(10, 15, 18, 3) x (14, 19, 2, 7)		(5, 10, 13, 18) x (9, 14, 17, 2)		(16, 1, 4, 9) x (8, 13, 20, 5)		
(11, 16, 19, 4) x (15, 20, 3, 8)		(6, 11, 14, 19) x (10, 15, 18, 3)				
Ciclo 3						
(1, 6, 9, 14, 5, 10, 13, 18) x (11, 16, 19, 4, 15, 20, 3, 8)		(5, 10, 13, 18, 9, 14, 17, 2) x (7, 12, 15, 20, 11, 16, 19, 4)				
(1, 6, 9, 14, 5, 10, 13, 18) x (7, 12, 19, 4, 3, 8, 11, 16)		(5, 10, 17, 2, 1, 6, 9, 14) x (15, 20, 3, 8, 7, 12, 19, 4)				
(11, 16, 19, 4, 15, 20, 3, 8) x (9, 14, 17, 2, 13, 18, 1, 6)		(7, 12, 15, 20, 11, 16, 19, 4) x (13, 18, 1, 6, 5, 10, 17, 2)				
(7, 12, 19, 4, 3, 8, 11, 16) x (9, 14, 17, 2, 13, 18, 1, 6)		(13, 18, 1, 6, 5, 10, 17, 2) x (15, 20, 3, 8, 7, 12, 19, 4)				
(2, 7, 10, 15, 6, 11, 14, 19) x (4, 9, 12, 17, 8, 13, 16, 1)		(6, 11, 18, 3, 2, 7, 10, 15) x (4, 9, 12, 17, 8, 13, 20, 5)				
(2, 7, 10, 15, 6, 11, 14, 19) x (12, 17, 20, 5, 16, 1, 4, 9)		(14, 19, 2, 7, 5, 11, 18, 3) x (8, 13, 16, 1, 12, 17, 20, 5)				
(4, 9, 12, 17, 8, 13, 16, 1) x (10, 15, 18, 3, 14, 19, 2, 7)		(4, 9, 12, 17, 8, 13, 20, 5) x (6, 11, 14, 19, 10, 15, 18, 3)				
(12, 17, 20, 5, 16, 1, 4, 9) x (10, 15, 18, 3, 14, 19, 2, 7)		(6, 11, 14, 19, 10, 15, 18, 3) x (8, 13, 16, 1, 12, 17, 20, 5)				
(3, 8, 11, 16, 7, 12, 15, 20) x (5, 10, 17, 2, 1, 6, 9, 14)		(14, 19, 2, 7, 6, 11, 18, 3) x (16, 1, 4, 9, 8, 13, 20, 5)				
(3, 8, 11, 16, 7, 12, 15, 20) x (5, 10, 13, 18, 9, 14, 17, 2)		(6, 11, 18, 3, 2, 7, 10, 15) x (16, 1, 4, 9, 8, 13, 20, 5)				

Fonte: Ramalho, Gonçalves e Souza Sobrinho (1999)

## 6-ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS

Uma população adequada para determinado programa de melhoramento deve apresentar, em relação às características de interesse, média alta e ampla variabilidade genética. Assim, estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são informações úteis que ajudam os melhoristas na tomada de decisão.

A variabilidade genética em gerações segregantes de espécies autógamas segue um modelo preciso com o decorrer das gerações de endogamia, e esta variabilidade genética é função do coeficiente de endogamia da geração. Souza Júnior (1989) faz a

decomposição da variância genética total ( $\hat{\sigma}_G^2$ ) em função do coeficiente de endogamia (F), ou seja:

$$\sigma_G^2 = (1 + F)\sigma_A^2 + (1 - F)\sigma_D^2 + 4FD_1 + FD_2 + F(1 - F)\check{H}$$

Em que,

$\sigma_A^2$ : variância genética aditiva, associada aos efeitos médios dos genes;

$\sigma_D^2$ : variância genética devido aos efeitos de dominância, isto é, associada aos efeitos de interação intra-alélicas;

$D_1$ : covariância genética entre os efeitos médios dos genes e os efeitos de dominância dos homozigotos;

$D_2$ : variância genética associada aos efeitos de dominância dos homozigotos;

H: quadrado da depressão por endogamia.

Assim, para  $F=0$ ,  $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$  e para  $F=1$ ,  $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$ . Segundo o mesmo autor, este é um modelo geral. Para situações em que a variabilidade é gerada a partir de cruzamentos entre apenas duas linhagens sendo a freqüência dos alelos segregantes igual a 0,5, tem-se que,  $D_1 = D_2 = 0$ , e  $\check{H} = \sigma_D^2$ , e a variância genética é reduzida a:

$$\sigma_G^2 = (1 - F)\sigma_A^2 + (1 - F^2)\sigma_D^2$$

sendo que,

para  $F=0$ :  $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$

e para  $F=1$ :  $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2$

Quando a freqüência alélica for diferente de 0,5,  $D_1$  e  $D_2$  serão diferentes de zero, que é o que ocorre no caso da seleção recorrente, onde são envolvidos vários genitores. Os coeficientes dos componentes da variância genética aproveitáveis na seleção ( $\hat{\sigma}_A^2$ ,  $D_1$  e  $D_2$ ) aumentam com o aumento da endogamia da população segregante, e é, máxima quando a endogamia completa é atingida. Como  $D_1$  é uma covariância, ela pode ser negativa e, nesse caso, é preciso ponderar a vantagem advinda do aumento do número de gerações de autofecundação para o aumento de  $\hat{\sigma}_A^2$ , com o decorrente aumento,

também, no coeficiente de  $D_1$ . Entretanto, são poucas as estimativas de  $D_1$  disponíveis para que a decisão possa ser melhor tomada (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

A Tabela 5 apresenta os coeficientes dos componentes da variância genética total para diferentes gerações de endogamia, via autofecundações sucessivas (Souza Júnior, 1989).

**Tabela 5** – Coeficientes dos componentes da variância genética total para diferentes gerações de endogamia (F).

Geração	F	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	$D_1$	$D_2$	H
S						
S <sub>0</sub>	0	1,00	1,00	0,00	0,00	0,00
S <sub>1</sub>	1/2	1,50	0,50	2,00	0,50	0,25
S <sub>2</sub>	3/4	1,75	0,25	3,00	0,75	0,19
S <sub>3</sub>	7/8	1,88	0,13	3,50	0,88	0,11
S <sub>4</sub>	15/16	1,94	0,06	3,75	0,94	0,06
S <sub>5</sub>	31/32	1,97	0,03	3,88	0,97	0,03
S <sub>6</sub>	63/64	1,98	0,02	3,98	0,98	0,02
.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.
S <sup>∞</sup>	1	2,00	0,00	4,00	1,00	0,00

A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que ela reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo. Pode ser expressa no sentido amplo ( $h_a^2$ ), e no sentido restrito ( $h_r^2$ ), sendo que a primeira tem como numerador a variância genética total e a segunda, apenas a variância aditiva. Desta forma, a herdabilidade no sentido restrito reflete a proporção da variação total presente que é herdável. Ela é importante para a predição do ganho esperado com a seleção. Se a seleção for entre as médias de famílias, a estimativa de  $h^2$  deve ser ao nível de médias, contudo, se for realizada uma seleção dentro das famílias, isto é, uma seleção massal, utiliza-se herdabilidade ao nível de indivíduos (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Badan (1999) ressalta que é usual existir uma associação entre os valores de alta herdabilidade com a expressão de caracteres controlados por poucos genes e a de baixa herdabilidade com a expressão de caracteres controlados por muitos genes, por isso os caracteres variam imensamente quanto a herdabilidade. Um caráter com alta herdabilidade deve ser selecionado na fase inicial dos avanços de geração..

A seleção só pode atuar efetivamente se recair sobre diferenças herdáveis, uma vez que não cria variabilidade, atuando apenas sobre as existentes. O coeficiente de variação genética (CVg) representa a razão, expressa em porcentagem, entre o desvio padrão genético e a média da população. Indica a quantidade de variabilidade genética entre famílias em relação às médias populacionais respectivas. Em milho, para as condições brasileiras, diversos autores consideram valores para este coeficiente acima de 7%, como um bom indicador do potencial genético das populações (Rodriguez, 1995).

Existem várias metodologias que podem ser utilizadas na estimativa dos parâmetros genéticos. Uma das mais utilizadas, são os cruzamentos dialélicos (Lopes, 1984). Pode-se utilizar também de delineamentos especiais como os propostos por Comstock e Robinson (1952), citados por Santos (1996), que permitem estimar a variância genética e os seus componentes. É comum ainda aproveitar os experimentos de melhoramento onde as famílias de diferentes gerações são avaliadas (Morais, 1992). No caso da cultura do arroz, estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos ainda são incipientes se comparados a outras espécies, principalmente, com a do milho, mas, mesmo assim, já existem resultados que permitem fazer algumas inferências (Santos, 1996).

Poucos são os trabalhos feitos no Brasil usando cruzamentos dialélicos na cultura do arroz, podendo-se citar Lopes (1984) que estudou a natureza e a magnitude dos parâmetros genéticos dos componentes de rendimento de grãos de arroz, em dois ambientes (seco e úmido). A análise dialélica mostrou que a variância genética das características, número de panículas por planta, número de espiguetas por panícula, porcentagem de grãos cheios e peso de 1000 grãos foi devida aos efeitos aditivos e de dominância. Entretanto, a componente aditiva foi maior que a componente de dominância, sugerindo que a média de cada cultivar é uma boa indicação do seu potencial, como parental, num programa de melhoramento.

Avaliando o potencial de uma população de arroz irrigado, utilizando as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, onde foram obtidas as estimativas de  $\sigma_A^2$ ,  $\sigma_D^2$ ,  $D_1$ ,  $D_2$  e  $\check{H}$ , Morais (1992) observou que para produção de grãos e número de panículas por planta, a variância devido a dominância mostrou-se, juntamente com a variância aditiva, importante como componente da variância genética. Quanto as demais características (altura da planta, comprimento da panícula e peso de 100 grãos), a variância genética observada era explicada pelo modelo contendo apenas a variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ).

Os coeficientes de herdabilidade podem variar conforme a população, a característica estudada, o método de estimação, a diversidade na população, o nível de endogamia da população, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes considerados, precisão na condução experimental, entre outros (Badan, 1999). Na Tabela 6, são apresentadas algumas estimativas de  $h^2$  para alguns caracteres da cultura do arroz. Analisando as estimativas de herdabilidade para produtividade de grãos, observa-se que há variação, onde são encontrados valores altos, mesmo sendo um caráter controlado por vários genes, o que indica a possibilidade de sucesso com a seleção. Para o caráter altura das plantas, as estimativas de  $h^2$  também foram altas e para os demais caracteres os valores variaram de médio a alto, indicando também possibilidade de sucesso com a seleção.

Vários estudos com populações de arroz irrigado foram conduzidos com o objetivo de avaliar o potencial genético delas para fins de melhoramento. O primeiro estudo desta natureza foi conduzido por Morais (1992) na população CNA-IRAT 4/0/3, onde foram obtidos ganhos de 7,24% por ciclo de seleção recorrente, para produtividade de grãos. Através das estimativas de outros parâmetros (herdabilidade, coeficiente de variação genética e índice de variação), o autor concluiu que a população possui potencial genético para fins de melhoramento, desde que manejada adequadamente.

Posteriormente, Rangel, Zimmermann e Neves (1998) avaliaram 162 famílias  $S_{0.2}$ , precoces e de ciclo médio, extraídas respectivamente, das populações CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4 ME. As estimativas dos coeficientes de variação genética, para produtividade de grãos (10,40 a 10,90%) floração (2,50 a 2,92%), brusone na panícula (9,07 a 12,01%) e mancha parda (6,28 a 9,59%) e herdabilidade para produtividade de grãos (51,9 a 54,8%) evidenciaram a presença de suficiente variabilidade genética e a possibilidade de serem obtidos ganhos expressivos. As respostas à seleção, para a característica produtividade de grãos, foi de 4,9% e 6,0% nas populações precoce e de ciclo médio, respectivamente.

Rodriguez, Rangel e Morais (1998) avaliaram o potencial da população CNA 1 para fins de melhoramento, por meio das estimativas de seus parâmetros genéticos e das respostas diretas e indiretas à seleção, como também pelo índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). As características produtividade de grãos (20,50%), brusone na folha (11,71%), altura de plantas (13,20%), número de espiguetas por panícula (11,09%) e percentagem de grãos cheios (9,33%), mostraram alta variabilidade, evidenciada pelas estimativas dos coeficientes de variação genética. Os ganhos por seleção direta ou pelo

índice clássico quanto à produtividade de grãos foram de mesma magnitude, cerca de 24%, dando um ganho por ciclo de seleção de 12%. Entretanto, segundo os autores, na seleção baseada no índice obteve-se resposta favorável em relação à brusone na folha, evidenciando a possibilidade de se aumentar simultaneamente a produtividade e a resistência a esta doença, na população melhorada.

**Tabela 6** – Estimativas de herdabilidade (%) para alguns caracteres da cultura do arroz, obtidas por diferentes métodos e populações

Método Utilizado	Característica						Fonte
	PROD	AP	NDF	P100	NPP	NEP	
Dialelo ( $h_r^2$ )	-	-	-	-	41,54 a 60,26	61,18 a 66,56	Lopes (1984)
Famílias de MI ( $h_r^2$ )	27,85	70,28	-	64,53	17,25	-	Morais (1992)
Famílias de S <sub>1</sub> ( $h_r^2$ )	68,73	95,10	-	95,52	47,30	-	Morais (1992)
Componente de Variância ( $h_a^2$ )	51,9 a 54,8	-	48,93 a 59,31	-	-	-	Rangel, Zimmermann e Neves (1995)
Dialelo circulante	24,0	62,9	-	54,9	44,3	-	Morais, Castro e Sant'ana (1995)
Componente de Variância ( $h_r^2$ )	69,0 a 85,0	-	-	-	-	-	Vieira (1996)
Componente de Variância ( $h_a^2$ )	54,9	91,2	-	-	-	-	Mehltre et al. (1996)
Componente de Variância ( $h_a^2$ )	85,2	95,6	62,2	31,3	-	49,3	Rodriguez, Rangel e Morais (1998)
Componente de Variância ( $h_a^2$ )	51,9 a 54,8	-	-	-	-	-	Rangel, Zimmermann e Neves (1998)
Componente de Variância ( $h_a^2$ )	-	88,0	95,0	87,2	-	-	Almeida, Pereira e Gomes (1998)
Componente de Variância ( $h_a^2$ )	59,54 a 63,77	81,41 a 82,48	70,35 a 82,15	69,29 a 73,67	-	-	Badan (1999)
Componente de Variância ( $h_a^2$ )	40,3 a 59,4	70,6	65,5 a 69,0	-	-	-	Santos (1996)

PROD – produtividade de grãos; AP – altura das plantas; NDF – número de dias para o florescimento; P100 – peso de 100 grãos. NPP – nº de panículas por planta; NEP – nº de espiguetas por panícula.

## 7. INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTE

Para um caráter qualquer, o fenótipo (F) a ser obtido é função do genótipo (G), do ambiente (A) e da interação genótipos por ambientes (GA). Esse último componente ocorre, porque o desenvolvimento dos genótipos não é consistente nos vários ambientes, isto é, reflete as diferentes sensibilidades às mudanças do ambiente. Desta maneira, a interação genótipos por ambientes pode ser entendida como a resposta diferenciada de genótipos em um determinado ambiente que pode não ser coincidente em outros (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Estas interações, quando presentes em experimentos de rendimento, são um desafio para os melhoristas de plantas, causando redução no progresso com a seleção (Falconer, 1987; Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Cruz e Regazzi, 1997). Por outro lado, o termo ambiente é designado como um termo geral que envolve uma série de condições sob as quais as plantas são cultivadas como, locais, anos, gerações segregantes, épocas de plantio, sistemas de plantio, nível de fertilizantes e densidade de plantas (Santos, 2000).

As variações ambientais que contribuem para a interação com os genótipos, segundo Allard e Bradshaw (1964) e Fehr (1987), são classificadas em dois tipos: previsíveis e imprevisíveis. As variáveis previsíveis são aquelas que ocorrem de uma maneira sistemática, como características gerais de clima e solo e aquelas que podem ser influenciadas pelo homem como data de plantio, densidade de semeadura, métodos de colheita, doses e fórmulas de adubação e outras práticas agrônômicas. As variáveis imprevisíveis são aquelas que flutuam inconsistentemente tais como, precipitação pluvial, temperatura e umidade relativa.

Para a detecção da interação genótipos por ambientes é preciso que diferentes genótipos sejam avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes, pois a avaliação em apenas um ambiente não permite que o componente da interação seja isolado, ocasionando estimativas da variância genética superestimada. Isto pode trazer algumas implicações relevantes ao programa de melhoramento, uma vez que parâmetros genéticos importantes, como a herdabilidade, podem também ser superestimados e, em consequência, comprometer o ganho esperado, o qual é diretamente proporcional à herdabilidade.

O comportamento relativo dos genótipos entre os ambientes é que determina a importância da interação. Ramalho, Santos e Zimmermann (1993) descrevem três situações que podem ocorrer quando duas cultivares, que diferem geneticamente quanto à produtividade de grãos, forem avaliadas em dois ambientes: a) as cultivares apresentam comportamentos concordantes nos dois ambientes, não existindo interação. Nesse caso, é possível recomendar a cultivar superior para os dois ambientes; b) quando o comportamento das cultivares não é semelhante nos dois ambientes e uma delas responde mais acentuadamente à melhoria do ambiente do que a outra, neste caso, existe interação genótipos por ambientes, entretanto ela não ocasiona maiores problemas, porque a classificação das cultivares não é alterada nos diferentes ambientes. Por essa razão é denominada de interação simples, e, c) quando o comportamento dos genótipos é inverso nos dois ambientes, a interação genótipos por ambientes está presente e é denominada de complexa; neste caso, o trabalho do melhorista é bastante dificultado pois a recomendação da cultivar só pode ser feita para um ambiente específico.

A maioria dos estudos que comprova a ocorrência de interação na cultura do arroz foram realizados com ênfase na identificação de materiais mais estáveis a partir de ensaios de linhagens e cultivares, podendo ser citados os trabalhos de Rangel (1979), Soares (1987), Soares (1992) e Atroch (1999), Soares et. al (2007). Outros estudos realizados por Rangel (1990), Soares (1993), Santos (1996) e Santos (2000) envolveram não só cultivares/linhagens, mas também populações segregantes.

Do exposto, torna-se necessário que estudos envolvendo locais, gerações de avaliações e anos sejam realizados com o intuito de estudar os efeitos da interação genótipos x ambientes com vistas a melhorar a eficiência do processo seletivo.

## 8- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABBUD, N.S. **O emprego do método SSD em três populações segregantes de arroz (*Oryza sativa* L.)**. Piracicaba: ESALQ, 1981. 54p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).



ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras: UFLA, 1997. 79p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

ALLARD, R.W. Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plants and their wild progenitors. **Journal of Heredity**, Baltimore, v.79, n.4, p. 225-238, July/Aug. 1988.

ALLARD, R.W. **Princípio do melhoramento genético das plantas.** São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.

ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implication of genotype – environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.4, n.5, p.503-507, Sept./Oct. 1964.

ALMEIDA, J.A.; PEREIRA, J.A.; GOMES, R.L.F. Análise genética de famílias S<sub>0:2</sub> de arroz irrigado. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.21, n.3, p.209, dez. 1998.

ALMEIDA, L.A. de; KIIHL, R.A. de S.; ABDELNOOR, R.V. Melhoramento da soja. In: ABREU, A. de F.B.; GONÇALVES, F.M.A.; MARQUES JR., O.G.; RIBEIRO, R.H.E. (ed.). SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA/GEN, 1997. p.11-55.

ATROCH, A.L. **Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz de sequeiro avaliadas em Minas Gerais no período de 1993/94 a 1995/96.** Lavras: UFLA, 1999. 67p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

BADAN, A.C.C. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de arroz de sequeiro e implicações para o melhoramento.** Piracicaba: ESALQ, 1999. 51p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

BAEZINGER, P.S.; PETERSON, C.J. Genetic variation: Its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T.; MURPHY, J.P. **Plant breeding in the 1990's:** proceedings of the symposium on plant breeding in the 1990's. Raleigh: C.A.B. International, 1991. Cap.4, p.69-92.

BAJAJ, R.K.; BAINS, K.S.; CHAHAL, G.S.; KHBHRA, A.S. Effect of intermating and selection in barley. **Crop Improv.**, Ludhiana, v.17, n.1, p.54-58, 1990.

BARBIN, D. **Componentes de variância**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Departamento de Matemática, 1993. 108p.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 1997. 547p.

BRESEGHELLO, F. **Ganhos para produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil**. Goiânia: UFG, 1995. 93p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.3, p.399-407, mar. 1999.

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P. de; RANGEL, P.H.N. A new method to estimate genetic gain in annual crops. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.21, n.4, p.551-555, Dec. 1998.

BRIM, A.C.; BURTON, I.W. Recurrent selection in soybeans. II. Selection for increased percent protein in seeds. **Crop Science**, Madison, v.19, n.4, p.494-498, Jul./Aug. 1979.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas**. Lavras: UFLA/FAEPE, 1999. 432p.

CARMONA, P.S.; TERRES, A.L.; SCHIOCCHET, M. Avaliação crítica dos projetos do PNP-Arroz na área de melhoramento genético, no período de 1980 a 1990, Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 4., 1990, Goiânia. **A pesquisa de arroz nos anos 80: avaliação crítica dos principais resultados**. Goiânia, EMBRAPA-CNPAP, 1994. p.269-285. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 40).

CASTRO, E.M. de; BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Melhoramento do arroz. In: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p.95-130.

CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Genealogia del Arroz. **Arroz en las Américas**. Cali, v.15, n.1, p.13, ago. 1994.

CHANDRARATNA, M.F. **Genetics and breeding of rice**. London: Butler; Tanner, 1964. 379p.

CHATEL, M.; GUIMARÃES, E.P. **Selección recurrent com androesterilidad em arroz.** Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1995. 70p. (Publicación CIAT nº 246).

COOPER, R.L. Melhoramento por rendimento em soya: prueba de genraccion temprana y adaptacion especifica a ambietnes de alto rendimento versus ambientes de bajo rendimento. In: **Temas actuales em mejoramiento genético del frijol comum.** Memórias del Taller International de mejoramiento genetico de frijol. Centro Cali: Internacional de Agricultura Tropical, 1988. p.301-323.

CORTE, H.R. **Comportamento de populações segregantes de feijão, avançadas pelo método do “bulk”, por dezessete gerações.** Lavras: UFLA, 1999. 95p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CUEVAS PÉREZ, F.E.; GUIMARÃES, E.P.; BERRÍO, L.E.; GONZÁLEZ, D.I. Genetic base of irrigated rice in Latin America and Caribbean, 1971 to 1979. **Crop. Science**, Madison, v.32, n.4, p.1054-1059, Jul./Aug. 1992.

CUTRIM, V. dos A.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, A.M. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.6, p.601-606, Jun. 1997.

CUTRIM, V.A. **Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos (*Oryza sativa* L.) irrigado.** Lavras: ESAL, 1994. 92p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).

DE KOEYER, D.L.; PHILLIPS, R.L.; STUTHMAN, D.D. Changes in genetic diversity during seven cycles of recurrent selection for grain yield in oat, *Avena sativa*, L. **Plant Breeding**, v.118, n.1, p.37-43, Mar. 1999.

DE KOEYER, D.L.; STUTHMAN, D.D.; FULCHER, R.G.; POMERANKE, G.J. Effects of recurrent selection for grain yield on oat kernel morohology. **Crop Science**, Madison, v. 33, n.5, p.924-928, 1993.

DILDAY, R.H. Contribution of ancestral lines in the development of new cultivars of rice. **Crop Science**, Madison, v.30, n.4, p.905-911, Jul./Aug. 1990.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**: Theory and technique. New York: MacMillan, 1987. 525p.

FERREIRA, M.E.; PENTEADO, M.I. de O.; BRONDANI, C.; BELÓ, A.; FERREIRA, M.A.; RANGEL, P.H.N. Caracterización y uso de Marcadores RAPD y Microsatélites (SSR) em el Monitoreo del Programa de Mejoramiento Poblacional em Arroz. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Avances em el mejoramiento poblacional em arroz**. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA-Arroz e Feijão, 2000. p.38-62.

FERREIRA, W.D. **Implicação do número de famílias no processo seletivo na cultura do feijoeiro**. Lavras: UFLA, 1998. 66p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

FORNASIERI FILHO, D.; FORNASIERI, J.L. **Manual da cultura do arroz**. Jaboticabal: FUNEP, 1993. 221p.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (ed.). **Genetic resources of Phaseolus bean**. Dordrecht: Klumer Academic Publishers, 1988. 611p.

FUJIMAKI, H. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. **JARQ**, Tsukuba, v.13, n.3, p.153-156, Oct. 1979.

GERALDI, I.O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Selección Recurrente em Arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.3-11. (Publicación CIAT 267).

GERALDI, I.O.; SOUZA JR., C.L. Amostragem genética para programas de seleção recorrente. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Avances em el mejoramiento poblacional em arroz**. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2000. 311p.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 11.ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 466p.

GONÇALVES, F.M.A. **Seleção natural em populações segregantes do feijoeiro**. Lavras: UFLA, 2000. 98p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

GUIMARÃES, E.P. Hibridação em Arroz. In: BORÉM, A. (ed.). **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. p.101-119.

GUIMARÃES, E.P.; CORREA-VICTORIA, F.; TULANDE, E. GC-91, abroad-based rice synthetic population for blast (*Pyricularia grisea* Sacc.) resistance. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.18, n.4, p.553-561, dez. 1995.

HALLAUER, A.R. Recurrent selection in maize. **Advanced in Agronomy**. p.115-179, 1992.

HAMBLIN, J. Effect of environment, seed size and competitive ability on yield and survival of *Phaseolus vulgaris* L. genotypes in mixtures. **Euphytica**, Wageningen, v.24, n. 3, p.435-445, June 1975.

HAMBLIN, J. Plant breeding interpretations of the effects of bulk breeding on four populations of beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningen, v.26, n.1, p. 157-168, Feb. 1977.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, New York, v.28, p.476-490, 1943.

HULL, F.H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.37, n.2, p.134-145, Feb. 1945.

HUMPHREY, A.B.; MATZINGER, D.F.; COCKERHAM, C.C. Effects of random intercrossing in a naturally self-fertilizing species, *Nicotiana tabacum* L. **Crop Science**, Madison, v.9, n.4, p.495-497, Jul./Aug. 1969.

INSTITUTO RIO GRANDENSE DO ARROZ (IRGA). **Área plantada por cultivar no RS: período entre 1987/88 a 1998/99**. Porto Alegre: DATER/NATES, Divisão de Política Setorial, 1999.

INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE. **Standard evaluation system for rice**. Manilla: INGER/Genetic Resources Center, 1996. 52p.

ISHIY, T. O impacto das cultivares de arroz em Santa Catarina. **Lavoura Arrozeira**, Porto Alegre, v.38, n.359, p.10-12, jul./ago. 1985.

JENNINGS, P.R.; COFFMAN, W.R.; KAUFFMAN, H.E. **Mejoramiento del arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1981. 233p.

JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Edinburgh, v.36, n.2, p.243-266, 1976.

KENWORTH, W.I.; BRIM, A.C. Recurrent selection in soybeans. I. Seed Yield. **Crop Science**, Madison, v.19, n.4, p.101-106, Jul./Aug. 1979.

KHUSH, G.S. Aumento do potencial genético de rendimento do arroz: perspectivas e métodos. In: PINEIRO, B.S.; GUIMARÃES, E.P. (ed.). CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE ARROZ PARA A AMÉRICA LATINA E O CARIBE, 9., 1994, Goiânia. **Arroz na América Latina: perspectivas para o incremento da produção e potencial produtivo**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF-APA, 1995. v.1. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 60).

KHUSH, G.S. Rice. In: KING, R.C. (ed.). **Handbook of genetics (plants, plant viruses and protists)**. New York, USA: Plenum Press, 1975. p.31-58.

KUSH, G.S. Aumento do potencial genético de rendimento de arroz: perspectivas e métodos. In: PINHEIRO, B.S.; GUIMARÃES, E.P. (ed.). CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE ARROZ PARA AMÉRICA LATINA E O CARIBE, 9., **REUNIÃO...** 1994, Goiânia. **Arroz na América Latina: perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF-APA, v.1, 1995. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 60).

LEGG, P.D.; MATZINGER, D.F.; MANN, T.J. Genetic variation and covariation in a *Nicotiana tabacum* L. synthetic two generations after synthesis. **Crop Science**, Madison, v.5, n.1, p.30-33, Sept./Oct. 1965.

LIMA NETO, F.P. **Efeito de uma geração adicional de recombinação sobre a resposta à seleção recorrente em milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba: ESALQ, 1998. 150p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

LINSCOMBE, S. Base genética del arroz en Estados Unidos. **Arroz en las Américas**. Cali, v.13, n.2, p.4-6, abr. 1992.

LOPES, A.M. **Análise genética dos componentes de produção num dialelo entre seis cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) em dois regimes hídricos**. Viçosa: UFV, 1984. 135p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

MACHADO, C. de F. **Procedimentos para a escolha de genitores de feijão**. Lavras: UFLA, 1999. 118p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

MARASSI, J.E.; MARASSI, M.A.; CHATEL, M.; BORRERO, J. Desarrollo de poblaciones de arroz en Argentina. In: **EMBRAPA-CNPAF - Selección Recurrente en Arroz**. Goiânia, 1999. Cap.10. (datilografado).

MARTINEZ, C.P.; LENTINI, Z.; CHATEL, M.; GONZÁLEZ, D.; MOJICA, D. Uso de selección recurrente em combinación com cultivo de anteras en el programa de arroz de riego del CIAT. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Selección Recurrente En Arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.139-149. (Publicación CIAT, 267).

MEHTRE, S.S.; MAHAJAN, C.R.; PATIL, P.A.; DHUMAL, P.M. Variability, heritability, correlation, path analysis and genetic divergence studies in M<sub>2</sub> generation of gamma-irradiated upland rice. **International Rice Research Notes**, v.21, n.2-3, p.56-68, 1996. **CD –ROM**. (CAB Abstracts).

MILLER, P.A.; FEHR, W.R. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. **Crop Science**, Madison, v.19, p.101-106, 1979.

MILLER, P.A.; RAWLINGS, J.O. Breakup of linkage blocks in cotton, *Gossypium hirsutum*L. **Crop Science**, Madison, v.7, n.3 p.199-204, May/June 1967.

MORAIS, O.P. **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. 251p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

MORAIS, O.P. Tamaño efectivo de la población. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Selección Recurrente em Arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.25-44. (Publicación CIAT, 267).

MORAIS, O.P.; CASTRO, E.M.; SANT'ANA, E.P. Selección recurrente em arroz de secano em Brasil. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Selección recurrente em arroz**. Cali: CIAT, 1997. p.99-115.

MORAIS, O.P.; RANGEL, P.H.N. Melhoramento de arroz no Brasil. In: ABREU, A.F.B.; GONÇALVES, F.M.A.; MARQUES JR., O.G.; RIBEIRO, P.H.E. (ed.). SIMPÓSIO SOBRE

ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA/GEN, 1997. p.148-166.

MORAIS, O.P.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; NEVES, P.C.F. Estimação de parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.4, p.421-433, abr. 1997.

MORAIS, O.P.; ZIMMERMANN, F.J.P.; RANGEL, P.H.N. Avaliação de ganhos observados em seleção recorrente. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Avances em el mejoramiento poblacional en arroz**. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2000. 311p.

NORDQUIST, P.T.; WEBSTER, O.J.; GARDNER, C.O.; ROSS, W.M. Registration of three sorghum germplasm random mating populations. **Crop Science**, Madison, v.13, n. 1, p.132, Jan./Feb. 1973.

PEDERSON, D.G. Arguments against intermating before selection in self-fertilizing species. **Theoretical and Applied Genetics**, v.45, n.4, p.157-162, 1974.

PEDROSO, B.A. **Arroz irrigado: obtenção e manejo de cultivares**. Porto Alegre: Sagra, 1985. 175p.

PENG, S.; LAZA, R.C.; VISPERAS, R.M.; SANICO, A.L.; CASSMAN, K.G.; KUSH, G.S. Grain yield of rice cultivars and lines developed in the Philippines since 1966. **Crop Science**, Madison, v.40, n.2, p.307-314, Mar./Apr. 2000.

PEREIRA, M.B. **Progresso imediato e fixação de genes em um método de seleção**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980. 125p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

PHILLIPS, R.L. Unconventional sources of genetic diversity: de novo variation and elevated epistasis. In: BIOWORK II – PLANT BREEDING IN THE TURN OF THE MILLENNIUM. Viçosa: UFV, 1999. p.103-131.

PINTO, R. de M.C.; LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Estimativa do número apropriado de progênies  $S_1$  para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, jan. 2000.



RAMALHO, M.A.P. Melhoramento do feijoeiro. In: ABREU, A. de F.B.; GONÇALVES, F.M.A.; MARQUES JR., O.G.; RIBEIRO, P.H.E. (ed.). SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA/GEN, 1997. p.167-196.

RAMALHO, M.A.P. Seleção recorrente. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 5., 1996, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA-CNPAP/APA, 1996. v.2. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 69).

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; SANTOS, J.B. dos. Melhoramento de plantas autógamas. In: NASS, L.L.; MELO, I.S. de (ed.). **Melhoramento de plantas e microorganismos**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2000. (No prelo).

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326p.

RAMALHO, M.A.P.; GONÇALVES, F.M.A.; SOUZA SOBRINHO, F. de S. Seleção recorrente no melhoramento do cafeeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3: Genética e melhoramento do cafeeiro, 1999, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA/GEN, 1999. p.66-81.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RANALLI, P. Phenotypic recurrent selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on performance of S<sub>2</sub> progenies. **Euphytica**, Wageningen, v.87, n.1-2, p.127-132, Jan. 1996.

RANGEL, P.H.N. **Correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente e coeficientes de trilha, em variedades de arroz (*Oryza sativa* L.)**. Viçosa: UFV, 1979. 44p. (Tese – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

RANGEL, P.H.N. **Eficiência da seleção simultânea de arroz (*Oryza sativa* L.) em várzea, com e sem irrigação controlada**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 128p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

RANGEL, P.H.N. Mapeamento genético e introgressão de genes da espécie selvagem (*Oryza glumaepatula*) na espécie cultivada (*Oryza sativa* L.), Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, 1996. 16p. (Projeto de Pesquisa datilografado).

RANGEL, P.H.N.; FERREIRA, M.E.; FAGUNDES, P.R.R.; TERRES, A.L.; MAGALHÃES JR., A.M. de; FRANCO, D.F. Ampliação da base genética das populações utilizadas no melhoramento do arroz de várzea no Brasil. In: 1º CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 1., REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 23., 1999, Pelotas.. **Anais...** Pelotas: EMBRAPAClima Temperado, 1999. 15p.

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, n.5, p.349-357, maio 1996.

RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; RABELO, R.R. Melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. In: QUEIROZ, M.A. de; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R. (ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina: EMBRAPA-Semi-árido, 2000. (No prelo).

RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. de; CASTRO, E. da M. **Seleção recorrente em arroz**. In: CURSO INTERNACIONAL DE MELHORAMENTO DE ARROZ, 1., 1998, Goiânia. Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 1998. p.117-134. (Apostila).

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).

RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F. Selección recurrent aplicada al arroz de riego em Brasil. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). **Selección recurrent em arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.79-97. (Publicación CIAT nº 267).

RANGEL, P.H.N.; PEREIRA, J.A.; MORAIS, O.P. de; GUIMARÃES, E.P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1595-1604, ago. 2000.

RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P. Ganhos de produtividade de grãos no melhoramento populacional de arroz de várzea. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA

DE ARROZ, 6., Goiânia, 1998. **Perspectivas para a cultura do arroz nos ecossistemas de várzeas e terras altas. Resumos expandidos...** Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998. p.174-175.

RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; FAGUNDES, P.R.R. **Melhoramento populacional em arroz de várzea.** In: SELECCIÓN RECURRENTE EN ARROZ. Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão/CIAT, 1999. Cap.8. (datilografado).

RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. El CNPAP investiga: decrece em Brasil el rendimiento del arroz de riego? **Arroz em las Américas**, Cali, v.13, n.1, p. 2-4, abr. 1992.

RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. Estimativas de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4 PR e CNA-IRAT 4 ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.6, p.905-912, jun. 1998.

RAPOSO, F.V. **Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro.** Lavras: UFLA, 1999. 72p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

RASMUSSEN, D.C.; PHILLIPS, R.L. Plant breeding programs and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. **Crop Science**, Madison, v.37, n.2, p.303-310, Mar./Apr. 1997.

RODRIGUEZ, R.E.S. **Estimação de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA 1.** Goiânia: UFV, 1995. 69p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

RODRIGUEZ, R.E.S.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Estimativas 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, maio 1998.

ROSAL, C.J. de S. **Seleção precoce para a produtividade no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.).** Lavras: UFLA, 1999. 50p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SAKIYAMA, N.S.; PEREIRA, A.A.; ZAMBOLIN, L. Melhoramento do café arábica. In: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 1999. p. 189-204.

SANTOS, P.G. **Escolha de populações segregantes para o programa de seleção de arroz em terras altas**. Lavras: UFLA, 2000. 106p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SANTOS, P.G. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de arroz irrigado por inundação**. Lavras: UFLA, 1996. 72p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SANTOS, P.G.; SOARES, P.C.; SOARES, A.A.; MORAIS, O.P.; CORNÉLIO, V.M.O. 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, out. 1999.

SILVA, A.T. **Estudo da divergência genética em acessos de arroz através de marcadores morfológicos e moleculares (RAPD)**. Lavras: UFLA, 1999. 185p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).

SILVA, H.D.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; MARTINS, L.A. Efeito da seleção visual para produtividade de grãos em populações segregantes do feijoeiro. II. Seleção entre famílias. **Ciência e Prática**, Lavras, v.18, n.2, p.181-185, abr./jun. 1994.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v.7, p. 240-250, 1936.

SINGH, R.J.; IKEHASHI, H. Monogenic male-sterility in rice: induction, identification and inheritance. **Crop Science**, Madison, v.21, n.2, p.286-289, Mar./Apr. 1981.

SINGH, S.P.; TERÁN, H.; MUÑOZ, C.G.; TAKEGAMI, J.C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, Madison, v.39, n.2, p.391-397, Mar./Apr. 1999.

SOARES, A.A. **Cultura do arroz**. Lavras: UFLA, 2000. 188p. (Notas de aula - datilografado).

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 – Doutorado em Fitotecnia).

SOARES, P.C. **Correlações, coeficientes de trilha e resposta indireta à seleção em genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.) cultivados em condições de irrigação por inundação contínua e em várzea úmida.** Viçosa: UFV, 1987. 72p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SOARES, P.C. **Interação genótipo x ambiente e resposta indireta à seleção de linhagens de arroz (*Oryza sativa* L.) cultivadas sob irrigação por inundação contínua e em várzea úmida.** Viçosa: UFV, 1993. 111p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).

SOLANO, E.C. Selección recurrente en arroz de riego en Colômbia. In: **Selección Recurrente en Arroz.** Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão/CIAT, 1999. Cap.7. (datilografado).

SOLIMAN, K.M.; ALLARD, R.W. Grain yield of composite cross populations of barley: effects of natural selection. **Crop Science**, Madison, v.31, n.3, p.705-708, May/June 1991.

SOUZA JÚNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal.** Piracicaba: FEALQ, 1989. 134p.

TAILLEBOIS, J.; CASTRO, E.M. A new crossing technique. **International Rice Research Newsletter**, Manilla, v.11, p.6. 1986.

UPHOFF, M.D.; FEHR, W.R.; CIANZIO, S.R. Genetic gain for soybean seed yield by three recurrent selection methods. **Crop Science**, Madison, v.37, n.4, p.1155-1158, Jul./Aug. 1997.

VARGAS, M.A. **Eficiência da seleção visual e determinação do tamanho de parcela e do número de repetições, para avaliação da produtividade de grãos em famílias S<sub>1</sub> e S<sub>3</sub> de milho (*Zea mays*).** Lavras: ESAL, 1996. 92p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

VEIGA, R.D.; NUNES, G.H.S.; SANTOS, J.B. dos. **Associação de parâmetros do dialelo com a variabilidade de populações segregantes avaliada por simulação.** In: ENCONTRO MINEIRO DE GENETICISTAS, 5., 1998, Viçosa. **Anais...** Viçosa: Sociedade Brasileira de Genética – Regional Minas Gerais, 1998. p.65.

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

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., 1986, Belo Horizonte. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, 1986. p.300-307.

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**. Seoul: International Rice Research Conference, 1990. 17p.

VIEIRA, N. **Tamanho e forma de parcela experimental para avaliação de genótipos de arroz de sequeiro**. Goiânia: UFG, 1996. 80p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

WANG, X.W.; LAI, J.R.; FAN, L.; ZHANG, R.B. Effects of recurrent selection on populations of various generations in wheat by using the Tai Gu single dominant male-sterile gene. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v.126, part 4, p.397-402, June 1996.

WERNER, B.K.; WILCOX, J.R. Recurrent selection for yield in *Glycine max* using genetic male-sterility. **Euphytica**, Wageningen, v.50, n.1, p.19-26, Oct. 1990.

YUNUS, M.; PARODA, R.S. Impact of biparental mating on correlation coefficients in bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.62, n.4, p.337-343, 1982.



**Embrapa**

---

*Roraima*

MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA, PECUÁRIA E  
ABASTECIMENTO

