

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E RESPOSTA À SELEÇÃO NAS POPULAÇÕES DE ARROZ IRRIGADO CNA-IRAT 4PR E CNA-IRAT 4ME¹

PAULO HIDEO NAKANO RANGEL², FRANCISCO JOSE PFEILSTICKER ZIMMERMANN³
e PÉRICLES CARVALHO FERREIRA NEVES⁴

RESUMO - Foram avaliados, independentemente, em Goianira (GO) e em Formoso do Araguaia (TO) dois grupos de materiais de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado, 164 precoces e 164 de ciclo médio, cada um em dois latices triplos, um 10x10 e outro 8x8. Desses, 162 eram famílias S_{0,2} (oriundas de plantas S₀ que sofreram duas autofecundações) extraídas das populações CNA-IRAT 4PR/1/1 e CNA-IRAT 4ME/1/1. O objetivo foi avaliar o potencial dessas populações para fins de melhoramento, por meio das estimativas de seus parâmetros genéticos e das respostas à seleção. As estimativas dos coeficientes de variação genética e das herdabilidades relativas à produção evidenciam a presença de suficiente variabilidade genética e a possibilidade de se obter ganhos genéticos expressivos. A seleção baseada no índice clássico mostrou-se superior à seleção direta na produção, comprovado pelo aumento da resistência à brusone na panícula e à mancha-parda na folha, nas duas populações melhoradas, em comparação às populações originais, apesar de os ganhos de seleção obtidos em rendimento serem similares. Os dados mostram que um ciclo de seleção foi eficiente para melhorar o rendimento de grãos nas populações avaliadas e que elas possuem potencial genético que permite serem utilizadas em um programa de seleção recorrente.

Termos para indexação: *Oryza sativa*, seleção recorrente, parâmetros genéticos, índice de seleção.

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND RESPONSE TO SELECTION IN THE IRRIGATED RICE POPULATIONS CNA-IRAT 4PR AND CNA-IRAT 4ME

ABSTRACT - Two groups of irrigated rice (*Oryza sativa* L.) material with 164 early maturing and 164 medium maturing each were tested, independently, in Goianira (GO) and Formoso do Araguaia (TO), Brazil, using two triple square lattices 10 x 10 and 8 x 8. In each group, 162 lines were S_{0,2} (families originated from S₀ plants self-fertilized twice), drawn from the populations CNA-IRAT 4PR/1/1 and CNA-IRAT 4ME/1/1. The objective was to evaluate the potential of these populations for rice improvement through estimates of genetic parameters and their response to selection. The estimates of genetic coefficient of variation and heritability for yield indicate adequate genetic variability for future genetic gain. Selection based on the classical index was superior to direct selection, increased resistance to panicle blast and to brown spot in selected early maturing and medium maturing populations when compared to the original populations. The data showed that one cycle of selection was efficient in improving the grain yield on the evaluated populations and that they have genetic potential to be used in a recurrent selection program.

Index terms: *Oryza sativa*, recurrent selection, genetic parameters, selection index.

INTRODUÇÃO

Após a criação na década de 60, pelo International Rice Research Institute (IRRI), das variedades

modernas de arroz (*Oryza sativa* L.) de porte baixo (Jennings et al., 1979), os ganhos genéticos relativos à produtividade, em cada ciclo de seleção, tornaram-se mais difíceis de serem obtidos. No Brasil, na década de 80, os ganhos genéticos de rendimento no arroz irrigado foram de pequena magnitude, apesar dos inúmeros cruzamentos submetidos à seleção (Rangel et al., 1992b; Soares, 1992). A produtividade do arroz irrigado nas duas últimas décadas aparentemente mantém-se a mesma, e esforços para aumentar o potencial produtivo das variedades não

¹ Aceito para publicação em 27 de outubro de 1997.

² Eng. Agr., Dr., Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP), Caixa Postal 179, CEP 74001-970 Goiânia, GO. E-mail: phrangel@cnpap.embrapa.br

³ Eng. Agr., Ph.D., Embrapa-CNPAP.

⁴ Eng. Agr., M.Sc., Embrapa-CNPAP.

têm resultado em ganhos expressivos. Aumento da produtividade tem sido alcançado, principalmente, pela incorporação de resistência às doenças e melhoria do manejo da cultura.

O estreitamento excessivo da base genética das populações utilizadas no melhoramento constitui-se num dos principais fatores que podem estar limitando a obtenção de variedades de arroz irrigado com potencial produtivo superior ao das cultivares atualmente utilizadas. No Brasil, apenas sete ancestrais são responsáveis por 70% dos genes das variedades mais plantadas nos principais estados produtores de arroz irrigado (Rangel et al., 1996). A principal consequência da limitação da diversidade genética é a redução das possibilidades de ganhos adicionais na seleção, uma vez que o melhorista passa a manejar um conjunto gênico de tamanho limitado (Hanson, 1959).

Os programas tradicionais de melhoramento genético de arroz utilizam, de maneira geral, métodos que maximizam a endogamia no desenvolvimento de novas linhagens. Normalmente, após a síntese de uma nova população, com os recursos da hibridação entre progenitores, as gerações segregantes são conduzidas por autofecundação. A endogamia progressiva, no decorrer das sucessivas gerações, reduz de maneira crescente as chances de recombinação, pois, com a identidade entre alelos de um mesmo loco, os processos de *crossing-over* tornam-se inefetivos na produção de novos recombinantes. Assim, os métodos convencionais de melhoramento de arroz apresentam menor potencial de geração de variabilidade do que teriam se os inter cruzamentos entre unidades de recombinação fossem mais freqüentes. Reduzindo a geração de variabilidade, reduzem-se, como consequência, a obtenção de ganhos genéticos por seleção.

Uma das alternativas para aumentar os ganhos por seleção em arroz consiste em sintetizar populações de base genética mais ampla e conduzi-las por meio da seleção recorrente. Seleção recorrente é a técnica de melhoramento que aumenta a freqüência dos genes favoráveis em uma população pela aplicação cíclica de inter cruzamentos e seleção (Ikehashi & Fujimaki, 1980). Essa técnica é amplamente utilizada em plantas alógamas. O uso limitado em plan-

tas autógamias, em parte é devido à dificuldade em se fazer cruzamentos para recombinação em cada ciclo de seleção. Em arroz, com a descoberta da macho-esterilidade genética, que possibilitou o inter cruzamento no campo, o uso da seleção recorrente tornou-se viável nos programas de melhoramento (Fujimaki, 1979). No Brasil, a seleção recorrente está sendo utilizada no melhoramento de populações de arroz irrigado, para extração de linhagens com alto potencial produtivo e outras características agrônômicas favoráveis (Rangel et al., 1992a; Rangel, 1992).

O objetivo do trabalho foi avaliar o potencial das populações CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4ME para fins de melhoramento, pelas estimativas de seus parâmetros genéticos, e das respostas diretas e indiretas à seleção, bem como das respostas pelos índices clássicos de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943).

MATERIAL E MÉTODOS

Os ensaios foram conduzidos em Goianira (GO) e Formoso do Araguaia (TO) no ano agrícola de 1992/93. Foram avaliados, independentemente, dois grupos de 162 famílias $S_{0,2}$, um precoce e o outro de ciclo médio. Cada grupo foi subdividido em dois subgrupos que, com os tratamentos adicionais indicados na Tabela 1, foram avaliados em dois látices triplos 10x10 e 8x8. As famílias $S_{0,2}$ avaliadas foram

TABELA 1. Distribuição dos tratamentos nos ensaios conduzidos em Goiás (GO) e Tocantins (TO).

Grupos/tratamentos	Látice 10x10		Látice 8x8	
	GO	TO	GO	TO
Grupo médio				
. Famílias $S_{0,2}$ comuns	97	97	63	63
. Cica 8	1	1	1	1
. Populações originais	2	-	-	-
. Famílias $S_{0,2}$ adicionais	-	2	-	-
Total	100	100	64	64
Grupo precoce				
. Famílias $S_{0,2}$ comuns	97	97	63	63
. BR IRGA 409	1	1	1	1
. Populações originais	2	-	-	-
. Famílias $S_{0,2}$ adicionais	-	2	-	-
Total	100	100	64	64

extraídas das populações CNA-IRAT 4PR/1/1 e CNA-IRAT 4ME/1/1, originárias da população CNA-IRAT 4/0/3. Esta população foi sintetizada pela Embrapa-CNPAP junto com o Institut de Recherches Agronomiques Tropicales (IRAT), pelo intercruzamento de dez variedades/linhagens do grupo Indica. Para tanto, nove materiais foram utilizados como parentais masculinos em cruzamento com a IR 36 (msms), que foi a fonte de macho-esterilidade genética. Indivíduos F_1 foram retrocruzados, como parentais masculinos, com os materiais, de modo a ter os nove citoplasmas representados na população. As sementes F_2 das plantas heterozigotas foram misturadas e intercruzadas no campo por três vezes, originando a população CNA-IRAT 4/0/3 (Tabela 2). Desta população foram extraídas as plantas precoces e as de ciclo médio, que originaram, respectivamente, as populações CNA-IRAT 4PR e CNA 4ME (Taillebois & Neves, 1989). Na obtenção das famílias $S_{0,2}$, as populações foram conduzidas de acordo com o método preconizado por Rangel (1992).

A parcela era constituída de um sulco de 2,0 m de comprimento, espaçados de 0,30 m, e a densidade de sementeira utilizada foi de 100 sementes por metro linear. Foram coletados dados de produção de grãos (PROD) na parcela total, número de dias da sementeira à floração média (FLO), brusone (*Pyricularia grisea* Sacc.) na panícula (BP) e mancha-parda (*Helminthosporium oryzae*) na folha (MP), em uma escala de notas de 1 a 9, seguindo-se as recomendações do Manual de Métodos de Pesquisa em Arroz (Embrapa, 1977).

Efetuarão-se as análises de variância individual e conjunta envolvendo os dois locais por grupo de tratamento, uni e multivariada, bem como a estimação dos componentes de variância, com o uso do pacote estatístico SAS (SAS Institute Inc., 1985), pelo procedimento GLM (Modelos Lineares

Generalizados), considerando os efeitos de famílias e locais como sendo aleatórios. Para que os experimentos fossem reunidos, testou-se a homogeneidade das variâncias dos erros experimentais, que mostraram-se homocedásticos, tendo em vista que o quociente entre o maior e o menor quadrado médio residual foi de 1,6 e 1,7 vezes, respectivamente, nos grupos precoce e médio. Segundo Pimentel-Gomes (1987), quando se dispõe de grupo de experimentos similares, em que os tratamentos tenham o mesmo número de repetições, a análise conjunta poderá ser feita se o quociente entre o maior e o menor quadrado médio residual for menor ou igual a sete. Os vários componentes de variância, o coeficiente de variação genética (CV_g) e a herdabilidade (h^2_x) média de progênes, foram estimados mediante análise conjunta. Os erros associados às estimativas das variâncias e das herdabilidades foram calculados de acordo com as fórmulas propostas por Vello & Vencovsky (1974).

Estimaram-se também as correlações genéticas entre as características avaliadas e os ganhos esperados por seleção direta e indireta na produção e baseadas no índice clássico de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), utilizando uma intensidade de seleção de 30%. As estimativas dos ganhos por seleção direta e indireta e pelo índice de seleção foram obtidas com base no Programa de Análises Estatístico-Genética, denominado Genes. Os testes de significância das estimativas dos coeficientes de correlação genética foram realizados segundo modelo apresentado por Vencovsky & Barriga (1992).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) pelo teste F, em relação a todas as caracte-

TABELA 2. Progenitores e contribuição relativa das variedades/linhagens componentes da população CNA-IRAT 4/0/3.

Variedades/linhagens	Progenitores	Contribuição relativa (%)
BG 90-2	IR 262/REMADJA	8,33
CNA 7	T 141/IR 665-1-1-75-3	8,33
CNA 3815	CICA 4/BG 90-2//SML 1517	8,33
CNA 3848	IR 36/CICA 7//5461	8,33
CNA 3887	BG 90-2/TETEP//4440	8,33
COLOMBIA 1	NAPAL/TAKAO IKU 18	8,33
ELONI	IR 454/SML KAPURI//SML 66410	8,33
NANICÃO	GERMOPLASMA BRASILEIRO	8,33
UPR 103-80-1-2	IR 24/CAUVERY	8,33
IR 36 (msms)	MUTANTE DE IR 36	25,00

TABELA 3. Matriz das estimativas dos quadrados médios (diagonal principal) e dos produtos médios relativos às características produção de grãos (PROD), floração média (FLO), brusone na panícula (BP) e mancha-parda (MP) das famílias precoces e de ciclo médio.

Fonte de variação	GL	Características	Precoces				Ciclo médio			
			PROD ¹	FLO	BP	MP	PROD ¹	FLO	BP	MP
Tratamentos	163 (162) ²	PROD	2544,52**	456,52	298,35	61,24	2787,20**	325,75	-47,23	-229,90
		FLO		72,80**	-10,83	-3,66		94,44**	-9,27	-5,64
		BP			3,36**	1,19			1,95**	0,89
		MP				1,66**				1,85**
Tratamentos x locais	160 (159) ²	PROD	1223,93**	1069,17	-218,43	-169,17	1259,33**	-327,20	35,54	96,54
		FLO		37,18**	-3,98	-1,34		38,42**	-3,46	-0,90
		BP			1,59**	0,34			1,24**	0,14
		MP				1,33**				0,97**
Erro	551 (550) ²	PROD	819,05	-182,02	-59,63	-28,57	649,75	-542,47	-10,97	-23,20
		FLO		11,49	-0,64	-0,10		14,36	-0,36	-0,10
		BP			1,03	0,16			0,50	0,07
		MP				1,01				0,84
Média			4649,08	97,77	4,52	3,83	4513,68	104,54	3,77	4,08
C.V. (%)			20,06	3,48	22,34	25,74	17,56	3,62	18,45	22,55

¹ Estimativas dos quadrados médios da PROD divididos por 10³.

² Graus de liberdade entre parênteses são dos ensaios de ciclo médio, em que se perdeu um tratamento.

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

rísticas avaliadas, entre as médias das famílias dentro de cada grupo de maturação (Tabela 3). Isto constitui uma forte evidência de que a população em estudo também deve apresentar-se variável em relação a tais características. Interações altamente significativas entre famílias e locais foram obtidas nos dois grupos de famílias (Tabela 3), indicando que estas tiveram comportamento diferenciado nos dois ambientes de teste.

As produções médias das famílias precoces e de ciclo médio foram de 4.649 e 4.513 kg/ha, respectivamente (Tabela 3). Entretanto, no grupo precoce, seis famílias produziram significativamente acima de 6.000 kg/ha e no grupo de ciclo médio, duas famílias apresentaram um rendimento, também significativo, superior a 7.000 kg/ha, evidenciando a possibilidade de se conseguir alterar, positivamente, a média das populações pela seleção. Deve-se considerar ainda que o rendimento de grãos dessas famílias estão subestimados em virtude da segregação do gene de macho-esterilidade.

A variância genética da PROD nas famílias de ciclo médio e precoces foram de magnitudes seme-

lhantes (Tabela 4). Os erros, de magnitudes muito menores que os valores das estimativas, indicam que elas são diferentes de zero e que existe de fato variabilidade genética favorecendo a seleção. Com exceção de MP nas famílias precoces, as demais características apresentaram também pequenos erros associados às estimativas das variâncias genéticas (Tabela 4). A variância da interação famílias x locais da PROD, nas famílias precoces, apesar de altamente significativa, foi de magnitude inferior à respectiva variância genética (Tabela 4). Tal fato evidencia que a exploração do efeito genético "per se" pode ser efetivo para materiais de ampla adaptação, em detrimento da interação famílias x locais.

O coeficiente de variação genética (CV_g%), razão entre o desvio padrão genético e a média da população, expressa em percentagem, constitui um indicador valioso da grandeza relativa das mudanças possíveis que podem ser conseguidas em cada característica, por meio da seleção (Morais, 1992). Quanto à produção de grãos, os CV_g's foram 10,40% e 10,99%, nas famílias precoces e nas de ciclo médio, respectivamente (Tabela 4). Moraes (1992) avaliou famílias S_{0,2} oriundas da população CNA-IRAT 4/0/3, sem

TABELA 4. Estimativas das variâncias genéticas entre famílias (s^2_g), da interação famílias x locais (s^2_{gl}) e do erro (s^2_e), coeficientes de variação genética (CV_g %), herdabilidade média (h^2_x) e médias originais ($\hat{\mu}$) para as características de produção de grãos (PROD), floração média (FLO), brusone na panícula (BP) e mancha-parda (MP) das famílias precoces e de ciclo médio.

Estimadores	Precoces				Ciclo médio			
	PROD ¹	FLO	BP	MP	PROD ¹	FLO	BP	MP
σ^2_g	210,10 ($\pm 51,77$) ²	5,94 ($\pm 1,50$)	0,30 ($\pm 0,07$)	0,06 ($\pm 0,04$)	254,64 ($\pm 56,16$)	9,34 ($\pm 1,87$)	0,12 ($\pm 0,04$)	0,15 ($\pm 0,04$)
σ^2_{gl}	134,96 ($\pm 24,11$)	8,56 ($\pm 0,70$)	0,19 ($\pm 0,03$)	0,11 ($\pm 0,03$)	203,19 ($\pm 24,28$)	8,02 ($\pm 0,73$)	0,25 ($\pm 0,02$)	0,04 ($\pm 0,02$)
σ^2_e	819,05	11,49	1,03	1,01	649,75	14,36	0,50	0,84
CV_g (%)	10,40	2,50	12,01	6,28	10,99	2,92	9,07	9,54
h^2_x (%)	51,90 ($\pm 7,51$)	48,93 ($\pm 7,98$)	52,68 ($\pm 7,39$)	19,88 ($\pm 12,51$)	54,82 ($\pm 7,07$)	59,31 ($\pm 6,36$)	36,30 ($\pm 9,96$)	47,57 ($\pm 8,20$)
$\hat{\mu}$	4649,08	97,77	4,52	3,83	4513,68	104,54	3,77	4,08

¹ Estimativas das variâncias da PROD divididas por 10².

² Entre parênteses os erros associados às estimativas.

nenhum ciclo de seleção, e estimou para a produção de grãos um CV_g de 13,70%. Rodriguez (1995), também avaliando famílias $S_{0,2}$ extraídas da população CNA 1/0/1, obteve um CV_g de 20,50% na mesma característica. Os resultados indicam, de certa forma, a presença de suficiente variabilidade genética nessas populações, o que possibilita a obtenção de ganhos por seleção, mesmo em características complexas como a produção de grãos.

As menores estimativas de CV_g , tanto nas famílias precoces como nas de ciclo médio, foram obtidas na característica FLO (Tabela 4). Tal comportamento deve-se ao fato de ter-se procurado uniformizar, no primeiro ciclo de seleção, a floração média dentro de cada população, restringindo-se a variabilidade. Nas famílias precoces, o CV_g da MP foi de 6,28%, inferior ao apresentado pelas famílias de ciclo médio, de 9,24%. Essa discrepância deve-se à menor variância genética observada entre as famílias precoces, visto que as médias foram semelhantes (Tabela 4). Os CV_g 's de 12,01% nas famílias precoces e de 9,07% nas famílias de ciclo médio relativos à BP, evidenciam a presença de suficiente variabilidade genética na população e a possibilidade de se obter ganhos de seleção nessa característica.

A principal função da herdabilidade, segundo Falconer (1978), é seu papel preditivo, que expressa

a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genético. Quanto maior a herdabilidade, maior o ganho genético por seleção. Assim, quanto à PROD, que apresentou alta estimativa de herdabilidade, tanto nas famílias precoces ($h^2_x = 51,90\%$) como nas de ciclo médio ($h^2_x = 54,82\%$), com pequenos erros associados, espera-se obter maiores progressos por seleção nas duas populações. A baixa herdabilidade ($h^2_x = 19,88\%$) observada em MP nas famílias precoces, foi causada pela pequena variância genética apresentada pelo caráter (Tabela 4).

O conhecimento da magnitude e da direção das correlações genéticas entre caracteres é de fundamental importância para o melhorista na escolha dos métodos de melhoramento e na formulação de estratégias de seleção simultânea em vários caracteres (Vencovsky, 1987). Foram observadas correlações positivas e altamente significativas ($P < 0,01$) entre PROD e BP e PROD e MP nas famílias precoces (Tabela 5). A perda de produção por brusone, de acordo com Prabhu & Faria (1982), está relacionada com a época de infecção no pescoço da panícula, que é máxima no estágio leitoso. No presente estudo, a brusone ocorreu tardiamente, quando os grãos já estavam formados, não ocasionando perdas na pro-

dução nas famílias precoces. A elevada incidência da doença na época da maturação pode ser consequência do maior vigor vegetativo das plantas, que resulta na ampliação da fonte de inóculo. Quanto à mancha-parda, verificou-se comportamento semelhante, com maior incidência nas folhas ao aproximar-se a época da colheita, não interferindo no rendimento. As elevadas correlações negativas e significativas entre FLO e BP e FLO e MP tanto nas famílias precoces como nas de ciclo médio, poderão prejudicar o melhoramento no sentido de menor ciclo e maior resistência a essas doenças. Por sua vez, as altas correlações positivas entre BP e MP (Tabela 5) evidenciam que pode-se obter resistência simultânea às duas doenças nas populações.

Na seleção direta relativa à PROD, os ganhos genéticos obtidos por ciclo seriam de 9,79% e 11,95%,

respectivamente, nas famílias precoces e nas de ciclo médio (Tabela 6). Moraes (1992), avaliando a população CNA-IRAT 4/0/3, obteve ganhos de 7,24%, por ciclo de seleção, nessa característica. As estimativas de ganhos por ano (cada ciclo de seleção é completado em dois anos) obtidas no presente trabalho, de 4,9% e 6,0% nas populações precoces e nas de ciclo médio, respectivamente, são superiores ao ganho de 1,6% encontrado por Soares (1992). Selecionando-se exclusivamente quanto à PROD, os ganhos indiretos relativos à BP seriam de 1,17 e 2,55%, respectivamente. Nesse caso, estaria sendo promovido o aumento da suscetibilidade das populações a essa doença. Da mesma forma, o ganho genético também seria positivo quanto à MP nas famílias precoces (Tabela 6).

As estimativas de ganhos indiretos evidenciam os aspectos negativos da seleção baseada em uma única característica. Elas permitem maiores ganhos na característica sob seleção, mas podem intensificar defeitos geneticamente dependentes de genes que favorecem a característica principal. Nesse caso, conforme enfatiza Moraes (1992), é preferível praticar a seleção considerando as várias características de interesse.

Diante disso, preferiu-se neste trabalho proceder a seleção por meio do Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), utilizando nas características PROD, FLO, BP e MP, respectivamente, os seguintes pesos: 1, -125, -750 e -50 para a população precoce; e 1, -1, -1000 e 0 para a população de ciclo médio. Como sugere Moraes (1992), essa relação de pesos,

TABELA 5. Estimativas das correlações genética entre as características produção de grãos (PROD), floração média (FLO), brusone na panícula (BP) e mancha-parda (MP) nas famílias precoces (acima da diagonal) e de ciclo médio.

Características	PROD	FLO	BP	MP
PROD	-	-0,09	0,34**	0,32**
FLO	0,07	-	-0,85**	-0,65**
BP	-0,08	-0,92**	-	1,04**
MP	-0,28**	-0,67**	0,97**	-

** Significativo a 1% de probabilidade.

TABELA 6. Médias da população original (Mo) e selecionada (Ms), estimativas dos ganhos por seleção direta na produção e indireta nas outras características, e baseada no Índice Clássico de Seleção, expressas em percentagem das médias, referentes a quatro características avaliadas nas famílias precoces e de ciclo médio, empregando-se uma intensidade de seleção de 30%.

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

¹ PROD: produção; FLO: floração média; BP: brusone na panícula; MP: mancha-parda.

que é desprovida de qualquer conotação econômica, foi estabelecida experimentalmente. Inicialmente, estipularam-se os pesos 1 (PROD); 0 (FLO); e -1 (BP e MP) nas duas populações e examinaram-se os ganhos conseguidos, que não foram satisfatórios. Pretendia-se obter ganhos relativos à PROD iguais ou superiores aos que seriam conseguidos caso fosse utilizada a seleção direta e, na medida do possível, reduzir o nível de suscetibilidade a doenças, além de manter os ciclos das populações próximos das médias atuais. Após várias alterações consecutivas na relação de pesos e observações cuidadosas dos respectivos ganhos que proporcionariam, pôde-se chegar aos pesos finalmente utilizados.

A vantagem do índice de seleção sobre a seleção direta torna-se evidente pela análise da Tabela 6. É possível obter ganhos genéticos de produção de grãos similares aos da seleção direta, mas aumentando a resistência à brusone na panícula e à mancha-parda nas folhas, nas populações melhoradas precoce e nas de ciclo médio, em comparação às populações originais. A floração média na população melhorada precoce (97,57 dias) foi semelhante à da população original (97,77 dias), enquanto na de ciclo médio (107,00 dias) houve um aumento de três dias em relação à original (104,54 dias) (Tabela 6).

Os dados obtidos mostram que um ciclo de seleção foi eficiente em melhorar rendimento de grãos nas populações CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4ME. Mantendo-se os atuais níveis de ganhos genéticos, com oito ciclos de seleção recorrente poder-se-ia dobrar a produtividade e aumentar consideravelmente a resistência à BP e à MP nas duas populações. Segundo Veillet (1993), o emprego da seleção recorrente na população CNA-IRAT 5, como método de melhoramento, pode proporcionar maiores ganhos genéticos em produtividade.

Gallais (1990) sugere uma estratégia de seleção combinando seleção recorrente com o desenvolvimento de variedades em um processo integrado, em que linhas puras, variedades elites ou híbridos podem ser extraídos em cada passo do melhoramento da população. Procedimento semelhante poderia ser utilizado no Brasil, com arroz irrigado. Nos ensaios de avaliação de famílias $S_{0,2}$, conduzidos em

vários locais dentro de uma determinada região, as famílias selecionadas em cada local seriam utilizadas para extração de linhagens para a própria localidade. As famílias consideradas superiores nos vários locais dentro de uma determinada região seriam recombinadas para dar continuidade ao melhoramento da população pela seleção recorrente. Com esse procedimento e utilizando uma baixa intensidade de seleção (25 a 30%), poder-se-ia obter ganhos genéticos a curto prazo e manter a variabilidade genética nas populações por um longo período.

CONCLUSÕES

1. Um ciclo de seleção é eficiente em aumentar o potencial produtivo das populações CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4ME.

2. Utilizando-se o Índice Clássico de Seleção, é possível obter ganhos genéticos relativos à produção de grãos similares ao da seleção direta, com a vantagem de aumentar a resistência à brusone na panícula e à mancha-parda nas folhas em populações melhoradas precoce e de ciclo médio.

3. As populações CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4ME possuem potencial genético para serem utilizadas em um programa de seleção recorrente para aumento do potencial produtivo do arroz irrigado.

REFERÊNCIAS

- EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (Goiânia, GO). *Manual de métodos de pesquisa em arroz: Primeira aproximação*. Goiânia: Embrapa-CNPAP, 1977. 106p.
- FALCONER, D.S. *Introducción a la genética cuantitativa*. Chapingo: Escuela Nacional de Agricultura, 1978. 430p.
- FUJIMAKI, H. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. *JARQ*, Tsukuba, v.13, n.3, p.153-156, 1979.
- GALLAIS, A. Application of the test value and the study of genetic advance in recurrent selection: a synthesis. *Euphytica*, Dordrecht, v.48, p.197-209, 1990.

- HANSON, W.D. Theoretical distribution of the initial linkage block lengths intact in the gametes of a population intermated for generations. *Genetics*, Bethesda, v.44, p.839-846, 1959.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, New York, v.28, p.476-490, 1943.
- IKEHASHI, H.; FUJIMAKI, H. Modified bulk population method for rice breeding. In: INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE. *Inovative approaches to rice breeding*. Manila: IRRI, 1980. p.163-182.
- JENNINGS, P.R.; COFFMAN, W.R.; KAUFFMAN, H.E. *Rice improvement*. Manila: IRRI, 1979. 186p.
- MORAIS, O.P. *Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de inter cruzamento, usando macho-esterilidade*. Viçosa: UFV, 1992. 251p. Tese de Doutorado.
- PIMENTEL-GOMES, F. *Curso de Estatística Experimental*. 12.ed. São Paulo: Nobel, 1987. 465p.
- PRABHU, A.S.; FARIA, J.C. de. Relacionamentos quantitativos entre brusone nas folhas e panículas e seus efeitos sobre enchimento e peso dos grãos em arroz de sequeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.17, n.2, p.219-223, fev. 1982.
- RANGEL, P.H.N. La seleccion recurrente mejora el arroz brasileño. *Arroz en Las Américas*, v.13, n.1, p.4-5, 1992.
- 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, 349-347, maio 1996.
- RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F.; MORAIS, O.P. La selección recurrente recombina genes en el arroz de riego. *Arroz en Las Américas*, v.13, n.2, p.2-4, 1992a.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. El CNPAF investiga: decrece en Brasil el rendimiento del arroz de riego? *Arroz en Las Américas*, Cali, v.13, n.1, p.2-4, 1992b.
- RODRIGUEZ, R.E.S. *Estimación de parâmetros genéticos e de resposta à seleção na população de arroz irrigado CNA 1*. Goiânia: UFG, 1995. 60p. Dissertação de Mestrado.
- SAS INSTITUTE INC. *SAS User's Guide: Statistics Version 5*. Cary, NC, 1985. 956p.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. *Annual Eugenics*, v.7, p.240-250, 1936.
- SOARES, A.A. *Desempenho do melhoramento genético do arroz de sequeiro e irrigado na década de oitenta em Minas Gerais*. Lavras: ESAL, 1992. 188p. Tese de Doutorado.
- TAILLEBOIS, J.; NEVES, P.C.F. CNA-IRAT 4, a new CMS indica rice population. *International Rice Research Newsletter*, Los Banos, v.14, n.3, p.4, 1989.
- VEILLET, S. *Organization of the genetic variability and recurrent selection in rice (Oryza sativa L.)*. Paris: Institut National Agronomique, 1993. 132p. Ph.D. Thesis.
- VELLO, N.A.; VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba: ESALQ, v.8, p.238-248, 1974.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). *Melhoramento e produção do milho*. Campinas: Fund. Cargill, 1987. v.1, cap. 5, p.135-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no melhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.